

WORKSHOP

“Cancer Genomics and Gene Expression Analysis”

Friday 18 November 2016
Faculty of Medicine, PUC, Santiago, Chile.

INFORMACIÓN GENERAL

Las tecnologías de secuenciación masiva, han sido ampliamente utilizadas en la investigación de distintos tipos de cáncer, el uso de plataformas de micro-arreglos y secuenciación de librerías de RNA (RNA-seq) se han popularizado rápidamente, como resultado, la información y datos que existe hoy sobre cáncer ha aumentado considerablemente. Hoy más que nunca, es crítico poseer las habilidades informáticas y el conocimiento de los recursos bioinformáticos disponibles específicos a esta enfermedad crónica

CORE Biodata (www.corebiodata.org), con el apoyo del Centro Avanzado de Enfermedades Crónicas (www.accdis.cl), ha desarrollado este taller teórico práctico cubriendo conceptos y herramientas bioinformáticas claves para analizar datos genómicos (transcriptómicos) de cáncer.

El taller está compuesto por sesiones teóricas durante la mañana del día viernes 18 de noviembre (30 cupos) y una sesión práctica durante la tarde del mismo día (15 cupos).

Inscripciones para las sesiones teóricas del taller están abiertas, sin fecha límite de inscripción, hasta agotar cupos disponibles.

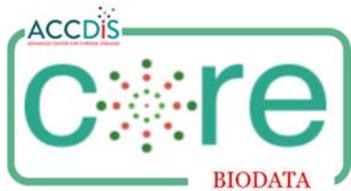
Postulaciones para la sesión **práctica** del taller se recibirán hasta el día 9 de Noviembre, 2016. Notificación a estas postulaciones se enviarán vía email durante el 11 de Noviembre.

Valor Sesiones prácticas: CLP\$50.000.-

Lugar: Facultad de Medicina, casa central de la Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Fecha: Viernes 18 de Noviembre, 2016.

Contacto: workshop@corebiodata.org



WORKSHOP

“Cancer Genomics and Gene Expression Analysis”

Friday 18 November 2016
Faculty of Medicine, PUC, Santiago, Chile.

INSTRUCCIONES SESIÓN PRÁCTICA

La sesión práctica del taller desarrollado por CORE Biodata, está enfocada a cualquier estudiante y/o investigador del área médica/científica, sin conocimientos profundos de informática o programación, de manera que al finalizar las sesiones sea capaz de obtener información y haya desarrollado habilidades clave para desenvolverse de mejor manera en la era post-genómica.

Objetivos específicos:

- Obtención de datos RNA-seq desde el portal GDC.
- Normalización de datos RNA-seq utilizando R.
- Análisis de expresión de datos RNA-seq utilizando R.
- Obtención de Heatmaps en R.

Pre-requisitos:

- Participar en las sesiones teóricas de este taller
- Computador o laptop (La mayoría de los laptop comprados en los últimos 3-4 años cumple con los requerimientos mínimos necesarios).
- Instalar “R” y “R studio” en tu laptop.
- Realizar los tutoriales introductorios que se detallan a continuación.

Tutoriales:

Se espera que todos los participantes del taller práctico, hayan completado este breve tutorial en R, el cual es accesible incluso si nunca antes has usado R. Si eres nuevo en R, este tutorial es absolutamente necesario.

Este tutorial ha sido desarrollado por la universidad de Toronto y se encuentra disponible aquí:

http://steipe.biochemistry.utoronto.ca/abc/index.php/R_tutorial

Para mayor información y ayuda al instalar R en Windows y MACs, los siguientes links podrían ser útiles. (Tutoriales opcionales disponibles en estos enlaces)

<http://www.biostat.wisc.edu/~kbroman/Rintro/Rwin.html>

<http://www.biostat.wisc.edu/~kbroman/Rintro/Rmac.html>

Instrucciones para preparar tu laptop:

A continuación se detallan algunos de los programas que necesitarás instalar en tu laptop.

1) Un buscador de internet “robusto” como Firefox o Safari (Internet Explorer y Chrome no son recomendables debido a complicaciones con Java)

2) Instalar la versión más reciente de R, para tu sistema operativo

<http://www.r-project.org>

3) Instalar la versión más reciente de R Studio <http://www.rstudio.com>

4) Un editor de texto “robusto” por ejemplo, para Windows/PC notepad++ (<http://notepad-plus-plus.org/>).

Para Linux, gEdit (<http://projects.gnome.org/gedit/>).

Para Mac, TextWrangler

(<http://www.barebones.com/products/textwrangler/download.html>)

En caso de consultas, no dudes en contactarte con nosotros (workshop@corebiodata.org)
Atte.

Equipo CORE Biodata.