

	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: 14	Práctica: 18	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	Jose Antonio Corona-Gomez, Jeronimo R. Miranda Rodríguez
3	Transcriptómica espacial	4	6	Aaron Vazquez Jimenez, 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.
- Heumos, L., Schaar, A.C., Lance, C. et al. Best practices for single-cell analysis across modalities. *Nat Rev Genet* (2023). <https://doi.org/10.1038/s41576-023-00586-w>
- 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:		Mecanismos de evaluación de aprendizaje de los alumnos:	
Exposición oral	(X)	Exámenes parciales	()
Exposición audiovisual	()	Examen final escrito	()
Ejercicios dentro de clase	(X)	Trabajos y tareas fuera del aula	(X)
Ejercicios fuera del aula	()	Exposición de seminarios por los alumnos	()
Seminarios	()	Participación en clase	(X)
Lecturas obligatorias	()	Asistencia	()
Trabajo de Investigación	()	Seminario	()
Prácticas de taller o laboratorio	(X)	Otras:	
Prácticas de campo	()		
Otros:			

Perfil profesigráfico:

Alfredo Varela Echavarría. Grado de Biología por la UANL y Ph. D. en Genética Molecular y Microbiología por la Universidad de Medicine and Dentistry de Nueva Jersey. Llevo a cabo trabajo postdoctoral en neurobiología del desarrollo en el Guy's Hospital de la Universidad de Londres. También hizo investigación en el the National Institute of Child Health and Human Development (NIH) y el departamento de Biología de la Universidad de Duke. Actualmente es Investigador Titular C en el Instituto de Neurobiología (INB-UNAM)

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.

Aaron Vazquez Jimenez. Investigador en Ciencias Médicas C en el Instituto de Medicina Genética (INMEGEN), CDMX. Tiene un doctorado en Ingeniería y Biofísica por parte del CINVESTAV. Su expertise se relaciona con la biología de sistemas y el modelado matemático. Se ha especializado en circuitos de regulación genética, modelos estocásticos, teoría de la información y métodos computacionales para datos de single-cell.

Jose Antonio Corona Gomez. Actualmente es project manager del proyecto Latin Cells, consorcio financiado por la fundación Chan-Zuckerberg que busca construir un mapa de expresión de las células inmunes de poblaciones indígenas y mestizas de seis países americanos.

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.