

BIOINFORMÁTICA

Objetivo general

El objetivo de este curso teórico-práctico es introducir las tecnologías de secuenciación empleadas actualmente. Hablaremos los diversos experimentos que se pueden realizar usando secuenciación. Veremos de donde son almacenadas las secuencias y cómo acceder a ellas. Aprenderán a usar la poderosa herramienta de Galaxy. Entraremos de lleno al análisis de datos de secuenciación de RNA, realizaremos de forma practica cada uno de los pasos del análisis, interpretaremos los datos para darlos un sentido biológico. Identificaremos ventajas y limitantes del experimento y el análisis

Temario

Bioinformática ¿qué es?

Técnicas de secuenciación, almacenamiento y obtención de secuencias.

Tipos de experimentos para secuenciación masiva.

Uso de Galaxy

Introducción a RNA-seq.

Calidad de la secuenciación y alineamiento de secuencias

Normalización de datos.

Expresión diferencial.

Anotación de genes y enriquecimiento de vías

Visualizadores de genomas y visualización de genes.

Ya identifique genes diferencialmente expresados ¿ahora qué hago?

Introducción a R y Rstudio y las diversas comunidades.

Referencias

Bray NL, Pimentel H, Melsted P, Pachter L. Near-optimal probabilistic RNA-seq quantification. *Nat Biotechnol.* 2016 May;34(5):525-7. doi: 10.1038/nbt.3519. Epub 2016 Apr 4. PubMed PMID: 27043002.

Corchete, L.A., Rojas, E.A., Alonso-López, D. et al. Systematic comparison and assessment of RNA-seq procedures for gene expression quantitative analysis. *Sci Rep* 10, 19737 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76881-x>

The Galaxy Community. The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2022 update, *Nucleic Acids Research*, Volume 50, Issue W1, 5 July 2022, Pages W345–W351, doi:10.1093/nar/gkac247

