

Control de calidad en transcriptómica: Heatmap y PCA

Datos generales

Código: [Definido internamente]

Duración: 2 horas

Nivel: Básico- intermedio

Idioma: Español

Fecha: 27 de febrero de 2025

Horario: 17:00 a 19:00 (centro de México)

Modalidad: Online

Descripción:

En este minicurso se explorará la relevancia de implementar gráficos como mapas de calor (heatmaps) y análisis de componentes principales (PCA) para evaluar la calidad de los datos transcriptómicos antes de proceder con análisis más avanzados, como el análisis de expresión diferencial. Durante las dos horas del curso, los participantes aprenderán a generar e interpretar estos gráficos utilizando herramientas en R y comprenderán cómo estas visualizaciones pueden identificar posibles sesgos o errores en los datos.

Pre-requisitos:

Computadora con al menos 8 GB de memoria RAM, aplicación Zoom, Computadora con permisos de administrador para poder instalar R, RStudio y los paquetes: DESeq2, ggplot2, ggplotify, ggrepel, RColorBrewer, pheatmap y dplyr.

Para quién va dirigido este mini curso:

Este curso está dirigido a estudiantes, investigadores y profesionales interesados en transcriptómica y análisis de datos ómicos, con conocimientos básicos en programación en R. Es especialmente útil para quienes trabajan con análisis de expresión génica y desean reforzar sus habilidades en control de calidad y visualización de datos transcriptómicos.

Detalles del evento:

- El evento será gratuito y exclusivo para miembros de la RMB.
- Las instrucciones de acceso serán enviadas por parte de la RMB a sus miembros activos un día previo al evento.

Actividades:

- 16:45 hrs a 17:00 hrs: Conéctate a Zoom y configura tu micrófono
- 17:00 hrs a 17:05 hrs: Introducción de parte de la Red Mexicana de Bioinformática
- 17:05 hrs a 17:15 hrs: Código de conducta y cómo usar la plataforma de Zoom
- 17:15 hrs a 17:30 hrs: Introducción al control de calidad en transcriptómica
- 17:30 hrs a 17:45 hrs: Tipos de gráficos usados en análisis del control de calidad
- 17:45 hrs a 18:00 hrs: Break
- 18:00 hrs a 18:30 hrs: Heatmap
- 18:30 hrs a 19:00 hrs: PCA

Organizadores:

[Rladies México](#)

[R ladies Capítulo Cuernavaca](#)

[R ladies Capítulo Tepic](#)

[R ladies Guanajuato](#)

[Red Mexicana de Bioinformática](#) (RMB)

Formulario de registro:

[Liga al formulario-definido por la RMB]

Nombre de los ayudantes:

Lourdes Lavinia Lavín López – lavinialavin99@gmail.com

Reseña de los instructores

Zulia Fernandina Nieves López

Profesor en la Universidad Autónoma de Nayarit. Además, estudiante de doctorado en CINVESTAV-Unidad Irapuato. Las líneas de investigación se enfocan en la comunicación de plantas y su microbioma a través de compuestos orgánicos volátiles, utilizando técnicas de análisis de datos de espectrometría de masas y plasma de baja temperatura, así como el estudio de los cambios génicos provocados por estos compuestos a través del análisis de datos transcriptómicos.

<https://github.com/ZuliaFer>



Jefa del Departamento de Bioinformática en Enfermedades Infecciosas del Centro de Investigación Sobre Enfermedades Infecciosas del Instituto Nacional de Salud Pública. Las líneas de investigación son el análisis del repertorio de anticuerpos en condiciones de salud, enfermedad y vacunación, la genómica comparativa de aislados clínicos de importancia en la salud pública, así como Metagenómica aplicada a enfermedades infecciosas.

<https://ciseibioinfo.com/>; <https://github.com/tgodoy>

