

¿QUÉ HE APRENDIDO?

Estoy muy contenta de haber realizado esta asignatura porque tengo la sensación de que he aprendido mucho en este poco tiempo. En concreto, me he familiarizado aún más con los comandos de la terminal de Linux que si finalmente me dedico a esto tendré que dominarlos muy bien. También he aprendido a realizar *plots* con el paquete *ggplot2*, un paquete que encuentro muy útil y que es necesario entender si quieres hacer gráficos complejos o no utilizar Excel. Por otro lado, también he aprendido que en los análisis de datos son tan importantes los pasos de análisis de datos y representación, como los de preparar los datos para que estos tengan una buena calidad y que el análisis posterior sea representativo. Una de las cosas que me ha gustado mucho aprender a utilizar es Overleaf porque creo que es una herramienta muy útil porque tu escribes el contenido y el solo te lo pone con el formato correcto, sin tener que pasarte horas y horas poniendo las cosas bien. Aunque, yo creo que Overleaf puede realizar muchas más cosas de las que hemos visto, nos ha ayudado a entrar un poco en ese mundo y si finalmente nos acostumbramos a utilizarlo, poco a poco iremos aprendiendo nuevos comandos de este lenguaje.

Respecto a las conferencias, me han parecido muy interesantes porque hemos podido ver, a partir de personas que se dedican a ello y que se ve que les gusta hacerlo, diferentes aspectos de la bioinformática que no habíamos visto hasta ahora. Por ejemplo, durante toda la carrera, en ninguna asignatura nos habían explicado que en función de que región está la doble cadena de DNA en el nucleosoma se va a mutar más o menos. Me gustaría destacar que la conferencia de Edgar Garriga fue muy útil porque nos permitió ver que, si finalmente estudiamos un doctorado, también hay más vida aparte de eso y que no todo se rige por una nota, que es lo que nos han hecho pensar durante la gran mayoría de nuestra educación.

A partir de lo aprendido en las diferentes prácticas y la base que obtuve durante las prácticas externas, he podido programar un script para extraer información de la base de datos OMIM de diferentes genes, datos que necesito para el trabajo de final de grado (TFG). Una parte de mi TFG consiste en realizar una tabla donde recojo los genes que he encontrado, a partir de búsquedas bibliográficas, que tienen un efecto sobre la infertilidad femenina y de estos genes tengo que buscar su id en OMIM, si tiene algún fenotípico clínico asociado y su posición cromosómica, entre otros. Debido a que la cantidad de genes a analizar es bastante grande, he decidido realizar un script para obtenerlos utilizando el paquete de R *bioMart* que me permite extraer datos de OMIM, entre otros, de diferentes genes que se le indican. El input de este script es una lista de genes y el output un archivo en formato txt con todos los datos de interés que se exportarán a Excel.

Finalmente, esta asignatura me está haciendo tirar un poco más hacia el mundo de la bioinformática porque he visto que también se puede hacer investigación clínica a parte de analizar datos. Me gustaría destacar que me ha ayudado a comprobar que me gustaría dedicarme antes al mundo de la investigación clínica que al mundo de la evolución.