

Durana_Aritz_ADO_PEC2

Aritz Durana

9/6/2020

Contents

1	ABSTRACT	2
2	OBJETIVOS	2
3	MATERIALES Y MÉTODOS	2
3.1	Software	2
3.2	Datos	2
3.3	Workflow y métodos	2

1 ABSTRACT

Este informe trata sobre el análisis de datos de expresión RNA-seq de tres tipos de tejidos diferentes en un estudio de tiroides. Los datos se encuentran en el repositorio GTEx,¹ que contiene datos de expresión génica en diferentes tejidos.

Todos los ficheros con los datos y el código utilizados para generar este informe se pueden encontrar en un repositorio de github.²

2 OBJETIVOS

El principal objetivo de este trabajo es estudiar el efecto de los diferentes tipos de tejidos en los datos de expresión génica. Para ello se partirá de unos datos de conteo previamente preprocesados.

Por otra parte, el objetivo de esta PEC2 es la realización de un análisis de datos de RNA-seq de una manera lo más fiel posible a la realidad. De este modo, es posible aplicar los conocimientos teóricos adquiridos a un caso práctico.

3 MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Software

Para la realización de este informe se ha utilizado R (versión 3.6.2) y el interfaz RStudio. Los paquetes específicos para el análisis de datos de RNA-seq se han obtenido del proyecto Bioconductor (versión 3.6) que engloba los paquetes para análisis de datos ómicos más habituales.

3.2 Datos

Los datos de partida para este estudio son los facilitados con el enunciado del ejercicio. Se trata de un archivo con los datos de conteos ya procesados `counts.csv` y de un archivo con los grupos y las covariables `targets.csv`.

3.3 Workflow y métodos

El procedimiento general del análisis se puede resumir en los siguientes pasos. En cada paso se resume el tipo de tarea realizado y los métodos utilizados.

¹<https://www.gtexportal.org/home/>

²https://github.com/adurana/ADO_PEC2