



Licenciatura en **CIENCIAS GENÓMICAS**

Formato para proponer cursos Semestre 2023-2

El curso ya ha sido impartido: Sí No

1. Indicar modalidad: (Optativo, Seminario, curso regular (con profesor invitado)
Curso regular

2. Título: Se sugiere que sea conciso y refleje el contenido general
Genómica evolutiva 2 (Análisis del transcriptoma: métodos bioinformáticos y experimentales)

3. Tutor responsable:

Nombre completo	David Valle García
-----------------	--------------------

6. Descripción del curso

Durante el curso analizaremos los diversos métodos experimentales para realizar estudios transcriptómicos. Asimismo, evaluaremos de forma teórica y práctica los métodos bioinformáticos para analizar dichos datos e integrarlos a otro tipo de análisis ómicos.

El curso será evaluado por participación en clase, exposiciones en equipo, entrega de trabajos individuales y un proyecto de investigación final. A continuación se detalla el temario del curso:

Clase 1 – Introducción e historia de los análisis transcriptómicos, de los microarreglos a los estudios de célula única.

Clase 2 – Plataformas de secuenciación para análisis transcriptómicos.

Clase 3 – Preparación de librerías: métodos y consideraciones técnicas.

Clase 4 – Análisis bioinformático (teórico/práctico): alineamiento de secuencias.

Clase 5 – Análisis bioinformático (teórico/práctico): Transformación de formatos, feature counts, creación de pileups.

Clase 6 – Análisis bioinformático (teórico/práctico): Análisis Diferencial de Expresión. Métodos más comunes.

Clase 7 – Análisis bioinformático (teórico/práctico): Análisis Diferencial de Expresión. Diseños experimentales complejos.

Clase 8 – Análisis bioinformático (teórico/práctico): Gene Ontology, Integración con otras bases de datos.

Clase 9 – Discusión de artículos de investigación (presentación por alumnos): aplicaciones en ciencia básica.

Clase 10 – Discusión de artículos de investigación (presentación por alumnos): aplicaciones en la clínica.

Clase 11 – Nuevas tecnologías de análisis: transcriptómica de célula única.

Clase 12 – Nuevas tecnologías de análisis: transcriptómica espacial.

Al final del curso los alumnos realizarán un pequeño proyecto de investigación en el que analizarán datos previamente publicados para responder una pregunta de su interés.

7. Características para la impartición del curso :

Lugar donde se realizará	Licenciatura en Ciencias Genómicas
Duración en horas por sesión y número de sesiones	2 horas y media por sesión. 12 sesiones.
Disponibilidad de impartirlo por videoconferencia	Sí ___ No <u>X</u>

8. Método de evaluación:

Por favor incluya en este apartado el % de la contribución relativa de:

Participación en clase	20%
Presentación en clase	30%
Proyecto de investigación	40%
Trabajos	10%
Otros	

10. Bibliografía

Referencias:

- Rapaport F, Khanin R, Liang Y, Pirun M, Krek A, Zumbo P, Mason CE, Socci ND, Betel D. Comprehensive evaluation of differential gene expression analysis methods for RNA-seq data. *Genome Biol.* 2013; 14(9):R95
- Jänes J, Hu F, Lewin A, Turro E. A comparative study of RNA-seq analysis strategies. *Brief Bioinform.* 2015; 16(6):932-40
- Conesa A, Madrigal P, Tarazona S, Gomez-Cabrero D, Cervera A, McPherson A, Szcześniak MW, Gaffney DJ, Elo LL, Zhang X, Mortazavi A. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. *Genome Biol.* 2016; 17:13.
- Ziegenhain C, Vieth B, Parekh S, Reinius B, Guillaumet-Adkins A, Smets M, Leonhardt H, Heyn H, Hellmann I, Enard W. Comparative Analysis of Single-Cell RNA Sequencing Methods. *Mol Cell.* 2017; 65(4):631-643.
- Stark R, Grzelak M, Hadfield J. RNA sequencing: the teenage years. *Nat Rev Genet.* 2019; 20(11):631-656.