# ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL

El análisis bioinformático inició con el alineamiento pareado de las FIELDBDi muestras vs el FIELDMANUALd, FIELDMANUALe. FIELDMANUALf de FIELDMANUALg, mismo que fue indexado con un k-mero de tamaño FIELDMANUALh y un step de FIELDMANUALi para el programa de alineamiento de secuencias cortas FIELDMANUALj. Luego llevamos a cabo el alineamiento, con el programa FIELDMANUALk solicitando un porcentaje de semejanza de FIELDMANUALl. Se marcaron los duplicados ópticos usando MarkDuplicates VN:2.18.14-SNAPSHOT. Luego se realizó el cálculo de coberturas usando el programa FIELDMANUALm. FIELDMANUALn de coberturas FIELDMANUALo.

Estas coberturas se subieron al sitio http://www.uusmb.unam.mx/ideamex/ para realizar el análisis de expresión diferencial y se solicitaron las comparaciones:

FIELDMANUALp.

Definir comparaciones

FIELDEDTABLE

Para reportar los resultados se utilizaron como líneas de corte un FDR o pvalue menor a FIELDMANUALq, una magnitud de cambio superior a FIELDMANUALr (LogFC >= FIELDMANUALs) y una cuenta por Millón igual a FIELDMANUALt (CPM= FIELDMANUALu).

Se aplicaron 4 métodos de análisis de expresión diferencial:

* [edgeR Results](http://www.uusmb.unam.mx/ideamex/avila.dela195537/EdgeR.php)
* [DESeq2 Results](https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/DESeq2.html)
* [limma Results](https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/limma.html)
* [NOISeq Results](https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/NOISeq.html)

# RESULTADOS

Los resultados se encuentran disponibles en la liga de IDEAmex: Para la tabla solo con los transcritos principales se encuentra en FIELDMANUALv. En la sección de análisis de datos, en la gráfica FIELDMANUALw, podemos observar una muy buena distancia entre los grupos a comparar. En la gráfica de FIELDMANUALx, con las muestras ya normalizadas, se observan todas las réplicas con distribuciones muy semejantes, cosa que se corrobora con la FIELDMANUALy.

Dentro de cada una de las carpetas:

• FIELDMANUALz

• FIELDMANUALZa

• FIELDMANUALZb

• FIELDMANUALZc

Encontrará los archivos que contienen en la primera columna los identificadores de todos transcritos con los valores de expresión diferencial diferente de cero, seguido de los parámetros de cada método seleccionado, y luego las cuentas crudas y normalizadas para cada réplica de cada muestra.

FIELDMANUALZd

Los archivos siguientes, contienen sólo aquellos genes con una magnitud de cambio mayor a FIELDMANUALZe (LogFC > FIELDMANUALZf ). y un pvalue < FIELDMANUALZg, para aquellos genes con cuentas por millón > FIELDMANUALZh (CPM> FIELDMANUALZi):

FIELDMANUALZj

Cada método puede generar una lista de genes que pueden coincidir o no, con los otros métodos. en los archivos siguientes están aquellos genes que fueron reportados como diferencialmente expresados por EdgeR y algún otro método:

FIELDMANUALZk

En la sección FIELDMANUALZl, se hace un análisis de integrativo de los resultados dados por cada método, para cada par de muestras comparadas.

Si quisieran revisar todos los resultados pueden consultarlos en:

FIELDMANUALZm

FIELDMANUALZn