

# Programa Transcriptómica I, RNA-seq

2024

Coordinadores: Dr. Fernando Álvarez-Valín, Dra. Natalia Rego

El curso propone brindar al estudiante el entendimiento de los conceptos principales y de las aplicaciones de la transcriptómica. Los conceptos incluyen: uso de diferentes tecnologías de secuenciación y sus ventajas; aplicaciones; selección de muestras y replicación; pre-procesamiento de datos y control de calidad; métodos de ensamblado transcriptómico; análisis de expresión diferencial entre condiciones o grupos; interpretación de los resultados con respecto al rol de los genes en procesos y vías metabólicas. Las herramientas incluyen: las de alineamiento y ensamblado (e.g. STAR, HISAT2, StringTie, Kallisto, Salmon, Trinity, featureCounts); las de control de calidad y pre-procesamiento (e.g. FastQC, MultiQC, Trimmomatic, Cutadapt); las de expresión diferencial (e.g. DESeq2, edgeR, limma, sleuth); las de anotación funcional (e.g. clusterProfiler, GOSec); las que contribuyen a la visualización de los resultados (e.g. IGV y paquetes de R/Bioconductor múltiples). El estudiante adquirirá habilidades que le permitirán: diseñar un experimento de RNA-seq con controles y replicación apropiados; analizar un experimento de RNA-seq, incluyendo efectuar controles de calidad, expresión diferencial e interpretación funcional; visualizar datos transcriptómicos a través de diferentes tipos de gráficos y comunicar efectivamente sus resultados; pensamiento crítico, desarrollar la capacidad de evaluar e interpretar resultados transcriptómicos, así como hacer frente a problemas que puedan surgir.

## Temas:

- Introducción a la transcriptómica, aplicaciones, control de calidad.
- Obtención de perfiles transcriptómicos.
- Expresión diferencial e interpretación funcional.

## Temario desarrollado:

Teórico 1.1: Introducción a la transcriptómica

Teórico 1.2: Tecnologías de secuenciación

Teórico 1.3: Aplicaciones

Teórico 2.1: Diferentes estrategias: alineamiento y pseudo-alineamiento; ensamblado de novo; ensamblado guiado por genoma

Teórico 2.2: Cuantificación de la expresión

Teórico 2.3: Expresión diferencial

Teórico 3.1: Anotación y análisis funcional

Teórico 3.2: Transcriptómica de ARNs no codificantes

Práctico 1: Pre-procesamiento y control de calidad; workflow de herramientas de alineamiento y conteo o alineamiento y reconstrucción de transcritos

Práctico 2: Workflow de herramientas de pseudo-alineamiento y cuantificación

Práctico 3: Expresión diferencial (caso 1)

Práctico 4: Expresión diferencial (caso 2)

Práctico 5: Análisis de splicing alternativo

Práctico 6: Transcriptómica con reads largos

## Modalidad:

Semanas: 3 (fecha: lunes 4 al jueves 21 de noviembre 2024)

Teóricos: 9 hs

Prácticos: 18 hs

Trabajo domiciliario: 27 hs

Total: 54 hs

Aprobación de curso: se salva con informes de práctico y examen final tipo cuestionario.

Horario: 16 a 19 hs; lunes, miércoles y jueves

Docentes:

Dr. Fernando Álvarez-Valín

Dra. Natalia Rego

Dra. Luisa Berná

Dr. Rafael Fort

Mag. Juan Trinidad