



Universidad de Granada

**MÁSTER UNIVERSITARIO OFICIAL EN
CIENCIA DE DATOS E INGENIERÍA DE
COMPUTADORES**

**BIOLOGÍA COMPUTACIONAL CON BIG DATA-OMICS E
INGENIERÍA BIOMÉDICA**

Guión I: GDC Portal

Profesores:

Daniel Castillo Secilla

Luis Javier Herrera

Ignacio Rojas Ruiz

9 de febrero de 2021

Índice

1. Objetivos	1
2. Introducción	1
3. Pantalla de inicio y pestañas	1
4. Seleccionar, explorar y descargar datos	5
4.1. Selección y filtrado de los datos	5
4.2. Guardado de los datos como un set	10
4.3. Añadir datos al carrito y descarga	10
5. Análisis de datos dentro de GDC Portal	15

1. Objetivos

Durante el desarrollo de este guión se pretenden alcanzar los siguientes objetivos principales:

- Familiarizarse con la plataforma GDC.
- Descargar datos desde la plataforma.
- Familiarizarse con las herramientas de análisis que proporciona la propia plataforma.

2. Introducción

La iniciativa de GDC Data Portal (1) fue iniciada en Chicago y fue financiada por el gobierno de los Estados Unidos. El objetivo era poder dar acceso a los datos que se encontraban en distintos proyectos y homogeneizarlos. De esta forma no solo se presentarían en una plataforma visual y fácil de usar, si no que se podrían utilizar para análisis posteriores.

Se pueden encontrar diversos tipos de datos en GDC. Algunos requieren pedir permiso de acceso, indicando qué uso se va a hacer de los mismos, ya que pueden incorporar información personal sobre los pacientes. Sin embargo, otros son de libre acceso y serán en los que nos centraremos nosotros para trabajar.

3. Pantalla de inicio y pestañas

Cuanto accedemos a **GDC Portal** (<https://portal.gdc.cancer.gov/>), nos encontramos con la pantalla de inicio en la que se pueden ver distintas opciones. Una vista general se puede encontrar en la Figura 1.

En la parte superior podemos encontrar las distintas pestañas que dan acceso a distintas funcionalidades, las cuales se pueden observar en las Figuras 2 y 3. La funcionalidad de cada pestaña se detalla a continuación:

- **Home:** La pantalla de inicio donde nos encontramos actualmente.
- **Projects:** Acceso a los distintos proyectos que contiene la plataforma. Cada proyecto puede estar asociado a un único cáncer o varios, y puede contener un único o distintos tipos de datos.
- **Exploration:** Nos permite explorar todos los pacientes que contiene la plataforma.

- **Analysis:** Colección de herramientas de análisis que nos proporciona la propia plataforma.
- **Repository:** Visualización de todos los ficheros que contiene la plataforma, ya no por paciente.
- **Lupa:** Nos permite hacer búsquedas usando IDs de pacientes, tipos de cáncer, etc.
- **Manage Sets:** Nos permite administrar nuestros *sets* creados (qué es un *set* se explicará más adelante en este guión).
- **Login:** En el caso de haber pedido permiso para acceder a archivos que no sean públicos podremos loguearnos desde aquí.
- **Carrito de la compra:** En el carrito de la compra podremos ir añadiendo los archivos para luego descargarlos.

Ya dentro de la pantalla de inicio podemos acceder a algunas funcionalidades. A la izquierda de la pantalla, como se puede observar en la Figura 4, tenemos otro acceso a las pestañas superiores, una barra de búsqueda y algunas estadísticas de los datos que contiene GDC.

En el lado derecho, como se puede observar en la Figura 5, podemos observar una manera muy visual de seleccionar los datos de los tipos de cáncer que contiene la plataforma de GDC. Si pulsamos sobre la barra del cáncer que queremos, nos llevará a todos los pacientes que se contengan dentro de ese tipo de cáncer.

Guión I: GDC Portal

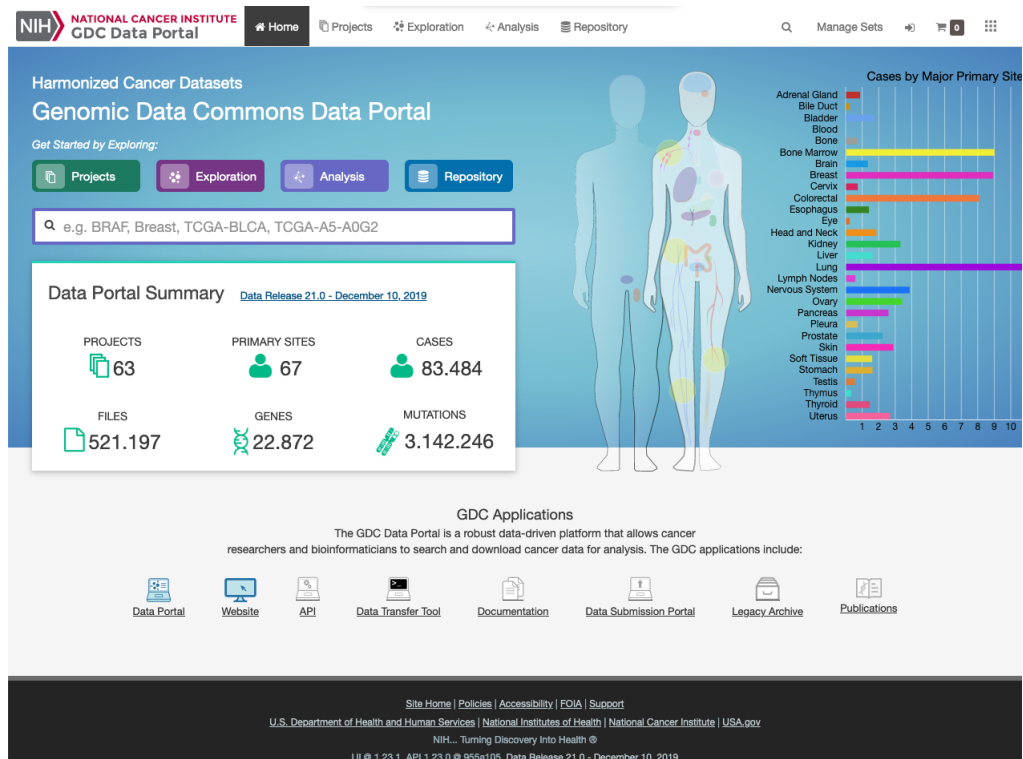


Figura 1: Pantalla de inicio del GDC Portal.



Figura 2: Primeras pestañas que nos encontramos en la parte superior.



Figura 3: Segundas pestañas que nos encontramos en la parte superior.

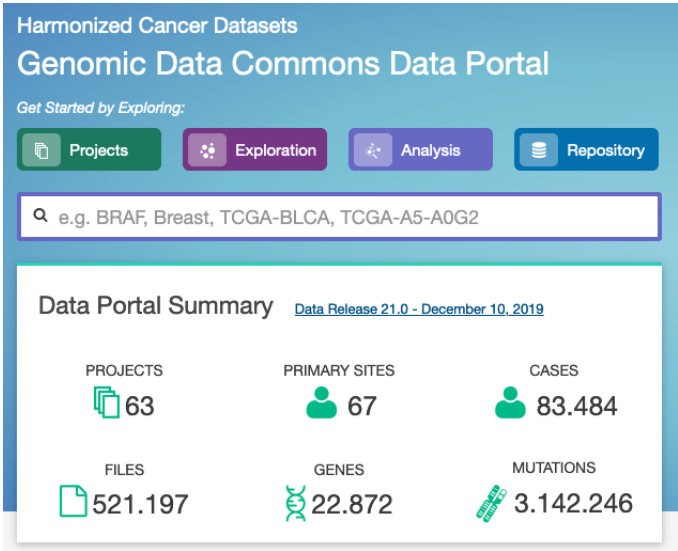


Figura 4: Barra de búsqueda y estadísticas de los datos que contiene GDC.

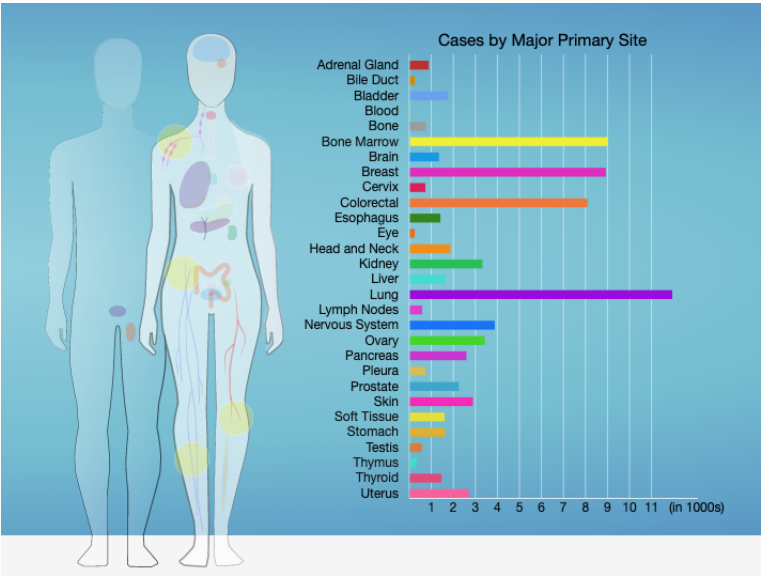


Figura 5: Visualización de todos los tipos de cáncer que contiene GDC y la cantidad de datos que se tienen de cada uno.

4. Seleccionar, explorar y descargar datos

Como ejemplo de como seleccionar, explorar y descargar datos de los pacientes vamos a usar el cáncer de pulmón. Para ello en la parte derecha de la pantalla de inicio (la que se muestra en la Figura 5) seleccionamos **Lung**.

Antes de comenzar con las distintas acciones que se pueden realizar sobre los pacientes y datos es conveniente explicar algunas reglas que siguen los datos de GDC. Los pacientes vienen identificados por un **Case ID**. Este es el identificador único del paciente (un ejemplo sería TCGA-18-3409). Cuando descarguemos los datos también descargaremos un fichero llamado **Sample Sheet** que contiene la información de los mismos. En el mismo se encuentra una columna importante, llamada **Sample ID**. Este columna contiene un string compuesto por Case ID y tres letras. El significado de las mismas es el siguiente:

- **01A**: El tejido es de tipo tumoral, es decir, la clase de ese dato es Primary Tumor.
- **01Z**: El tejido de la muestra es de metástasis.
- **11A**: El tejido de la muestra es de tejido sano, es decir, la clase del dato es Solid Tissue Normal.

De esta forma podemos saber rápidamente a qué clase pertenece ese dato de ese paciente (tumoral, metastásico o sano). Un ejemplo de un Sample Sheet se mostrará más adelante.

4.1. Selección y filtrado de los datos

Al haber seleccionado Lung anteriormente se nos llevará a una nueva pantalla que se puede observar en la Figura 6. Como se puede observar en la figura, tenemos una tabla donde para cada paciente figura la siguiente información: a qué proyecto pertenece, dónde se encuentra el tumor, el género, y los ficheros con los distintos datos (genómicos, imágenes, y otros) que se tiene del paciente. Podemos ordenarlos de mayor a menor o realizar distintas acciones con el menú de acciones superior, que se puede observar en la Figura 7.

A la izquierda de esta pantalla (figura 6) podemos observar el menú que nos permite filtrar todos los datos de la plataforma. En la parte superior del menú podemos observar como hay cuatro pestañas. Cada una de ellas nos proporcionará filtros sobre distintos aspectos. La pestaña que se encuentra abierta es **Cases**. En ella podemos observar distintos filtros que nos permitirán ajustar más los datos que queremos mostrar:

- **Primary Site:** Este primero ya se encuentra marcado y corresponde al cáncer que hemos seleccionado.
- **Program:** En este caso nos muestra los programas que contienen datos de este tipo de cáncer. Para la realización de este guión seleccionaremos TCGA (2) ya que es el programa que contiene datos tanto de RNA-Seq como de Tissue Slide.
- **Disease Type:** Nos permite seleccionar los distintos tipos de cáncer que existen dentro del cáncer global.
- **Experimental Strategy:** Permite seleccionar el tipo de datos que queremos.
- **Sample Type:** El tipo de muestras que queremos seleccionar. En nuestro caso seleccionaremos **Primary Tumor y Solid Tissue Normal**.

Una vez que ya hemos seleccionado todos estos datos en la columna, podemos observar que nos quedan 1090 casos (este número podría variar en el futuro). Ahora, si quisiésemos, podríamos filtrar por otro tipo de variables, por ejemplo clínicas. Si en la columna de la izquierda pulsamos sobre **Clinical** podemos observar como podríamos realizar otro tipo de filtrados por variables tales como demográficas, de diagnóstico, de tratamientos o de exposición.

Es de notar que se puede obtener aún información más extensa sobre los datos que ya hemos filtrado, tales como los genes más representativos dentro del filtrado, las mutaciones o las variantes que se producen. Para ello, en la parte superior de la tabla, podemos observar cuatro pestañas distintas:

- **Cases:** En ella encontramos la información de los pacientes descrita anteriormente en la tabla.
- **Genes:** En ella podemos encontrar distinta información de como se ven afectados los genes para la enfermedad que tengamos seleccionada. Se puede observar en la Figura 8. En la parte superior podemos observar dos gráficas distintas. La gráfica de la izquierda muestra los genes más frecuentemente mutados para esta enfermedad, donde el eje Y es el porcentaje de los casos que contiene GDC donde ese gen está mutado y el eje X el nombre del gen. La gráfica de la derecha representa el survival rate, donde para cada paciente se observa la supervivencia.
- **Mutations:** En ella podemos encontrar información sobre las distintas mutaciones que se han encontrado. Se puede observar en la Figura 9. En la parte superior podemos observar otra vez la gráfica de survival rate y en la parte inferior tenemos una tabla con la información de las mutaciones.

- OncoGrid:** En ella podemos observar información sobre las mutaciones y los cambios en el copy number. En ella podemos observar de forma visual usando el color azul y rojo en los casos en los que se ha perdido una base y en otros casos en los que se ha ganado. Se puede observar en la Figura 10.

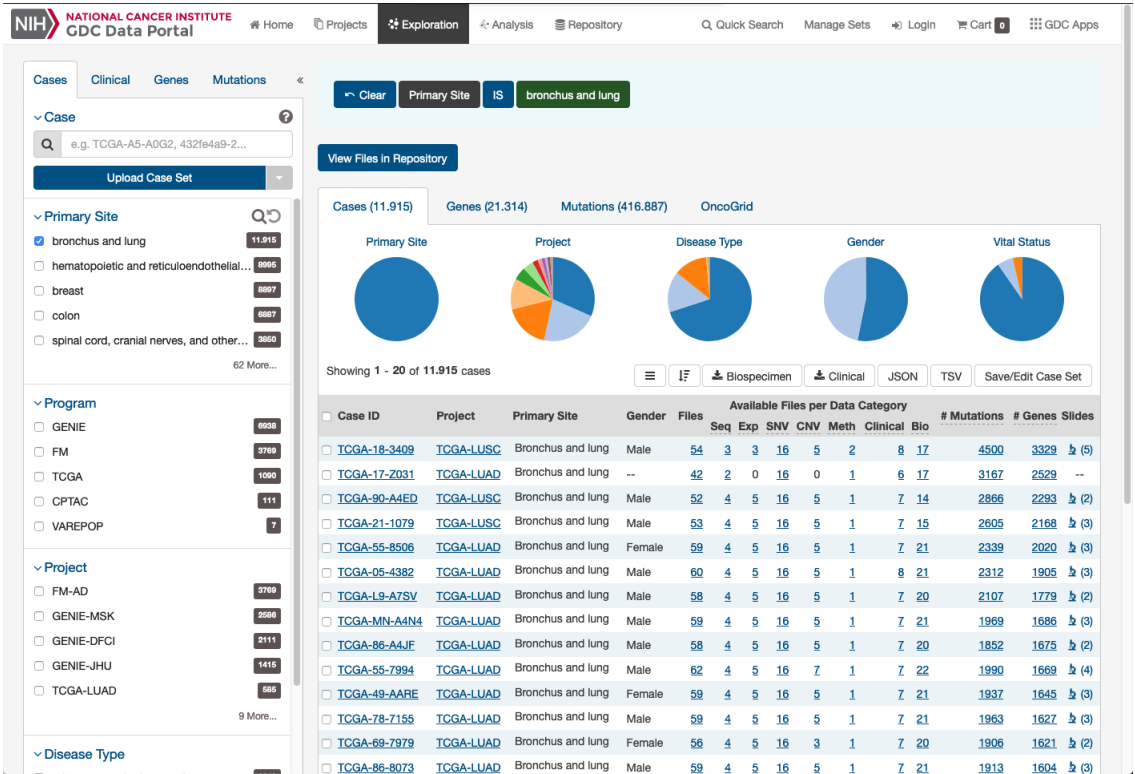


Figura 6: Todos los pacientes de Lung Cancer que se encuentran en GDC.

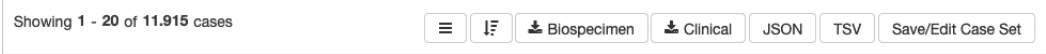


Figura 7: Acciones que se pueden realizar sobre la tabla de pacientes.

Guión I: GDC Portal

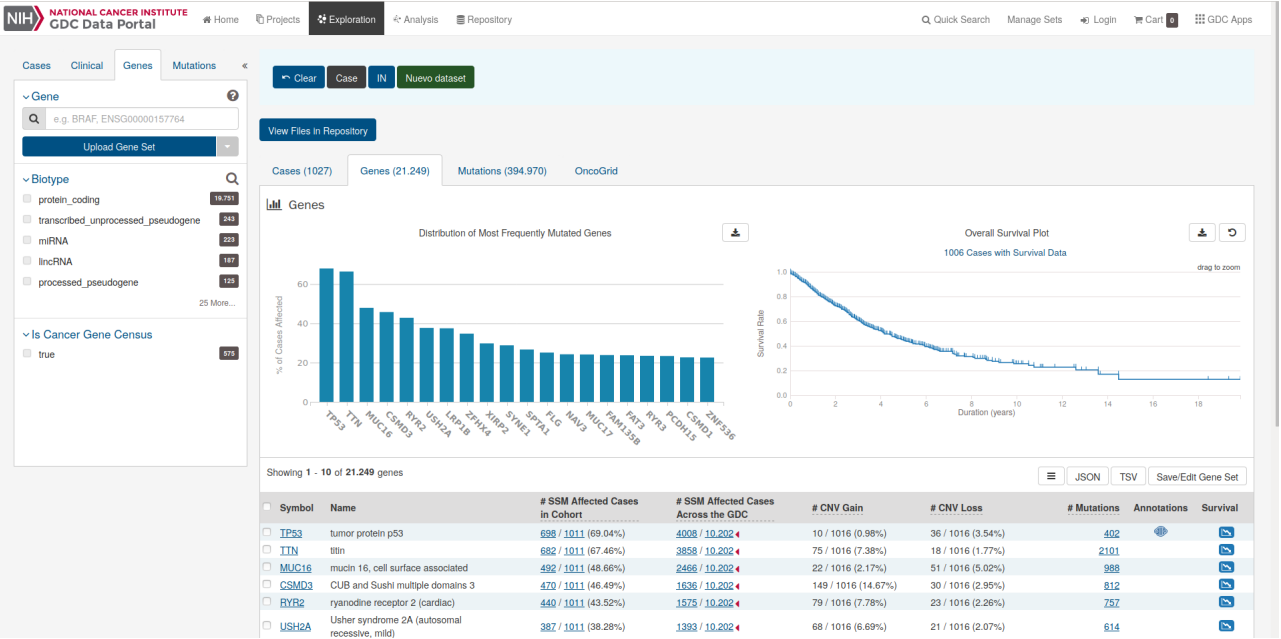


Figura 8: Pestaña de genes con los datos de los mismos, histograma de distribución y una survival plot.

Guión I: GDC Portal

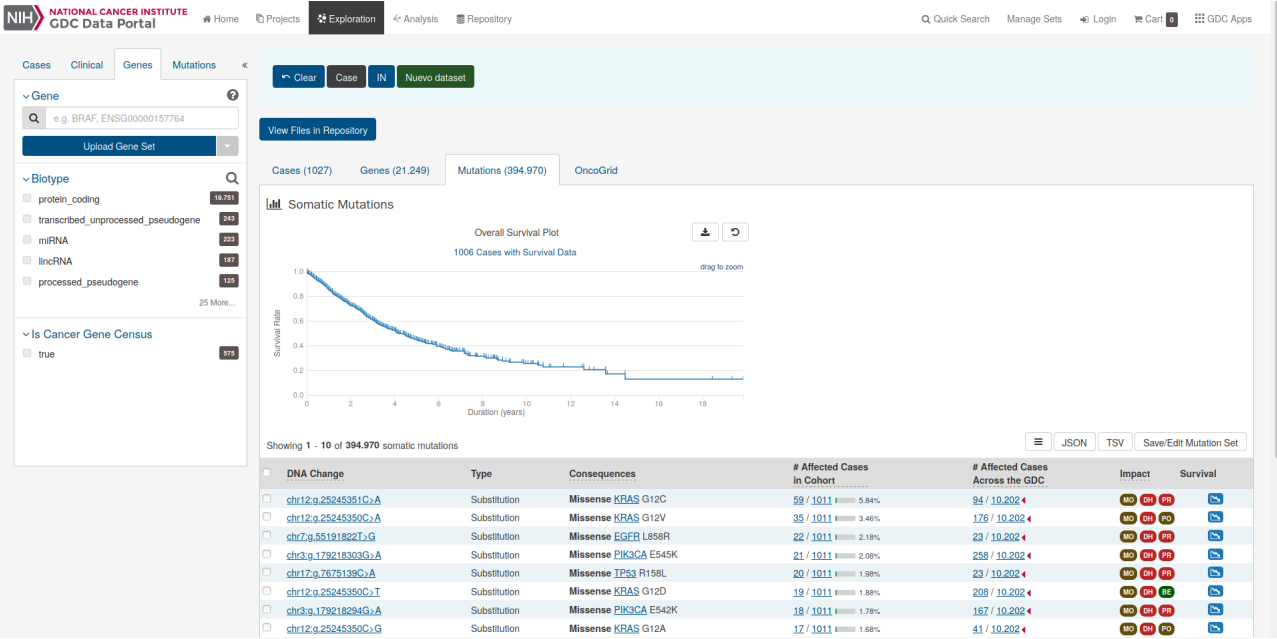


Figura 9: Pestaña de mutaciones con los datos de los mismos y gráfica de survival plot.

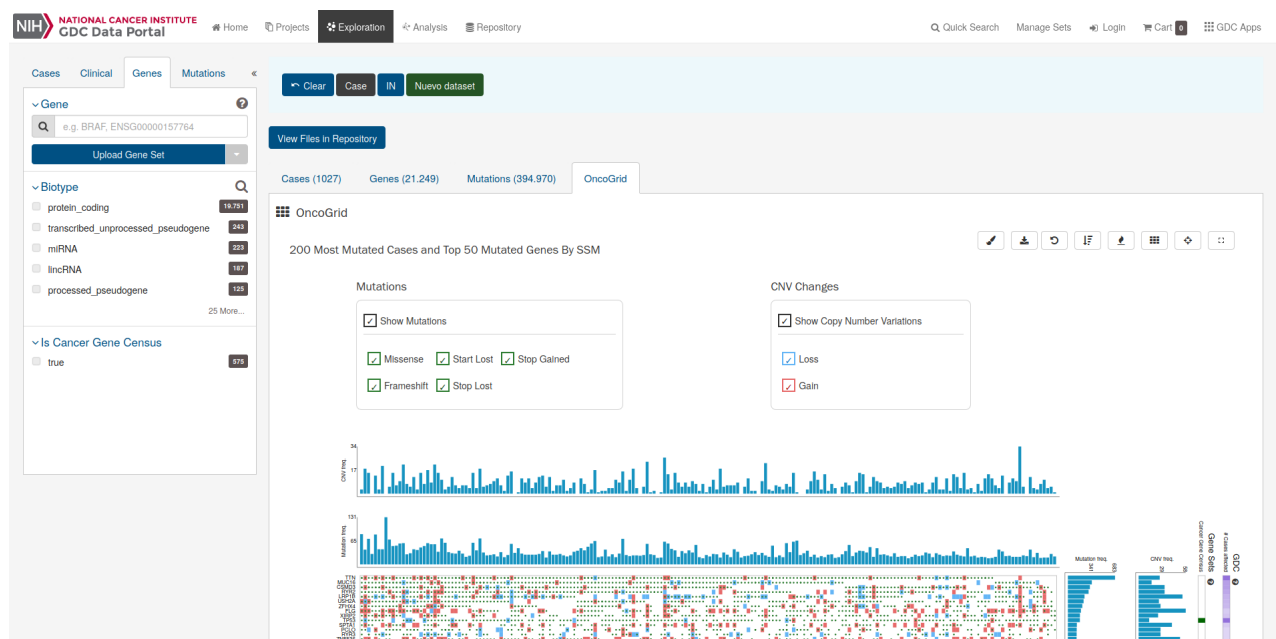


Figura 10: Pestaña de las variaciones que se producen en los genes, con el copy number. En ella observamos una gráfica donde se indica donde se ha ganado una base o se ha perdido.

4.2. Guardado de los datos como un set

Una vez que hemos realizado el filtrado y selección de los datos, guardar esta selección es de gran utilidad para no perderla y para poder hacer un análisis con las propias herramientas que nos proporciona GDC. Para ello, en el menú de la Figura 7, pulsamos sobre **Save/Edit Case Set** (parte derecha de la tabla) y a continuación en **Save as new case set**. Con esto, se nos abrirá un pop-up donde podremos seleccionar el nombre del set y el se visualizará el número de casos que tenemos seleccionados, como se puede observar en la Figura 11. Una vez rellenado el campo pulsaremos en save.

Una vez guardado podremos visualizarlo desde la barra de herramientas superior de la pantalla pulsando en **Manage Sets**, que se observa en la Figura 3.

4.3. Añadir datos al carrito y descarga

Una vez que accedemos a **Manage Sets** nos encontramos con los distintos sets que hayamos creado. Para poder ver los archivos del set que hemos creado pulsamos en

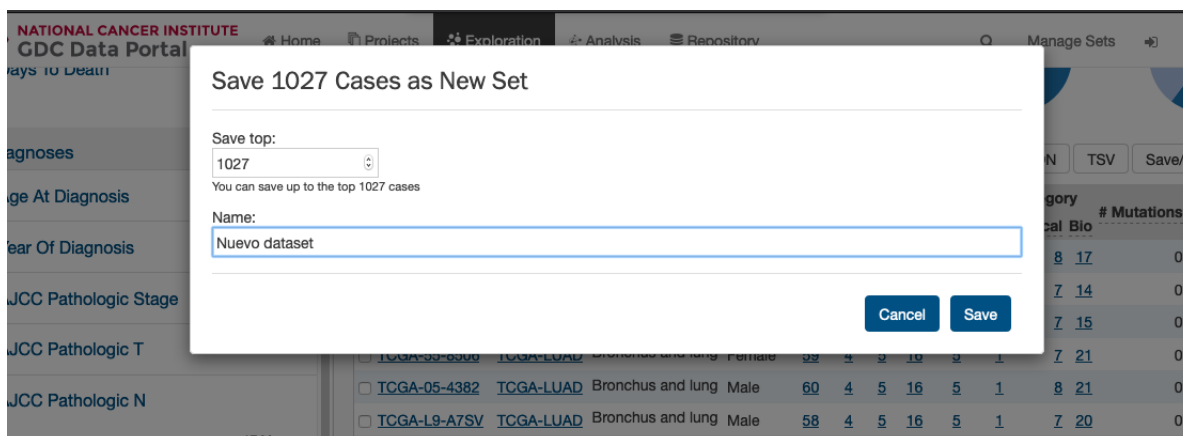


Figura 11: Pestaña para el guardado del nuevo set.

el último icono que aparece en la fila del set (**View files in repository**, icono a la derecha en la Figura 12).

Esto nos llevará a una pantalla muy similar a las que ya hemos visto, como se puede observar en la Figura 13. Podemos volver a filtrar por distintas variables, tanto de tipos de fichero como propias de los pacientes. En este caso nos vamos a centrar en la variable de **Experimental Strategy**, que se puede observar en la Figura 14. Para los siguientes guiones que realizaremos vamos a trabajar con dos tipos de datos distintos. Uno es RNA-Seq y los otros son Tissue Slides. Es por ello que vamos a filtrar dentro de nuestro set los datos que nos interesa descargar.

Comencemos con los datos de RNA-Seq. Para ello, seleccionamos RNA-Seq en la sección de **Experimental Strategy**. Una vez seleccionado se nos abrirá una nueva sección justo debajo que se llama **Workflow Type**. Los datos que nosotros utilizaremos para el análisis son los ficheros **count**, por ello seleccionaremos la opción **HTSeq-Counts**. Las opciones deberían quedar seleccionadas como se observa en la Figura 15.

Una vez que los tengamos, seleccionamos el icono del carrito que se encuentra justo a la derecha en la tabla y seleccionamos añadir todos (**Add all files to Cart**). Para ver el carrito seleccionamos en la parte superior de la pantalla el icono/pestaña del mismo nombre (**Cart**), lo que nos llevará a una nueva interfaz que se puede observar en la Figura 17. En este caso para poder descargar los datos simplemente pulsamos en el icono de **Download** y podemos descargar tanto el **Manifest**, que contiene la información del carrito (que puede ser usado también para la descarga), como los ficheros en sí. Además, es muy importante que descarguemos el **Sample**

Sheet pulsando en el icono correspondiente, ya que este contiene la información de a qué paciente corresponde cada fichero, así como la clase a la que pertenece el mismo.

Una vez ya descargados podemos limpiar el carrito y pasar a las imágenes. Para ello volvemos a nuestro set siguiendo los pasos anteriormente citados y en **Experimental Strategy** seleccionamos Tissue Slide, como se puede observar en la Figura 16. Volvemos a añadir todos los ficheros al carrito y volvemos a acceder al mismo. En este caso las imágenes son mucho más pesadas que los ficheros count. En esta situación es cuando la descarga haciendo uso del fichero **Manifest** y la herramienta **GDC Data Transfer Tool** es de gran utilidad. Justo en la página del carrito, en la esquina superior derecha tenemos un enlace con una explicación de cómo instalar y utilizar la herramienta para la descarga de los archivos. También debemos descargar el Sample Sheet para poder identificar a qué paciente corresponde cada imagen, aunque en el nombre del fichero si nos aparece en el caso de las imágenes.

Un ejemplo de como quedaría un Sample Sheet se puede observar en la Figura 18.

<input type="checkbox"/>	Entity Type	Name	# Items	
<input type="checkbox"/>	Cases	Nuevo dataset 	1027	 

Figura 12: El último icono que aparece en la barra es el que debemos pulsar para ver los archivos del set. El anterior nos baja en fichero TSV la información de los pacientes del set.

Guión I: GDC Portal

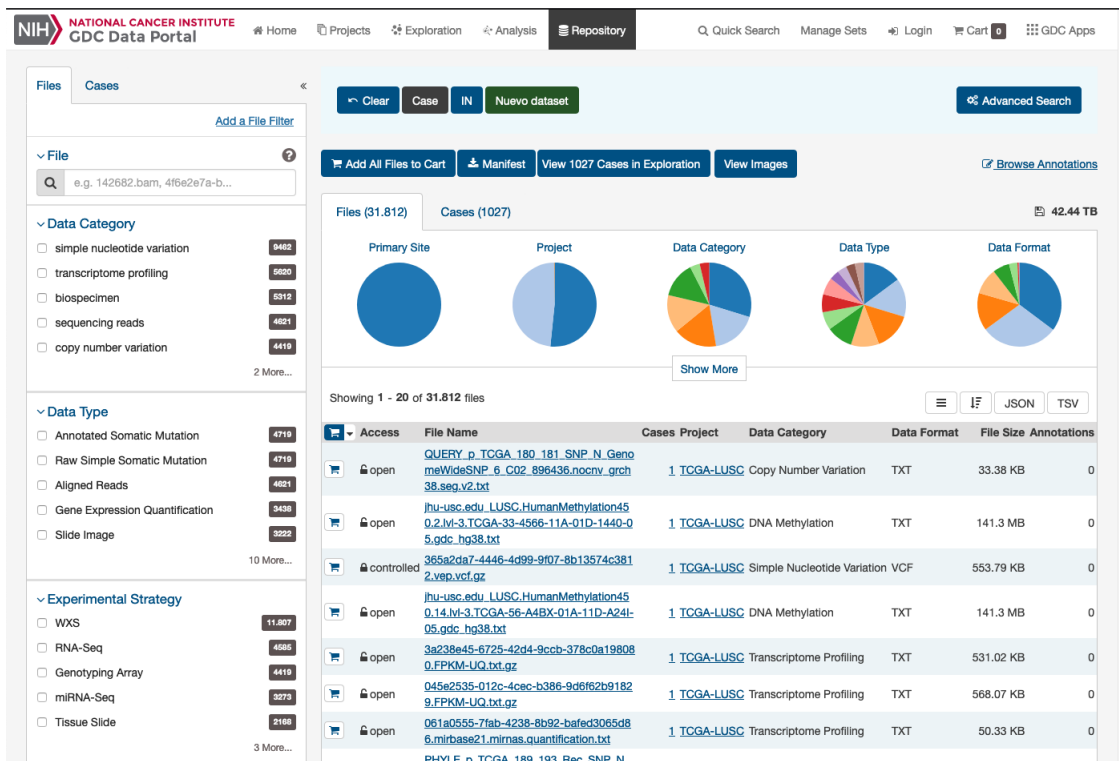


Figura 13: Pantalla de inicio de los datos que componen el set.

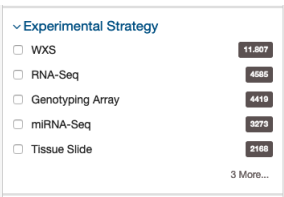


Figura 14: Distintos tipos de datos que podemos filtrar.

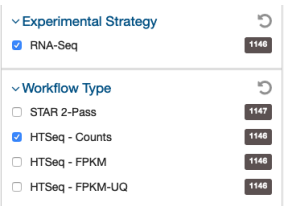


Figura 15: Para descargar los datos de RNA-Seq seleccionamos RNA-Seq en **Experimental Strategy** y luego en **Workflow Type** seleccionamos HTSeq-Counts.



Figura 16: Para descargar los datos que corresponden a las imágenes seleccionamos Tissue Slide en **Experimental Strategy**.

FILES
1146

CASES
1017

FILE SIZE
290.93 MB

File Counts by Project

Project	Cases (n=1017)	Files (n=1146)	File Size (1-290.93 MB)
TCGA-LUAD	515	594	150.4 MB
TCGA-LUSC	501	551	140.28 MB
TCGA-MESO	1	1	253.31 KB

File Counts by Authorization Level

Level	Files (n=1146)	File Size (1-290.93 MB)
Authorized	1146	290.93 MB

How to download files in my Cart?

Download Manifest:
Download a manifest for use with the [GDC Data Transfer Tool](#). The GDC Data Transfer Tool is recommended for transferring large volumes of data.

Download Cart:
Download Files in your Cart directly from the Web Browser.

Biospecimen

Clinical

Sample Sheet

Metadata

Download

Remove From Cart

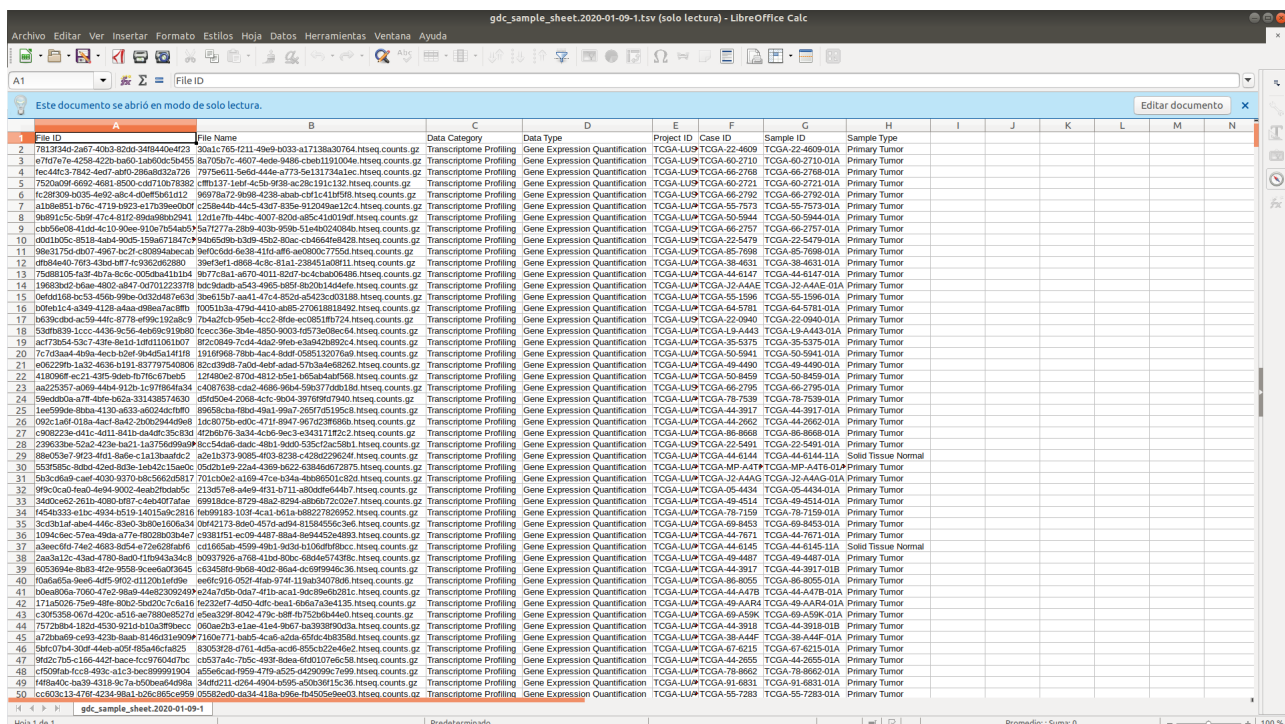
Cart Items

Showing 1 - 20 of 1146 files

Access	File Name	Cases	Project	Data Category	Data Format	File Size	Annotations
	30a1c765-f211-49e9-b033-a17138a30764.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	257.03 KB	0
	8a705b7c-4607-4ede-9486-cbeb1191004e.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	255.8 KB	1
	7975e611-5e6d-444e-a773-5e131734a1ec.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	256.82 KB	0
	cfff137-1ebf-4c5b-9f38-ac28c191c132.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	258.37 KB	1
	96978a72-9b98-4238-abab-cbf1c41bf5f8.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	254.41 KB	0
	c258e44b-44c5-43d7-835e-912049ae12c4.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	252.63 KB	1
	12d1e7fb-44bc-4007-820d-a85c41d019df.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	249.25 KB	0
	5a7f277a-28b9-403b-959b-51e4b024084b.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	255.2 KB	0
	94b65d9b-b3d9-45b2-80ac-cb4664fe8428.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	252.76 KB	0
	9ef0c6dd-6e38-41fd-aff6-ae0800c7755d.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	258 KB	0
	39ef3ef1-d868-4c8c-81a1-238451a08f11.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	246.71 KB	1
	9b77c8a1-a670-4011-82d7-bc4cbab06486.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	255.06 KB	2
	bdc9dad6-a543-4965-b85f-8b20b14d4efe.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	255.24 KB	0
	3be615b7-aa41-47c4-852d-a5423cd03188.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	250.58 KB	0
	f0051b3a-479d-4410-ab85-270618818492.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUAD	Transcriptome Profiling	TXT	246.69 KB	0
	7b4a2fcb-95eb-4cc2-8fde-ac0851fb724.htseq.counts.gz	1	TCGA-LUSC	Transcriptome Profiling	TXT	255.02 KB	0

Figura 17: Pantalla del carrito. Como podemos observar se encuentran todos los ficheros que hemos añadido junto con información de los mismos.

Guión I: GDC Portal



File ID	File Name	Data Category	Data Type	Project ID	Case ID	Sample ID	Sample Type
7813f340-2ae7-40b3-82bd-3495440e4223	30a1c705-1211-49e9-b033-a17138a30764	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-22-4609	TCGA-22-4609-01A	Primary Tumor
67617e7a-4258-422b-4a6b-1a900a3c9459	8a70591c-4607-4d4b-9489-c4e01191004e	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-60-2710	TCGA-60-2710-01A	Primary Tumor
4ec4f4c3-7842-4ed7-abf0-286a8d32a726	7975e611-56d4-444e-a773-5e131734a1e1	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-66-2768	TCGA-66-2768-01A	Primary Tumor
7520a09f-6692-4681-8500-c0a710b7b882	c7f01371-1e4f-4c5b-9f38-ac28c191c132	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-60-2721	TCGA-60-2721-01A	Primary Tumor
6c28300a-4025-4e92-a8c4-c40f9e0d1112	9697b722-8698-423b-a9ab-c9141d9f50	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-66-2792	TCGA-66-2792-01A	Primary Tumor
a1a0e851-b76c-4719-b823-e13703ee00cf	c259844b-44c5-43d7-835e-912049ae12c4	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-55-7573	TCGA-55-7573-01A	Primary Tumor
9a8921c5-509f-417c-8122-89a4980b2941	12d1e77b-4d0c-4007-820d-a85c-41d019df	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-50-5944	TCGA-50-5944-01A	Primary Tumor
c8b5e0e8-416d-4c10-90ee-9106-fc9362a62880	5a17277a-2868-403b-950b-51e46024084b	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-66-2757	TCGA-66-2757-01A	Primary Tumor
0d0110c5-851b-4ab4-2905-159a0f719d7f	94d455e8-93d9-4b92-80ac-c4d6d46e4281	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-22-5479	TCGA-22-5479-01A	Primary Tumor
08a1375d-d807-4967-bc2f-c8089a4baccab	9ef0c50d-6e38-411d-a8fe-ae0800c-7755d1	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-85-7698	TCGA-85-7698-01A	Primary Tumor
12fb84e40-7813-43bd-b07f-fc9362a62880	39a13e1f-b868-4c3c-81a1-238451a08f11	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-38-4631	TCGA-38-4631-01A	Primary Tumor
75d80105-423f-4d7a-8dc0-005b0a411b1a	9b77c0a1-ae70-4011-6207-bc4c0a8b468b	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-6147	TCGA-44-6147-01A	Primary Tumor
196830c5-b5ae-4802-4847-00701223378f	bdc3d0ab-4543-4965-b05f-8b20b1404efe	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-32-44AE	TCGA-32-44AE-01A	Primary Tumor
0e0af169-bc33-456b-990e-0d32d8e763d3	3be01507-aad1-47c4-852d-a5423c033188	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-55-1596	TCGA-55-1596-01A	Primary Tumor
0d0f0c1c-a349-412b-84aa-d89ea7ac8ff0	70051d3a-479d-4410-a885-270618018492	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-64-5781	TCGA-64-5781-01A	Primary Tumor
0530c8d4-acc5-4446-8773-ef9fc91302a9	7b4a2c09-996f-4c22-88ae-ec08518b724	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-22-0940	TCGA-22-0940-01A	Primary Tumor
53d7a833-1c99-4436-9c5b-4e696c919180	1ccc30e-3b4e-4850-9003-f0573d0bc64	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-L9-AA43	TCGA-L9-AA43-01A	Primary Tumor
ac7f8754-53e7-43fe-ba1e-10b110106107	8f2c0949-7c3d-40a2-99e6-e3a942b692c4	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-35-5375	TCGA-35-5375-01A	Primary Tumor
7c713d4a-40ba-4ecb-12d4-9a4da51411f9	19109968-780b-4c4a-b0d9-09851320716f	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-50-5941	TCGA-50-5941-01A	Primary Tumor
0e02299f-1a32-4636-8191-837797540806	82c33908-7a0d-4aef-adad-57b3a4e68262	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-49-4490	TCGA-49-4490-01A	Primary Tumor
1401908f-e231-4395-9a0b-b70c47b0e45	12f40a02-7f04-4812-05e1-b65ba4a7568	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-50-8459	TCGA-50-8459-01A	Primary Tumor
ba225357-a099-404a-912b-1c978648a34	c403703b-c24c-4698-99d4-59b3770d018f	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-66-2795	TCGA-66-2795-01A	Primary Tumor
05a8db0a-a7ff-4dfe-b62a-331438574830	05f0504a-2068-4cfc-9004-39769d7940	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-78-7539	TCGA-78-7539-01A	Primary Tumor
1ee5990a-8baa-4130-a633-a80204dc0f80	89658c8a-bfbd-49d1-99a7-265f7d5195c8	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-3917	TCGA-44-3917-01A	Primary Tumor
06021a0f-018a-4ac1-b542-2b0c2944d9e8	1dc607b0-ae0c-4711-8947-967c239f80b	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-2662	TCGA-44-2662-01A	Primary Tumor
c90222c-d41c-4111-941b-84dc4c35c931	4229b07b-3a3a-4c2e-bc63-e343117f72c2	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-86-8668	TCGA-86-8668-01A	Primary Tumor
239633ba-52a2-432e-ba2f-1a3756d958a9	8cc54a65-dadc-4801-9d05-535c2ac58b1	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-22-5491	TCGA-22-5491-01A	Primary Tumor
88e653e1-f923-4e11-8a6e-c1a13baafdc2	a2e16373-8085-4f03-8238-c428d29624f	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-6144	TCGA-44-6144-11A	Solid Tissue Normal
5538585-8d8d-42ed-3a6c-1ed42c15a0e2	05c2b09f-22e4-4369-b022-63846b672875	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-MP-A17F	TCGA-MP-A17F-01A	Solid Tissue Normal
53c3b0a9-caef-4300-9370-b6c56020e817	701c0a02-6169-474e-b34a-40b68051c824	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-32-AAAG	TCGA-32-AAAG-01A	Primary Tumor
99fc0ca0-fea0-4e94-9002-4ea22b0da5fc	213c57e8-a4ef-4f31-b711-a800df644b7	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-05-4434	TCGA-05-4434-01A	Primary Tumor
340dc0c2-2610-4080-0b97-c4e40a778aae	699130ce-8729-48a2-8294-a8b6b72c0287	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-49-4514	TCGA-49-4514-01A	Primary Tumor
1543a333-e13c-4934-1619-1a015a9c7916	98f99163-102f-4c41-161a-b89277690652	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-78-7159	TCGA-78-7159-01A	Primary Tumor
3c0d81a1-2b4d-438c-3b0d01606a34	0642173-8ae0-457d-a9f4-815845563e8	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-69-8453	TCGA-69-8453-01A	Primary Tumor
1094c6ee-57ea-49da-a77e-f020803b4e7	19361f5f-ae09-4a87-88a4-8e94452e4893	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-7671	TCGA-44-7671-01A	Primary Tumor
c3ee0d91-74e2-4693-8a5a-e726c28f8aef	c316650a-4599-49b1-9d04-0106a0f8cc	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-6145	TCGA-44-6145-11A	Solid Tissue Normal
2ba3a12c-43ad-478d-8a0f-119d943a34c8	00597206-7f68-41b8-80bc-684e547439c	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-49-4487	TCGA-49-4487-01A	Primary Tumor
6053694e-8b83-472e-955b-9ceea0f3645	c534589f-8068-4042-894d-8c699946c36	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-3917	TCGA-44-3917-01B	Primary Tumor
07a05a5e-9eaf-40f5-802d-41120a1e0f0e	ee0cf916-057f-4949-974f-113ba3070b78	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-86-8625	TCGA-86-8625-01A	Primary Tumor
00a0a00a-7060-4760-98a8-44e4c2002499	c2a7a7d9-05a7-471b-acd1-9e39b6b2031c	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-AA7B	TCGA-44-AA7B-01A	Primary Tumor
171a5052-75e0-480e-800e-5bdc20c7c6a16	1e232f27-4650-4dcf-bea1-6b6a7a3e4135	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-49-AA9A	TCGA-49-AA9A-01A	Primary Tumor
33073594-067d-420c-451e-ae78809b557b	95ea329f-8042-479c-b8f7-7529b64460	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-69-A59K	TCGA-69-A59K-01A	Primary Tumor
73728b4a-1d2d-433a-921d-e10a39b9ccc	060a0a33-e1ae-41e4-9b67-ba3938993d34	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-3918	TCGA-44-3918-01B	Primary Tumor
47a2b0d9-ce93-423b-8ba8-8146c31e0909	710e7711-ba05-4c4b-a2da-65dc4b8358d	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-38-AA4F	TCGA-38-AA4F-01A	Primary Tumor
46c07b7a-30af-4a6b-405f-85844cfa825	83053f28-d761-4d5a-ac0e-85c5c22e40e2	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-67-4215	TCGA-67-4215-01A	Primary Tumor
96d27b5c-1166-4a29-ba6c-fc97040767c	c937374b-7525-493f-849e-680376c5f58	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-44-2655	TCGA-44-2655-01A	Primary Tumor
4fc50fab-f0c8-493c-a1c3-bce89991304	a556e6ad-9599-4799-a525-4c29099c7e99	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-78-8662	TCGA-78-8662-01A	Primary Tumor
4f88a40c-8a3c-4318-9c7a-b50bea04098a	34d012d1-0264-9044-b595-a50b36f15c36	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-91-6831	TCGA-91-6831-01A	Primary Tumor
cc0c3c13-478f-4234-98a1-b20c9c85e959	05952e0d-0a34-419a-b9be-b5405e0e03c	htseq counts	Transcriptome Profiling	TCGA-LU9	TCGA-55-7283	TCGA-55-7283-01A	Primary Tumor

Figura 18: Ejemplo de Shample Sheet descargado con datos de RNA-Seq.

5. Análisis de datos dentro de GDC Portal

Una vez que ya hemos creado nuestro set(ver figura 12), podemos realizar un análisis de los datos dentro de la propia plataforma. Para ello en la barra superior pulsamos en **Analysis**, opción que se observa en la Figura 2.

Una vez hemos pulsado, podemos observar la pantalla de inicio con tres opciones distintas, como se puede observar en la Figura 19:

- **Set Operations:** Aplicar operaciones tales como intersección o unión entre distintos sets que hayamos creado.
- **Cohort Comparison:** En este caso compararíamos variables entre dos sets distintos, utilizando uno como control, y ver las diferencias con otro set.
- **Clinical Data Analysis:** Muestra varias gráficas y podemos realizar un análisis de un set.

Cada una de las opciones tiene una opción de **Demo** donde podemos navegar por las distintas funciones que hay dentro de cada opción. En nuestro caso, con nuestro set

creado, vamos a profundizar en las opciones que se nos presentan dentro de **Clinical Data Analysis**. Para ello pulsamos en su **Select**, y a continuación seleccionamos nuestro set y pulsamos en **Run**.

Esto nos llevará a una nueva interfaz que se puede observar en la Figura 20. A la izquierda podemos observar distintos filtros opciones que se pueden activar o desactivar dentro de las categorías de: Demographic, Diagnosis, Treatment y Exposure. Cada una que activemos añadirá una nueva gráfica en el panel de la derecha. Si desactivamos, desaparecerá del panel. Cada gráfica en sí puede descargarse los datos, la gráfica en sí o actualizar la misma, realizar zoom dentro de la gráfica y cambiar de tipo de gráfica dentro de una misma variable. Un ejemplo se puede observar en la Figura 21, donde pasamos de ver un histograma (que se observa en la Figura 20) a la gráfica del survival rate.

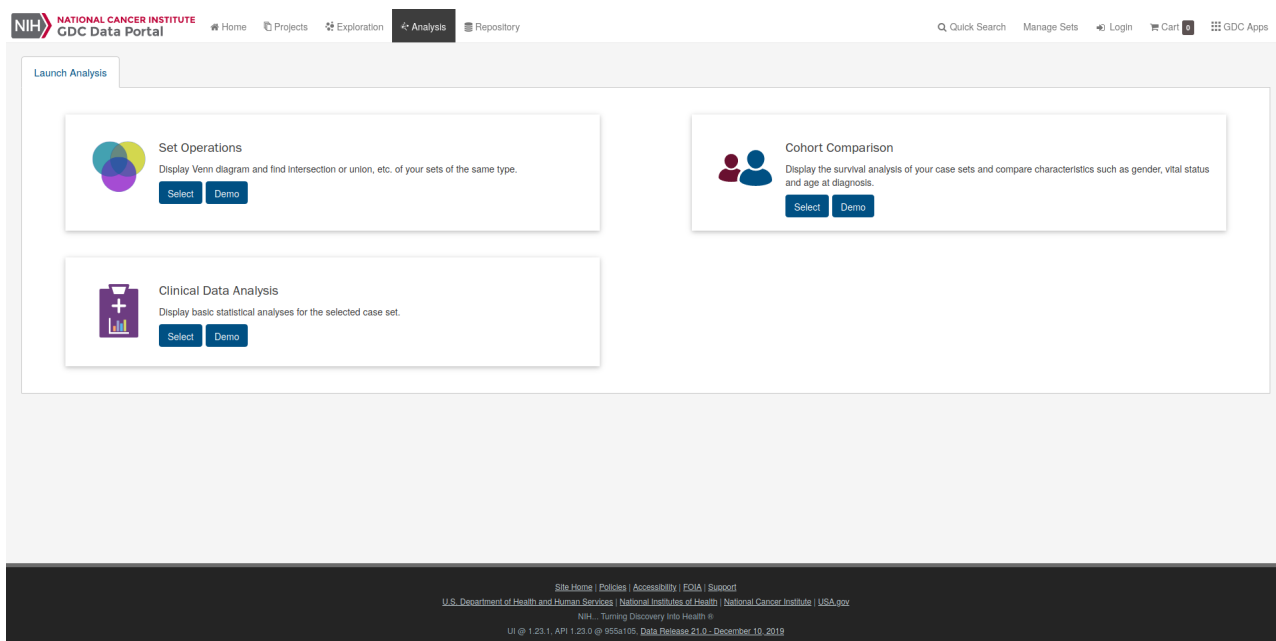


Figura 19: Pantalla de inicio de Analysis, con las distintas opciones.

Guión I: GDC Portal

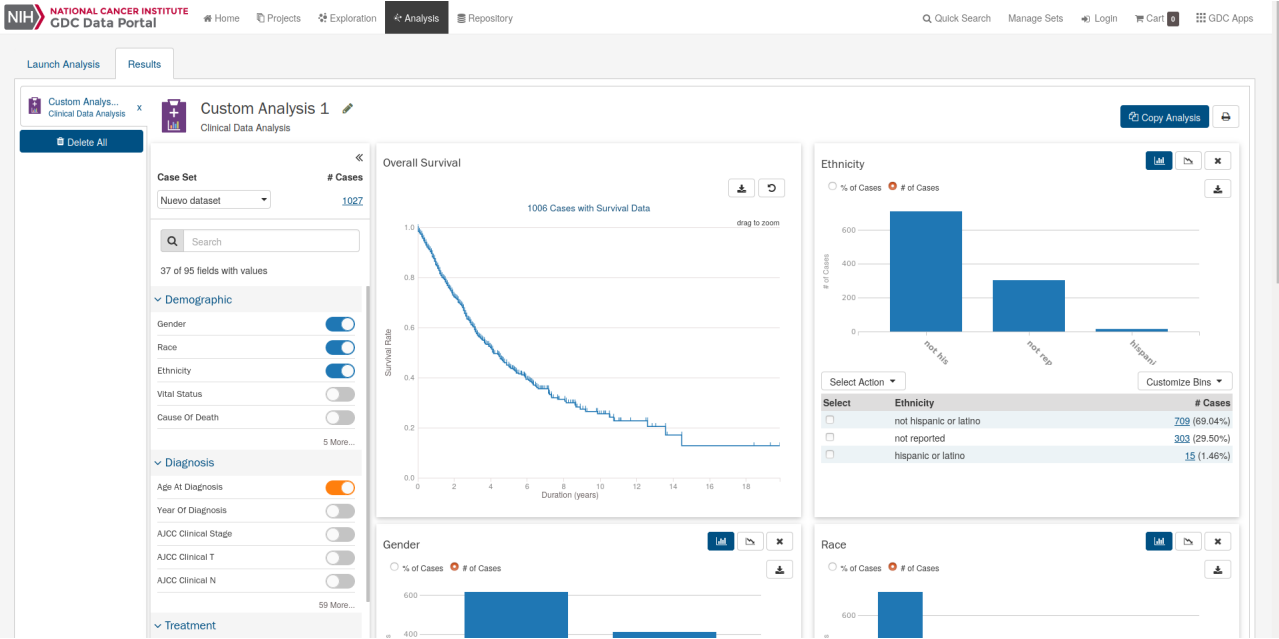


Figura 20: Pantalla análisis clínico donde podemos encontrar distintas opciones a la izquierda y las gráficas a la derecha.

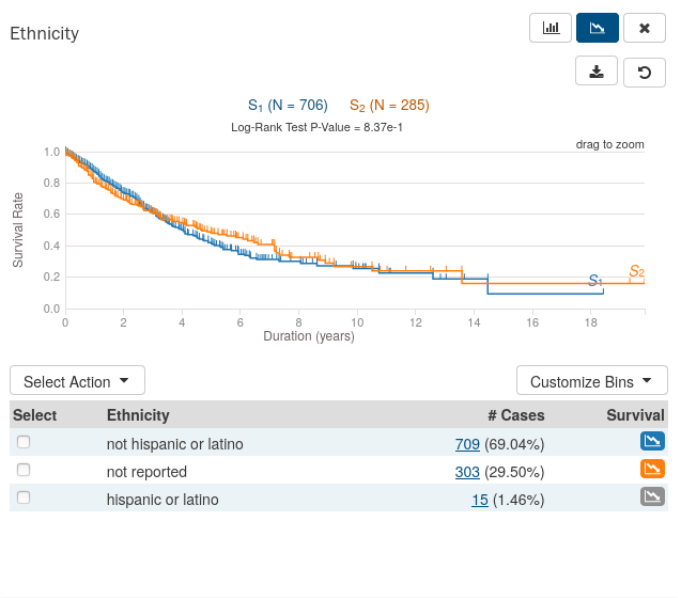


Figura 21: Ejemplo de gráfica donde podemos encontrar distintas opciones en la parte superior e inferior.

Referencias

- [1] Grossman, R. L., Heath, A. P., Ferretti, V., Varmus, H. E., Lowy, D. R., Kibbe, W. A., & Staudt, L. M. (2016). Toward a shared vision for cancer genomic data. *New England Journal of Medicine*, 375(12), 1109-1112.
- [2] TCGA Research Network. <https://www.cancer.gov/tcga>