

	UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO PROGRAMA DE POSGRADO MAESTRÍA EN CIENCIAS (NEUROBIOLOGÍA) Programa de actividad académica	
---	---	---

Denominación: Bioinformática aplicada al análisis de transcriptómica diferencial				
Clave:	Semestre(s): 1	Campo de Conocimiento: <i>Genómica y bioinformática</i>		No. Créditos: 4
Carácter: Optativa	Horas		Horas por semana	Horas al Semestre
Tipo: Práctica	Teoría: 2	Práctica: 0	2	32
Modalidad: Laboratorio		Duración del programa: Semestral		

Seriación: Sin Seriación (X) Obligatoria () Indicativa ()
Objetivos generales: El alumno: - Entenderá los principios y los conceptos bioquímicos, de biología celular y computacionales que subyacen a las diferentes técnicas para comparar expresión diferencial. - Conocerá el software y los recursos computacionales para transformar los datos de secuencia en hipótesis y conocimientos biológicos. - Conocerá las ventajas, limitantes y aplicaciones de cada técnica transcriptómica.
Objetivos específicos: El alumno: - Practicará <i>pipelines</i> bioinformáticos básicos para el procesamiento y análisis de los datos transcriptómicos - Será capaz de articular el razonamiento para elegir cada modalidad de análisis para su hipótesis biológica.

Índice Temático				
Unidad	Tema	Horas		Profesor
		Teóricas	Prácticas	
1	Expresión diferencial <i>bulk</i>	6	6	Wilbert Gutiérrez Sarmiento, Alfredo Varela Echavarría
2	single cell RNA-seq	4	6	Haiku Gómez Velázquez, Jerónimo R. Miranda Rodríguez
3	Transcriptómica espacial	4	6	Jerónimo R. Miranda Rodríguez
Total de horas:		14	18	
Suma total de horas:		32		

Contenido Temático

Unidad	Tema y Subtemas
1	1. Expresión diferencial <i>bulk</i> 1.1 Fundamento teórico de la técnica de RNA-seq 1.2 Aplicaciones de la expresión diferencial 1.3 Alineamiento, matriz de conteo y normalización 1.4 Análisis de expresión diferencial y visualización
2	2. single cell RNA-seq 2.1 Fundamento teórico y conceptual de las técnicas de single cell 2.2 Control de calidad, normalización y corrección. Selección de <i>features</i> 2.3 Algoritmos de clustering y reducción de la dimensionalidad 2.4 Expresión diferencial e inferencia de trayectorias
3	3. Transcriptómica espacial 3.1 Transcriptómica espacial: secuenciación in situ, FISH y secuenciación masiva

	3.2 Control de calidad, normalización y corrección. Selección de <i>features</i> 3.3 Genes diferencialmente expresados en el espacio 3.4 Vecindad y nichos celulares 3.5 Integración espacial y single cell
--	--

Bibliografía Básica:

- Love, M. I. 2014. *Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2*, *Genome Biology*, 15, 550.
- Kharchenko, P.V., 2021. *The triumphs and limitations of computational methods for scRNA-seq*. *Nature Methods*, 18(7), pp.723-732.
- Ståhl, P.L., Salmén, F., Vickovic, S., Lundmark, A., Navarro, J.F., Magnusson, J., Giacomello, S., Asp, M., Westholm, J.O., Huss, M. and Mollbrink, A., 2016. *Visualization and analysis of gene expression in tissue sections by spatial transcriptomics*. *Science*, 353(6294), pp.78-82.
- Tutorial en línea: <http://bioconductor.org/packages/devel/bioc/vignettes/DESeq2/inst/doc/DESeq2.html>

Bibliografía Complementaria:

- Patro, R., Duggal, G., Love, M.I., Irizarry, R.A. and Kingsford, C., 2017. Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression. *Nature methods*, 14(4), pp.417-419.
- Chari, T. and Pachter, L., 2023. The specious art of single-cell genomics. *PLoS Computational Biology*, 19(8).
- Chen, K.H., Boettiger, A.N., Moffitt, J.R., Wang, S. and Zhuang, X., 2015. Spatially resolved, highly multiplexed RNA profiling in single cells. *Science*, 348(6233)
- Moses, L. and Pachter, L., 2022. Museum of spatial transcriptomics. *Nature Methods*, 19(5), pp.534-546.
- Yang, Zheng Rong. *Biological Pattern Discovery With R: Machine Learning Approaches*. Singapore, World Scientific Publishing Company, 2021 (Cap 6, Gene expression pattern discovery) *
- Rabadan, R. and Blumberg, A. J. , 2019. *Topological Data Analysis for Genomics and Evolution: Topology in Biology*, Cambridge, Cambridge University Press. (Cap 7, Single Cell Expression data) *

* En la Biblioteca UNAM Campus Juriquilla

Sugerencias didácticas: Exposición oral Exposición audiovisual Ejercicios dentro de clase Ejercicios fuera del aula Seminarios Lecturas obligatorias Trabajo de Investigación Prácticas de taller o laboratorio Prácticas de campo Otros:	 () () (X) () () () () () (X) () ()	Mecanismos de evaluación de aprendizaje de los alumnos: Exámenes parciales Examen final escrito Trabajos y tareas fuera del aula Exposición de seminarios por los alumnos Participación en clase Asistencia Seminario Otras:	 () () () () ()
--	---	---	---

Perfil profesigráfico:

Alfredo Varela Echavarría.

Wilbert Gutiérrez Sarmiento. Doctor en Ciencias de los Alimentos y Biotecnología. Realiza trabajos de análisis de datos transcriptómicos para estudios de expresión diferencial. Actualmente, Investigador Posdoctoral en el Laboratorio A03 del Instituto de Neurobiología – UNAM.

Haiku Gómez. Doctorado en Ciencia y tecnología con Orientación en Biomédica. Experiencia en la enseñanza y la aplicación a la investigación de técnicas de *clustering* y reducción de la dimensionalidad en datos biológicos. Actualmente se desempeña como investigador post-doctoral en el Instituto de Biotecnología - UNAM.

Jerónimo R. Miranda Rodríguez. Doctorado en bioquímica. Formación en ciencias genómicas, cuenta con amplia experiencia en genómica, microscopía y análisis de scRNA-seq. Actualmente es Investigador Asociado C TC en el Instituto de Neurobiología - UNAM.

Carta de solicitud en la siguiente página