





#### **CURSO**

# Análisis de expresión diferencial de genes e investigación reproducible con R

Dra. Débora Torrealba Sandoval



# Clase 8

# Cálculo de valores de expresión génica



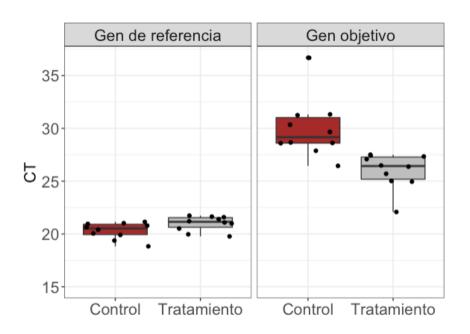
#### Plan de la clase

- Introducción de los métodos de cálculo de la expresión génica
- Actividad práctica: Análisis de expresión génica en RStudio



#### **Cuantificación relativa**

#### Gen de interés es normalizado contra gen de referencia





# Cálculo de valores de expresión génica

Existen 4 métodos principales para el calculo de la expresión génica:

- El método Delta-Delta Ct
- El método Delta Ct
- El método Pfaffl
- El método Vandesompele



# Método ΔΔC<sub>T</sub> o Livak

#### **Requisitos:**

- Muestras control
- Muestras de tratamiento
- Genes de interés y eficiencia de los cebadores
- Gen de referencia y eficiencia de los cebadores

#### **Supuestos:**

- Eficiencia de los cebadores del gen de interés y de referencia es cercano al 100% y con una diferencia del 10% entre sí.

Se normaliza la expresión génica a las muestras control y el gen de referencia



METHODS 25, 402–408 (2001) doi:10.1006/meth.2001.1262, available online at http://www.idealibrary.com on IDE L®

# Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ Method

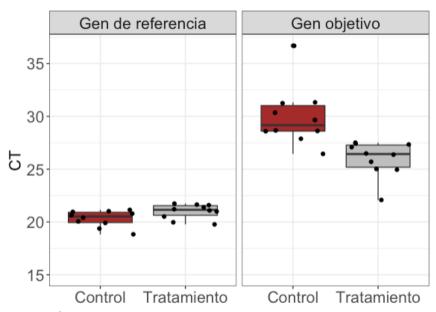
Kenneth J. Livak\* and Thomas D. Schmittgen<sup>†,1</sup>

\*Applied Biosystems, Foster City, California 94404; and †Department of Pharmaceutical Sciences, College of Pharmacy, Washington State University, Pullman, Washington 99164-6534



$$\Delta C_{T}(Control) = C_{T}(GI) - C_{T}(GR)$$

$$\Delta C_T(Tratamiento) = C_T(GI) - C_T(GR)$$



GI: gen de interés

GR: gen de referencia



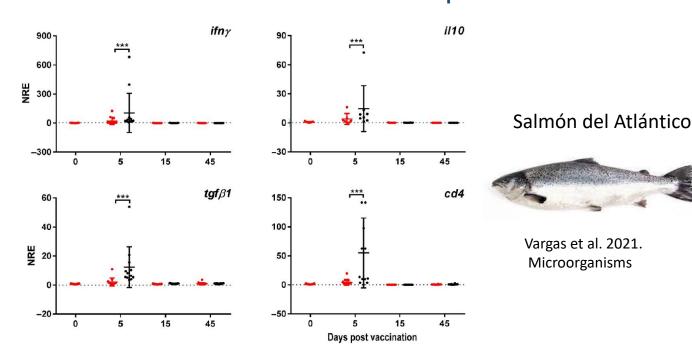
 $\Delta \Delta C_T = \Delta C_T (Tratamiento) - \Delta C_T (Control)$ 

$$2^{-\Delta\Delta}$$
 C<sub>T</sub>

#### Resultado:

Expresión génica normalizada en relación con el gen de referencia y las muestras control





NRE: Normalized relative expression

Gen de referencia: ef1a



#### **Requisitos:**

- Muestras control
- Muestras de tratamiento
- Genes de interés
- Variación del método Livak.
- Este método utiliza la diferencia entre los valores de CT de referencia y objetivo para cada muestra.

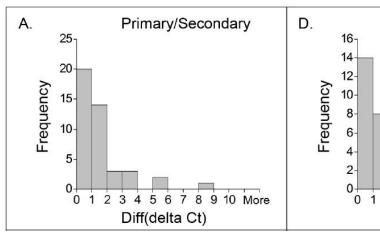


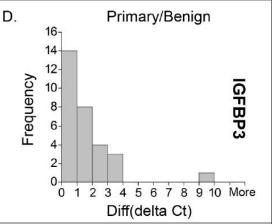
**2**ΔCt (control)- (tratamiento)

#### Resultado:

No esta normalizado. Expresión génica relativa a un calibrador







Próstata

Peng et al. 2014. PlosOne



Para dos muestras de tumor diferentes obtenidas del mismo paciente.



Dra. Débora Torrealba – https://genomics.pucv.cl

#### Método Pfaffl

- Requisitos:
- Muestras control y tratamiento
- Genes de interés y eficiencia de los cebadores
- Gen de referencia y eficiencia de los cebadores
- Supuestos:
- Eficiencia de los cebadores del gen de interés y de referencia es cercano al 100% y con una diferencia del 10% entre sí.
- Se normaliza la expresión génica a las muestras control y el gen de referencia
- Solo se puede usar un gen de referencia



#### Método Pfaffl

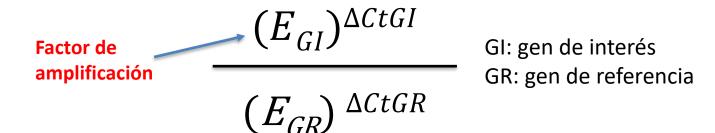
© 2001 Oxford University Press

Nucleic Acids Research, 2001, Vol. 29, No. 9 00

# A new mathematical model for relative quantification in real-time RT–PCR

Michael W. Pfaffl\*

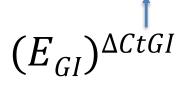
Institute of Physiology, FML-Weihenstephan, Center of Life and Food Sciences, Technical University of Munich, Germany



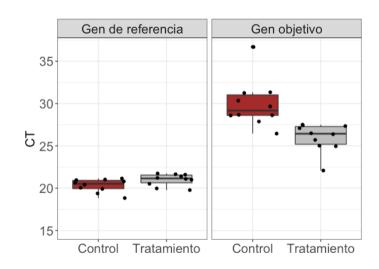


#### Método Pfaffl

Ct individual- Ct promedio C



 $(E_{GR})^{\Delta CtGR}$ 



#### Resultado:

Expresión génica normalizada en relación con el gen de referencia y las muestras control





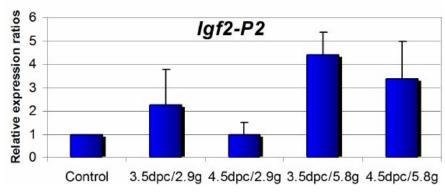
Embriones de ratón

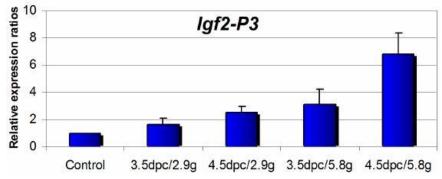
# Gen de referencia: hsp90ab1

Taseva et al. 2025. Genetics and Plant Physiology.

# PUCV (

#### El método Pfaffl





- Requisitos:
- Muestras control y tratamiento
- Genes de interés y eficiencia de los cebadores
- Genes de referencia y eficiencia de los cebadores
- Supuestos:
- Eficiencia de los cebadores del gen de interés y de referencia es cercano al 100% y con una diferencia del 10% entre sí.
- Se normaliza la expresión génica a las muestras control y a los genes de referencia
- Se pueden usar múltiples genes de referencia



Research

Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes Jo Vandesompele, Katleen De Preter, Filip Pattyn, Bruce Poppe, Nadine Van Roy, Anne De Paepe and Frank Speleman

Address: Center for Medical Genetics, Ghent University Hospital 1K5, De Pintelaan 185, B-9000 Ghent, Belgium.

Método Pfaffl

Método Vandesompele

$$(E_{GI})^{\Delta CtGI}$$

$$(E_{GI})^{\Delta CtGI}$$

$$(E_{GR})^{\Delta CtGR}$$

Media

geométrica [
$$(E_{GR})$$
  $^{\Delta CtGR}$ ]



#### Media geométrica

- Insensible a valores atípicos
- Puede manejar diferencias en los niveles de expresión entre diferentes genes de referencia

Media aritmética

Media geométrica

$$\sqrt[n]{a \times b \times c \times d}$$

$$\sqrt[4]{a \times b \times c \times d}$$



$$(E_{GI})^{\Delta CtGI}$$
 Media geométrica 
$$[(E_{GR})^{\Delta CtGR}]$$

#### Resultado:

Expresión génica multi-normalizada en relación con los genes de referencia y las muestras control



# Actividad de aprendizaje

Cálculo de valores de expresión génica en R





#### Resumen de la clase

- Revisamos los métodos más comunes para el análisis de la expresión diferencial de genes como:
- Método Delta-Delta Ct
- Método Delta Ct
- Método Pfaffl
- Método Vandesompele
- A través de R analizamos un set de datos con el método Delta-Delta CT y Pfaffl.



# Próxima clase

Clase 9: Inferencia estadística para el análisis de expresión de genes.



