



Licenciatura en **CIENCIAS GENÓMICAS**

Formato para proponer cursos
Semestre 2025-2

El curso ya ha sido impartido: Sí ☒ No ☐

1. Indicar modalidad: (Optativo, Seminario, curso regular (con profesor invitado))
Curso Regular

2. Título: Genómica Evolutiva 2 (Transcriptómica)

3. Tutor responsable:

Nombre completo	David Valle García
Entidad académica	Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía
Grado	Doctor
Núm. Empleado UNAM*	Número de honorista UNAM: H232183
Teléfono	777 223 8931
RFC*	VAGD8611196M0
CURP*	VAGD861119HMSLRV02
Nacionalidad*	Mexicano
Correo electrónico	david.valle.edu@gmail.com

4. Profesores invitados:**

Nombre completo	Gustavo Rodríguez Alonso
Entidad/adscripción	Centro de Investigación en Dinámica Celular Instituto de Investigación en Ciencias Básicas y Aplicadas Universidad Autónoma del Estado de Morelos
Correo electrónico	gustavo.rodriguezal@docentes.uaem.edu.mx
Nombre completo	Israel Aguilar Ordoñez
Entidad/adscripción	Tecnológico de Monterrey

Correo electrónico	iaguilaror@tec.mx
5. Ayudantes:	
Nombre completo	Bernardo Chombo Álvarez
Entidad/adscripción	CCG
Teléfono	+52 (55) 3234-8105
RFC*	COAB030511TZ1
CURP*	COAB030511HDFHLRA1
Correo electrónico	bchombo@lcg.unam.mx
Nombre completo Entidad de/Adscripción Teléfono Correo electrónico	
6. Descripción del curso <p>Durante el curso analizaremos los diversos métodos experimentales para realizar estudios transcriptómicos. Asimismo, evaluaremos de forma teórica y práctica los métodos bioinformáticos para analizar dichos datos e integrarlos a otro tipo de análisis ómicos.</p> <p>El curso será evaluado por participación en clase, exposiciones en equipo, entrega de trabajos individuales y un proyecto de investigación final. A continuación se detalla el temario del curso:</p> <p>Clase 1 – Introducción e historia de los análisis transcriptómicos, de los microarreglos a los estudios de célula única.</p> <p>Clase 2 – Preparación de librerías: métodos y consideraciones técnicas.</p> <p>Clase 3 – Alineamiento de secuencias con genomas anotados (teórico/práctico).</p> <p>Clase 4 – Alineamiento de secuencias con genomas no anotados (teórico/práctico).</p> <p>Clase 5 – Transformación de formatos, feature counts, creación de pileups (teórico/práctico).</p> <p>Clase 6 – Análisis de expresión diferencial (teórico).</p> <p>Clase 7 – Análisis de expresión diferencial (práctico).</p> <p>Clase 8 – Anotación funcional (teórico/práctico).</p> <p>Clase 9 – Discusión de artículos de investigación (presentación por alumnos).</p> <p>Clase 11 – Transcriptómica de célula única (teórico).</p> <p>Clase 12 – Transcriptómica de célula única (práctico).</p> <p>Clase 12 – Transcriptómica especial (teórico).</p> <p>Clase 13 – Nuevas tecnologías de RNA-seq en bulk (teórico).</p> <p>Clase 14 – Presentación de proyectos finales.</p> <p>Al final del curso los alumnos realizarán un pequeño proyecto de investigación en el que analizarán datos previamente publicados para responder una pregunta de su interés.</p>	

7. Características para la impartición del curso :

Lugar donde se realizará	Virtual
Duración en horas por sesión y número de sesiones	2 horas y media
Disponibilidad de impartirlo por videoconferencia	Sí <u>X</u> No <u> </u>

8. Método de evaluación:

Por favor incluya en este apartado el % de la contribución relativa de:

Participación en clase	25%
Presentación en clase	15%
Proyecto de investigación	35%
Trabajos	25%
Otros	

10. Bibliografía

Referencias:

- Rapaport F, Khanin R, Liang Y, Pirun M, Krek A, Zumbo P, Mason CE, Socci ND, Betel D. Comprehensive evaluation of differential gene expression analysis methods for RNA-seq data. Genome Biol. 2013; 14(9):R95
- Jänes J, Hu F, Lewin A, Turro E. A comparative study of RNA-seq analysis strategies. Brief Bioinform. 2015; 16(6):932-40
- Conesa A, Madrigal P, Tarazona S, Gomez-Cabrero D, Cervera A, McPherson A, Szczesniak MW, Gaffney DJ, Elo LL, Zhang X, Mortazavi A. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. Genome Biol. 2016; 17:13.
- Ziegenhain C, Vieth B, Parekh S, Reinius B, Guillaumet-Adkins A, Smets M, Leonhardt H, Heyn H, Hellmann I, Enard W. Comparative Analysis of Single-Cell RNA Sequencing Methods. Mol Cell. 2017; 65(4):631-643.
- Stark R, Grzelak M, Hadfield J. RNA sequencing: the teenage years. Nat Rev Genet. 2019; 20(11):631-656

Máximo 5 cuartillas

Las propuestas se deben enviar por correo electrónico a:

Iliana Bahena

ibahena@lcg.unam.mx

* Requerido sólo para los tutores y/o ayudantes que vayan a percibir alguna remuneración

**En caso de que sean varios invitados, podría enviarse la lista en tabla de Excel