

COORDINADORAS:

M. en C. Nancy Monroy Jaramillo
Dra. Rocío Ortiz López

Coordinadores de Logística

Dra. Lizbeth González Herrera
Dr. David Oaxaca Castillo
Dr. Rodrigo Rubi Castellanos

MESA DIRECTIVA AMGH

M. en C. Alicia B. Cervantes Peredo

Presidente

Dr. Luis E. Figuera Villanueva

Vicepresidente

Dra. Verónica F. Morán Barroso

Secretaria

Dra. Rosenda I. Peñalosa Espinosa

Tesorera

COMITÉ LOCAL

Doris Pinto Escalante
Heidy Arrieta Díaz
Thelma Canto de Cetina
Jorge Canto Herrera
Milagros B. Carrillo Basulto
Silvina Contreras Capetillo
Guadalupe García Escalante
Lizbeth González Herrera
Ma Teresa de J. López Avila
David Oaxaca Castillo
Gerardo Pérez Mendoza
Lucila Polanco Reyes
Eric Efraín Poot Capetillo
Carmen J. Quintero Carrillo
Rodrigo Rubi Castellanos
Héctor Rubio Zapata
Holda Y. Salas Brito
Rigel Salazar Escalante
José C. Segura Correa
Nina Valadez González
Jorge Zavala Castro

SEDE SALÓN CHICHÉN-ITZÁ Hotel Hyatt Regency

Calle 60 No. 344 a 100mts del Paseo
de Montejo, Mérida Yucatán. 97000

CUOTA

\$500.00 Socios AMGH

\$600.00 No Socios

Promoción:

**\$100.00 de descuento en inscripción
a un TALLER precongreso con inscripción
a un taller desayuno**

CUPO LIMITADO

IMPORTANTE LLEVAR LAPTOP

INFORMES E INSCRIPCIONES

AMGH

<http://www.amgh.org.mx/>
Servicio de Genética, HGM
(55) 57614387
amgh.df@gmail.com
secretariamgh@yahoo.com



UADY
UNIVERSIDAD
AUTÓNOMA
DE YUCATÁN

LA ASOCIACIÓN MEXICANA DE GENÉTICA HUMANA

Y

LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE YUCATÁN

INVITAN AL:

CURSO TALLER-DESAYUNO

“BIOLOGÍA MOLECULAR, GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA”

XXXVI CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA HUMANA



17 y 18 Noviembre 2011

Mérida Yucatán, México

BIOLOGÍA MOLECULAR, GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA

La Bioinformática es una disciplina científica emergente y dinámica, que se define como la interfase entre la biología molecular, la informática y la estadística. Permite utilizar diferentes herramientas para almacenar y analizar datos biológicos que se aplican en la solución de problemas genómicos complejos.

La Biomedicina y la Biotecnología se han visto enriquecidas por el desarrollo de nuevos algoritmos que permiten relacionar partes de un conjunto enorme de datos genómicos, como por ejemplo, analizar variantes genéticas, predecir estructura o función de proteínas o agrupar secuencias de proteínas en familias relacionadas.

En la última década han habido avances científicos y tecnológicos muy importantes en el conocimiento de la variación genética humana. Ésta se ha asociado con la susceptibilidad y/o resistencia a diferentes enfermedades, así como con la respuesta individual a la terapia farmacológica.

Objetivo del Taller: Presentar las herramientas básicas de la Bioinformática para:

1) la búsqueda, análisis, e interpretación de variantes genéticas con significado biológico, como mutaciones patogénicas, polimorfismos de riesgo en enfermedades multifactoriales y aplicaciones farmaco-genéticas.

2) el análisis de expresión para la selección de transcritos como biomarcadores en cáncer.

**IMPORTANTE LLEVAR
LAPTOP**

PROGRAMA

HORARIO

07:15-07:30

INSCRIPCIONES Y REGISTRO

07:30-07:35

INAUGURACIÓN

07:35-09:00

- 1) Introducción a los navegadores de genomas (Ensembl Genome browser)
El uso de las bases de datos para guardar y obtener información.
- 2) Búsqueda y análisis de variantes genéticas: SNP y CNV.

JUEVES 17

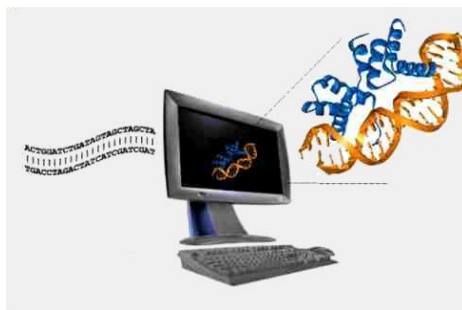
PROFESORES PARTICIPANTES

Dra. Marisol López López

Departamento de Sistemas Biológicos
UAM- X

M. en C. Nancy Monroy Jaramillo

Departamento de Neurogenética
Instituto Nacional de Neurología y
Neurocirugía, MVS



PROGRAMA

HORARIO

07:30-09:00

VIERNES 18

Introducción a los procedimientos y herramientas para seleccionar genes, cuya expresión (mRNA) podría ser empleada como biomarcadores específicos para subtipos de cáncer en datos de transcriptómica.

09:00-09:10

**CLAUSURA Y ENTREGA DE
CONSTANCIAS**

PROFESORES PARTICIPANTES

Dra. Rocío Ortiz López

Departamento de Bioquímica y Medicina Molecular. Facultad de Medicina UANL y Unidad de Biología Molecular, Genómica y Secuenciación. CIDCS-UANL.

Dr. Víctor M. Treviño Alvarado

Cátedra de Bioinformática.
Instituto Tecnológico de Monterrey.