



MO.157 - Análisis de datos ómicos aula 1

Análisis de microarrays

Inicio: 10/03/21	Entrega: 28/03/21	Solución: Solución programada 18/04/21	Calificación: 25/04/21	Dedicación: 27 %
----------------------------	-----------------------------	--	----------------------------------	----------------------------

Del experimento al análisis de datos

En la práctica anterior planteamos un caso, similar a las docenas de casos que habéis encontrado vosotros: Una investigadora desea estudiar el proceso de regulación termogénica y plantea un estudio experimental con microarrays. Tras decidir las condiciones experimentales y el tamaño muestral lleva a cabo su estudio usando una tecnología que le permitirá medir la expresión de **todos** los genes en las distintas condiciones en que se realiza el experimento .

Una vez realizado el experimento y después de recibir los datos "crudos" (se les llama así) nuestra investigadora desea determinar qué genes presentan una expresión distinta entre condiciones, es decir qué genes se han visto afectados por el "tratamiento" aplicado. Sabe que este proceso no es simple pero no tiene porque ser excesivamente complejo y ha aprendido que básicamente tiene que pasar por tres etapas:

1. Preprocesado de los datos en donde transformará las imágenes en números que podrá comparar entre condiciones.
2. Selección de genes que cambian entre condiciones (es decir por efecto del tratamiento).
3. Interpretación biológica de las listas de genes que obtiene.

Si todo funciona como es de esperar el resultado del análisis será una o más listas de genes afectados así como algo de información sobre el significado biológico de dichos cambios.

Competencias y objetivos

Los objetivos principales de este apartado son

- Saber plantear un análisis de datos ómicos, específicamente de microarrays, desde el diseño experimental hasta la selección de genes diferencialmente expresados.
Aunque es la última fase del proceso de análisis dejaremos para la siguiente actividad el análisis de las listas de genes y su interpretación biológica.
- Conocer y comprender los conceptos estadísticos, biológicos y bioinformáticos que se utilizan para el análisis
- Saber realizar el proceso de análisis usando R y Bioconductor
- Saber como realizar un informe del análisis usando Rmarkdown y github

Contenidos y recursos

Esta sección se apoya principalmente en los materiales del Módulo 2 de los materiales **Análisis de datos de microarrays.pdf**. Específicamente nos centraremos en los capítulos 3, 4 y parte del 6

C3: Exploración, Control de calidad (QC) y Preprocesado (Normalización) de los datos.

C4: Selección de Genes Diferencialmente Expresados (DEG)

C5: Anotación de los resultados, Análisis de significación Biológica (Annotation* and GSE).

C6: Estudio de un caso completo

Un punto importante acerca de los materiales :

Estos materiales se elaboraron hace unos años para complementar las primeras ediciones de la asignatura. Al tratarse de un tema que evoluciona muy rápidamente se han ido quedando algo anticuados, más en aspectos tecnológicos como la estructura de los microarrays o en el uso de otras tecnologías que en conceptos básicos de estadística o análisis de datos, que es el objetivo de la asignatura.

Con el fin de que dispongáis de una versión actualizada hemos iniciado un proceso de revisión de los materiales en dos etapas:

- En una primera fase se los documentos originales se han pasado de LaTeX a Rmarkdown y se ha colocado la fuente y el documento final en GitHub. También nos hemos asegurado de que el código que contienen sea ejecutable, eliminando puntos que no funcionen.
- En la fase siguiente se actualizarán e introducirán aspectos que en su momento no se contemplaron, bien por no considerarlos necesarios o bien porque todavía no existían.

Podéis acceder a la versión actualizada de los materiales en la url:

https://aspteaching.github.io/Analisis_de_datos_omicos-Materiales_para_un_curso/

El enlace anterior os lleva directamente a los "apuntes". Podéis acceder a la fuente del documento así como al código R y los datos en el repositorio de github:

https://github.com/aspteaching/Analisis_de_datos_omicos-Materiales_para_un_curso/

Observad que las dos urls se parecen pero no son iguales .

Además de la versión actualizada de los materiales os proporcionamos un caso resuelto. Debéis de notar que este caso complementa los materiales. Es decir, explica lo mismo con unos datos distintos, de forma más compacta y con un toque más moderno, puesto que está escrito en el año 2019, mientras que los materiales se realizaron el año 2010.

Como en el caso de los apuntes trabajaremos tan sólo hasta la selección de genes diferencialmente expresados, dejando para la siguiente actividad la anotación de listas de genes y el análisis de significación biológica.

Recursos de aprendizaje

Materiales

Genómica Funcional y análisis de microarrays

[Audiolibro](#) [ePub](#) [Mobipocket](#) [Videolibro](#) [html5](#) [Pdf](#)

Módulo 2. Análisis de datos de microarrays

[Audiolibro](#) [ePub](#) [Mobipocket](#) [html5](#) [Pdf](#)

Fuentes de información

Recursos electrónicos (Bases de datos)

[Web](#)

Revistas y libros electrónicos

[Web](#)