



Curso Online: Análise de Transcriptomas com R e Galaxy usando DESeq2

Cristal Villalba e RSG Brazil

Carga horária total: 8 horas (2 dias)

Formato: Online, com aulas ao vivo e/ou gravadas, materiais práticos e datasets reais do GEO

Pré-requisitos: Conhecimentos básicos de biologia molecular e noções de estatística, além de saber usar R - Rstudio

Objetivo Geral

Capacitar os participantes a realizar análise de expressão gênica diferencial (RNA-seq) com DESeq2, utilizando tanto a plataforma gráfica Galaxy quanto scripts em R, com interpretação de resultados e visualização de dados.

Módulo 1 – Introdução ao RNA-seq e Preparação de Dados (2h)

Conteúdo:

- Fundamentos de RNA-seq: como funciona, o que mede, tipos de experimento
- Estrutura de um projeto de transcriptoma (layout, replicatas, controle, condições)
- Introdução ao NCBI GEO: busca e download de datasets públicos
- Conversão de dados brutos (FASTQ) e contagens com Galaxy
- Introdução ao Galaxy e ferramentas relevantes (FastQC, HISAT2, featureCounts)

Atividade prática:

- Acessar um projeto no Galaxy
- Importar arquivos FASTQ do GEO
- Alinhar leituras com HISAT2

- Gerar matriz de contagem com featureCounts

Módulo 2 – Análise com DESeq2 no R (2h)

Conteúdo:

- Importação e manipulação de matrizes de contagem
- Estrutura do DESeq2: `DESeqDataSet`, normalização e dispersão
- Teste estatístico para genes diferencialmente expressos
- Exportação de resultados

Atividade prática:

- Rodar análise passo a passo em R com DESeq2
- Filtrar genes com `padj < 0.05` e `log2FoldChange > 1`
- Gerar planilhas com os principais genes

Módulo 3 – Visualizações e Enriquecimento Funcional (2h)

Conteúdo:

- Gráficos com DESeq2: MA plots, PCA, heatmaps, volcano plots
- Enriquecimento funcional: Gene Ontology (GO) e KEGG
- Ferramentas: `clusterProfiler`, `org.Hs.eg.db`

Atividade prática:

- Gerar gráficos de qualidade de análise
- Interpretar principais vias e funções alteradas

Módulo 4 – Comparando Galaxy vs R e Aplicações Reais (2h)

Conteúdo:

- Comparando fluxos em Galaxy e R
- Interpretação de resultados biológicos

- Estudos de caso com datasets reais (ex: câncer, inflamação)
- Boas práticas para publicação e reprodutibilidade

Atividade prática:

- Analisar um segundo dataset com DESeq2 no Galaxy e comparar com R
- Montar um mini-relatório com gráficos e genes destacados

Materiais e Recursos

- Scripts em R comentados
- PDF com passo a passo no Galaxy
- Links para datasets GEO sugeridos
- Listas de comandos e funções úteis
- Templates de relatórios e gráficos

Objetivos de Aprendizagem

Ao final do curso, o participante será capaz de:

1. Compreender o fluxo de trabalho completo de análise RNA-seq
2. Realizar análises no Galaxy e no R de forma autônoma
3. Interpretar os resultados de DESeq2 estatística e biologicamente
4. Gerar visualizações e relatórios prontos para apresentação ou publicação

Pré-requisitos no R:

Pacotes *BiocManager*, "*DESeq2*", "*tidyverse*", "*pheatmap*", "*apec*"