

Hola a todos y todas

Veo que muchas de las preguntas que surgen en el foro y en los debates son muy interesantes y supongo que os van aclarando algunas dudas que os van surgiendo.

Os comento algunas de las cosas que me gustaría enfatizar

- Estructura del informe: En la propuesta ya se explica cual debe ser, pero me gustaría insistir en que no tiene que ser del estilo de los casos de estudio, en donde aparece todo el código de R, los mensajes, los resultados allí donde se calculan.
Podéis poner el código y los resultados que creáis necesario, pero mi consejo es que si queréis facilitar el código lo hagáis:
 - (1) En un apéndice al final del informe
 - (2) En un repositorio de github, donde podéis colocar todo lo necesario , para asegurar la reproducibilidad del estudio. Tan sólo hace falta que coloquéis el enlace al repositorio.
- ¿Qué sistema debéis usar para elaborar el informe? Mi consejo es que os baséis en Rmarkdown. Esto es así por muchos motivos, porque es un sistema muy potente, porque os proporciona una competencia de lo más importante en la práctica de la bioinformática y la ciencia de datos. Dicho ésto, recordemos que no deja de ser una competencia complementaria por lo que, si no quedáis satisfechos son RMarkdown podéis probar otros sistemas, como Latex o incluso, en último extremo, Word o Libre office.
- Si habéis consultado el "Caso de estudio 1" habréis visto que hemos utilizado el paquete *ReactomePA* para el análisis de la significación biológica mientras que en los apuntes se utiliza el paquete *GOSTats*, más antiguo.
Cada paquete tiene sus puntos fuertes y sus limitaciones y cuesta mucho encontrar una solución óptima. Si hubiéramos redactado el Case_Study o los materiales hoy en día (2020) no habríamos utilizado ni el uno ni el otro sino que nos habríamos basado en el paquete *clusterProfiler*, que no sólo es excelente sino que tiene una documentación fabulosa (<https://yulab-smu.github.io/clusterProfiler-book/>), por lo que mi consejo es que **uséis este paquete para hacer vuestros análisis**.
Y antes de que nadie se queje 😊 recordad que el análisis de pathways no es lo mismo que los análisis estadísticos sino que es un conjunto de aproximaciones pensadas para ayudar a la interpretación de los resultados, mucho más heterogénea que éstos
En enlace que os muestro a continuación encontraréis un breve *overview* del tema con sugerencias sobre cómo hacer este tipo de análisis con varias herramientas de distintos tipos.

https://uebvhir.github.io/Pathway_Analysis-Guidelines/