

# Curs de Bioinformàtica per a la Recerca Biomèdica

## Presentació

La recerca biomèdica moderna necessita sovint fer servir informació de diverses menes; per exemple sobre estructures, seqüències, anotacions o funcions de diferents tipus d'entitats i components biològics. Molta d'aquesta informació es troba disponible en bases de dades públiques i el domini de les eines per accedir-hi i recuperar-ne la informació necessària és una habilitat cada cop més imprescindible entre els investigadors en biomedicina.

D'altra banda les tècniques de biologia molecular moderna permeten generar, en poc temps i amb poc cost, grans quantitats de dades relacionades amb les anomenades ciències "òmiques" que els investigadors necessiten poder manegar i analitzar. Si bé algunes d'aquestes anàlisis poden ser complexes i requerir de personal especialitzat (<http://ueb.vhir.org>) n'hi ha d'altres que, amb els coneixements i els recursos adequats, són relativament senzilles de dur a terme.

L'objectiu principal d'aquests curss és proporcionar una perspectiva general dels principals recursos bioinformàtics que poden resultar d'utilitat en el dia a dia de la recerca biomèdica o la pràctica clínica. El seu enfoc és aplicat i el que es persegueix és dotar als investigadors i professionals de la biomedicina de conceptes i eines per saber quan -i com- cal fer servir cadascun d'aquests recursos, o quan és millor buscar suport més especialitzat.

L'aplicació dels conceptes i tècniques presentats al llarg del curs es durà a terme consultant bases de dades i navegadors genòmics online, però també emprant eines específiques, com Galaxy o R i Rstudio, ja instal·lades als ordinadors de l'aula.

## A qui s'adreça el curs

Els curss s'adreça a investigadors -pre o post docs- i professionals de la biomedicina que desitgin aplicar la bioinformàtica en els seus estudis o que, simplement, vulguin entendre millor els estudis realitzats pels bioinformàtics que els donen suport.

## Professorat

El curs està organitzat per la *Unitat d'Estadística i Bioinformàtica* (UEB) del Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR).

El curs serà impartit pel cap de la UEB, el **Dr. Àlex Sánchez**, doctor en Estadística, màster en Bioinformàtica i professor titular del departament de Genètica, Microbiologia i Estadística de la Universitat de Barcelona, i per membres de la UEB, el **Dr. Ricardo Gonzalo**, doctor en Biologia molecular i PG en Bioestadística, i la **Dra. Mireia Ferrer**, doctora en Biomedicina i Màster en Bioestadística i Bioinformàtica.

## Organització

El curs es farà en un aula de informàtica, de forma que no cal que els alumnes portin ordinadors.

La metodologia serà de caire teòrico-pràctic. Cada sessió es dividirà en una part d'exposició teòrica seguida o intercalada amb parts pràctiques on els alumnes treballaran en grups d'una o dues persones.

## ***Dates, horaris i lloc de realització***

El curs té una durada de 20 hores i consisteix en cinc sessions de quatre hores.

Les sessions es faran **els dies 19, 21, 26, 28 de novembre i 3 de desembre de 2018, de 9 a 13:20h a l'aula d'informàtica del Mòdul Sud de la Facultat de Medicina** (Pavelló Docent) de l'Hospital Universitari Vall d'Hebron.

## ***Continguts***

Els continguts del curs són els següents:

### **Sessió 1: 19 de novembre**

Introducció a la bioinformàtica i a les bases de dades en biologia molecular:

- Els problemes que tracta la bioinformàtica
- Aplicacions de la bioinformàtica en biomedicina

Bases de dades en biologia molecular. Cerca i consulta d'informació:

- Navegadors genòmics: Ensembl, UCSC
- Repositori de dades òmiques: GTEx, TGCA, GEO, COSMIC

### **Sessió 2: 21 de novembre**

Introducció a les tecnologies de 'next generation sequencing' (NGS):

- De la seqüenciació Sanger al NGS. Seqüenciació de segona i tercera generació.
- Aplicacions de la NGS en la biologia i biomedicina.

Treballant amb dades de NGS. Primeres passes:

- El projecte Galaxy: Plataforma web per a l'anàlisi i la recerca biomèdica.
- Pre-processat de seqüències i controls de qualitat amb Galaxy

### **Sessió 3: 26 de novembre**

Introducció a l'anàlisi de dades òmiques

- Conceptes clau a tenir en compte en l'anàlisi de dades òmiques

Anàlisi de dades de RNAseq amb R i Bioconductor

- Desde la taula de comptatges fins a la llista de gens diferencialment expressats

### **Sessió 4: 28 de novembre**

Després de la selecció de gens: Anàlisi de significació biològica

- Mètodes per a l'anàlisi de llistes de gens: ORA, GSEA, Anàlisi de xarxes.
- Eines per a l'anàlisi de significació biològica: Gorilla, DAVID, GSEA, FGNET, PathVisio

### **Sessió 5: 3 de desembre**

Cerca de variants minoritàries.

- El problema de la selecció de variants. Importància mèdica i dificultats que comporta.
- Pipelines per a la identificació i anotació de variants.
- Anàlisi de variants amb Galaxy

## Quotes d'inscripció i places disponibles

L'import del curs varia segons l'afiliació i el moment del pagament. Els preus són els següents:

	Pagament abans del 12 de Novembre	Pagament després del 12 de Novembre
Membres del Campus Vall Hebron (VHIR/VHIO/HUVH)	<b>170 €</b>	<b>200 €</b>
Membres d'Esfera UAB, OPIS i Associació BIB	<b>300 €</b>	<b>350 €</b>
Altres	<b>550 €</b>	<b>600 €</b>

Hi ha **30 places**, que s'adjudicaran per estricte ordre de pagament. En cas de no arribar-se a un mínim de **15** inscripcions el curs no es durà a terme.

### Més informació

Per qualsevol dubte, podeu contactar per mail amb Ricardo Gonzalo ([ricardo.gonzalo@vhir.org](mailto:ricardo.gonzalo@vhir.org)) o per telèfon al 934894007.