



MO.157 - Análisis de datos ómicos aula 1

Introducción a la ultrasecuenciación

Inicio: 29/04/21	Fin: 11/05/21	Solución: Solución programada 19/05/21	Calificación: 26/05/21	Dedicación: 10 %
----------------------------	-------------------------	--------------------------------------------------------	----------------------------------	----------------------------

Descripción y enunciado

Esta actividad os inicia de manera sencilla a una de las tecnologías que, después de los microarrays, han impactado mas fuertemente en la biología moderna: la ultrasecuenciación, también conocida como "Next generation sequencing". Debatiremos entre todos los puntos claves de este tipo de datos con sus similitudes/disimilitudes con lo ya visto en el curso (datos de microarrays) para su posterior análisis.

En cualquier caso el objetivo del debate es ayudaros a entender mejor **los conceptos de ultrasecuenciación** desde el punto de vista **BIO** lógico viendo su potencialidad , como asimismo los conceptos que llevan implícitos estos tipos de estudios.

Asimismo, empezaremos a "vislumbrar" la necesidad de un proceso "**BIOINFORMÁTICO**" no presente en los análisis de microarrays, como también procesos de análisis estadísticos **STAT** diferentes a los empleados, ya que vamos a trabajar con contajes en vez de con valores continuos.

En este debate introduciremos un nuevo entorno de manejo y análisis de datos. El proyecto Galaxy (<https://usegalaxy.org/>) que ofrece una interesante alternativa y/o complemento al uso de R y Bioconductor para muchos tipos de datos ómicos, pero especialmente para los de ultrasecuenciación.

Competencias y objetivos

Los objetivos de esta actividad son:

- Familiarizarse con la tecnología de ultrasecuenciación y con los tipos de problemas biológicos que permite abordar.
- Conocer las principales similitudes y diferencias entre los estudios basados en microarrays y los basados en ultraseqüenciació.

- Resulta importante darse cuenta de que hay casos de gran similitud y casos con importantes diferencias.
- Conocer las herramientas bioinformáticas adecuadas para el análisis de datos de ultrasecuenciación, en particular Galaxy y un nuevo conjunto de paquetes de Bioconductor.

Contenidos y recursos

Los materiales del curso no contienen una parte dedicada a la ultrasecuenciación, puesto que se trata de una tecnología muy moderna y en rápida evolución.

En vez de generar unos materiales que por la propia naturaleza del tema iban a quedar obsoletos rápidamente hemos preferido reutilizar materiales de formación libres que se actualizan constantemente.

Podéis empezar por la presentación que os adjunto al final de esta sección ("2020-05-Introduction to NGS") es una introducción a la tecnología de la ultrasecuenciación y sus aplicaciones

A nuestra batería de librerías de R le añadiremos una nueva herramienta: Galaxy. Se trata de un proyecto muy consolidado que permite realizar el análisis de datos de NGS de forma interactiva o en batch a través de lo que se conoce como "workflows" o flujos de trabajo. Uno de los méritos de Galaxy es que han creado gran cantidad de materiales de formación. Podéis empezar con estos dos vídeos:

1. A short introduction to Galaxy
2. NGS: Data logistics (Learn about Bioinformatic approach: Fastq, SAM, and BAM)

En la web de galaxy podréis acceder a muchos materiales con gran cantidad de detalles y de todos los niveles.

Recursos de aprendizaje

Fuentes de información

Recursos electrónicos (Bases de datos)

[Web](#)

Revistas i llibres electrònics

[Web](#)