Análisis transcriptómicos de la expresión génica

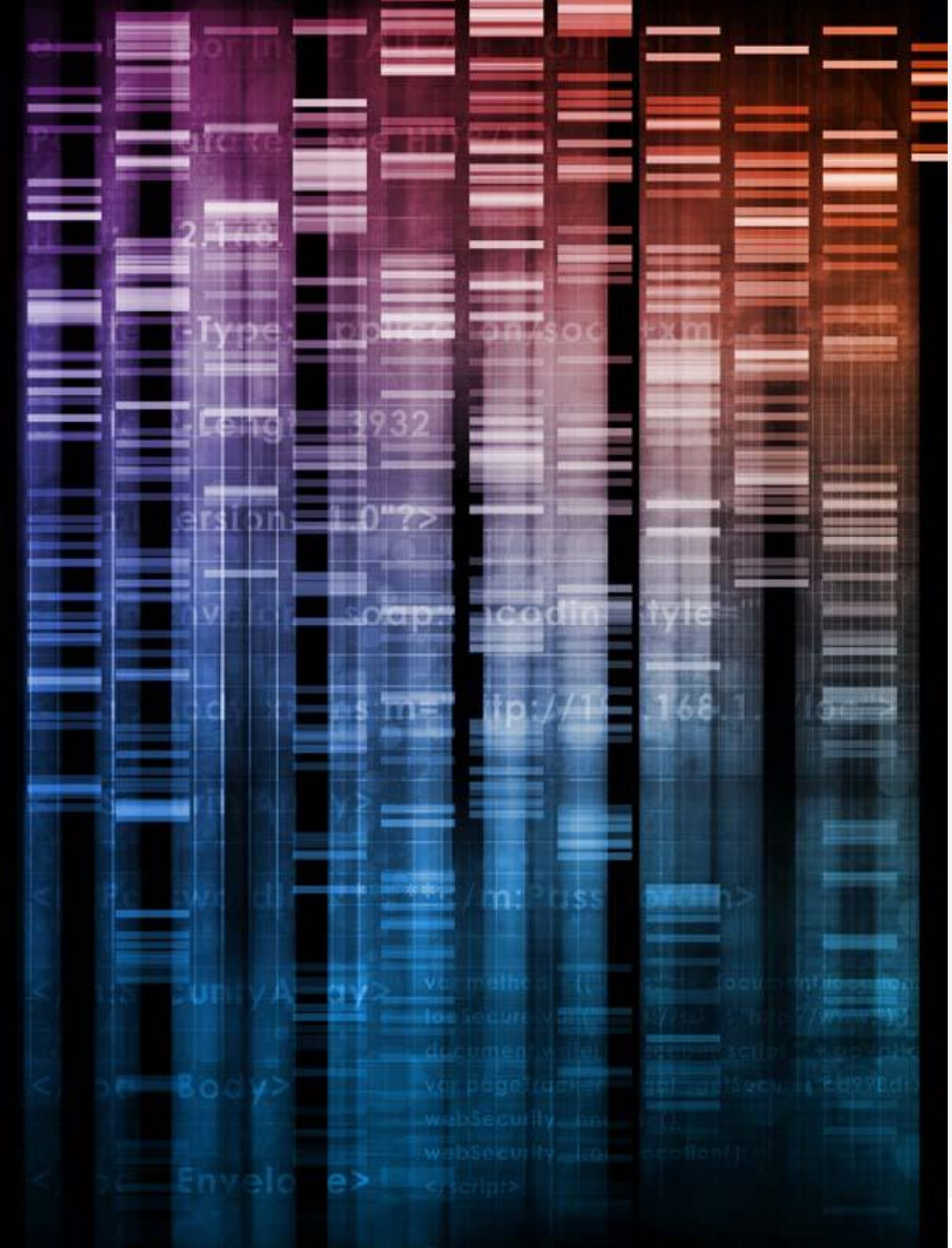
Máster Universitario en Bioinformática

Sesión 5

Universidad Internacional de Valencia

Dra. Paula Soler Vila
paula.solerv@professor.universidadviu.com

De:
Planeta Formación y Universidades



Objetivos de la sesión

1. Preguntas y respuestas

2. Identificar y comprender las principales bases de datos destinadas a la información genómica/transcriptómicos.

3. Conocer las características del experimento de RNA-seq a procesar.

4. Organización de un proyecto bioinformático: Preparar nuestro entorno de trabajo y nuestra jerarquía de archivos.

Calendario de las sesiones

Julio 2024

LUN	MAR	MIÉ	JUE	VIE	SÁB	DOM
1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15	16	17	18	19*	20	21
22	23	24	25	26	27	28
29	30	31				

Agosto 2024

LUN	MAR	MIÉ	JUE	VIE	SÁB	DOM
			1	2	3	4
5	6	7	8	9	10	11
12	13	14	15	16	17	18
19	20	21	22	23	24	25
26	27	28	29	30	31	

Septiembre 2024

LUN	MAR	MIÉ	JUE	VIE	SÁB	DOM
						1
2	3	4	5	6	7	8
9	10	11	12	13**	14	15
16	17	18	19	20**	21	22
23	24	25	26	27	28	29
30						

CAMBIO DE CLASE -> El día 30 de julio se trasladará al 6 de septiembre

SESIÓN 8	25/07/2024	**Tema 4.** Análisis estadístico de la diferencia de expresión.
SESIÓN 9	30/07/2024	
SESIÓN 10	03/09/2024	

PRIMER CONTACTO

BUZZ!

CONCURSO UNIVERSAL

PlayStation Portable

Preguntas y respuestas

P1. Respecto a la preparación de las bibliotecas de cDNA contesta cuál de las siguientes afirmaciones es CIERTA:

1. El enriquecimiento de mRNA mediante cola de poli-A es recomendable en el caso de procariotas.
2. La fragmentación del cDNA se puede realizar con ARNasas u otros mecanismos como la sonicación.
3. **Las secuencias de índice en los adaptadores del inserto son necesarias para distinguir las muestras.**

P2. El nacimiento de la transcriptómica se puede considerar que ocurrió:

1. Con el descubrimiento de las enzimas polimerasas.
2. En el año de la invención de la secuenciación de Sanger (1977).
3. **Con la aparición de las primeras micromatrices (*microarrays*).**

P3. ¿Cuál de las siguientes frases es verdadera?

1. **La secuenciación por síntesis (SBS) para lecturas cortas es la tecnología más usada hoy en día para estudios de expresión génica.**
2. La secuenciación por síntesis (SBS) para lecturas largas es la tecnología más usada hoy en día para estudios de expresión génica.
3. La transcriptómica espacial es la tecnología más usada hoy en día para estudios de expresión génica.

Preguntas y respuestas

P4. En el protocolo de secuenciación por síntesis (SBS), la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) sucede:

1. Durante la preparación de la biblioteca de cDNA.
2. En la amplificación de los haces de copias (“clusters”) dentro de la celda de flujo.
3. Durante la secuenciación por síntesis con la adición de nucleótidos de terminación reversible.
4. **Todas las anteriores.**

P5. ¿Cuál de los siguientes procesos NO suceden en la celda de flujo *(flowcell)?*

1. Fragmentación.
2. Transcripción inversa.
3. **A y B.**
4. Unión de nucleótidos de terminación reversible.

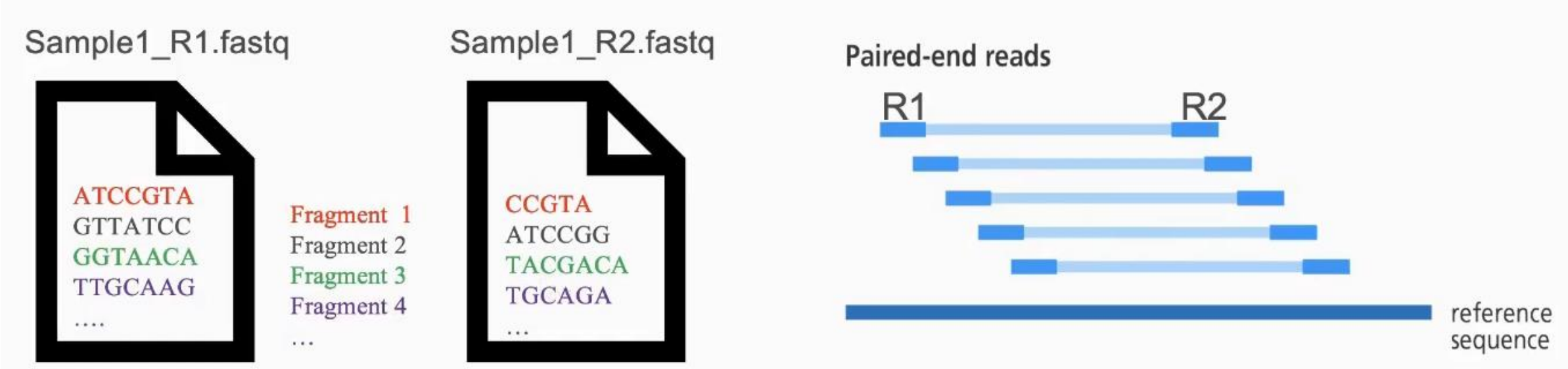
P6. La secuenciación de RNA de segunda generación o RNA-seq …

1. Es la secuenciación directa de moléculas de RNA.
2. Tiene una variabilidad biológica cercana a 0.
3. **Requiere de una integridad del RNA mayor a 7 RIN en mamíferos.**

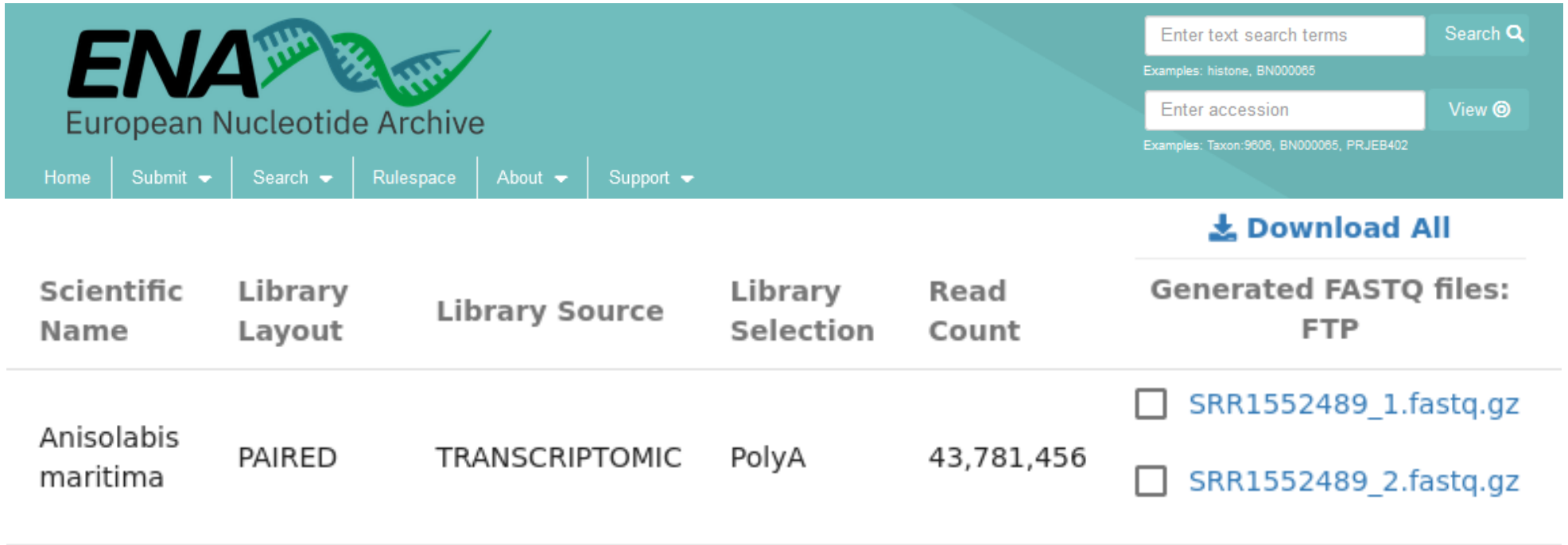
Preguntas y respuestas

P7. En una secuenciación de ADN se generan 1 millón de lecturas "paired-end" (lecturas pareadas). ¿Qué información se puede inferir de esta cantidad de lecturas?

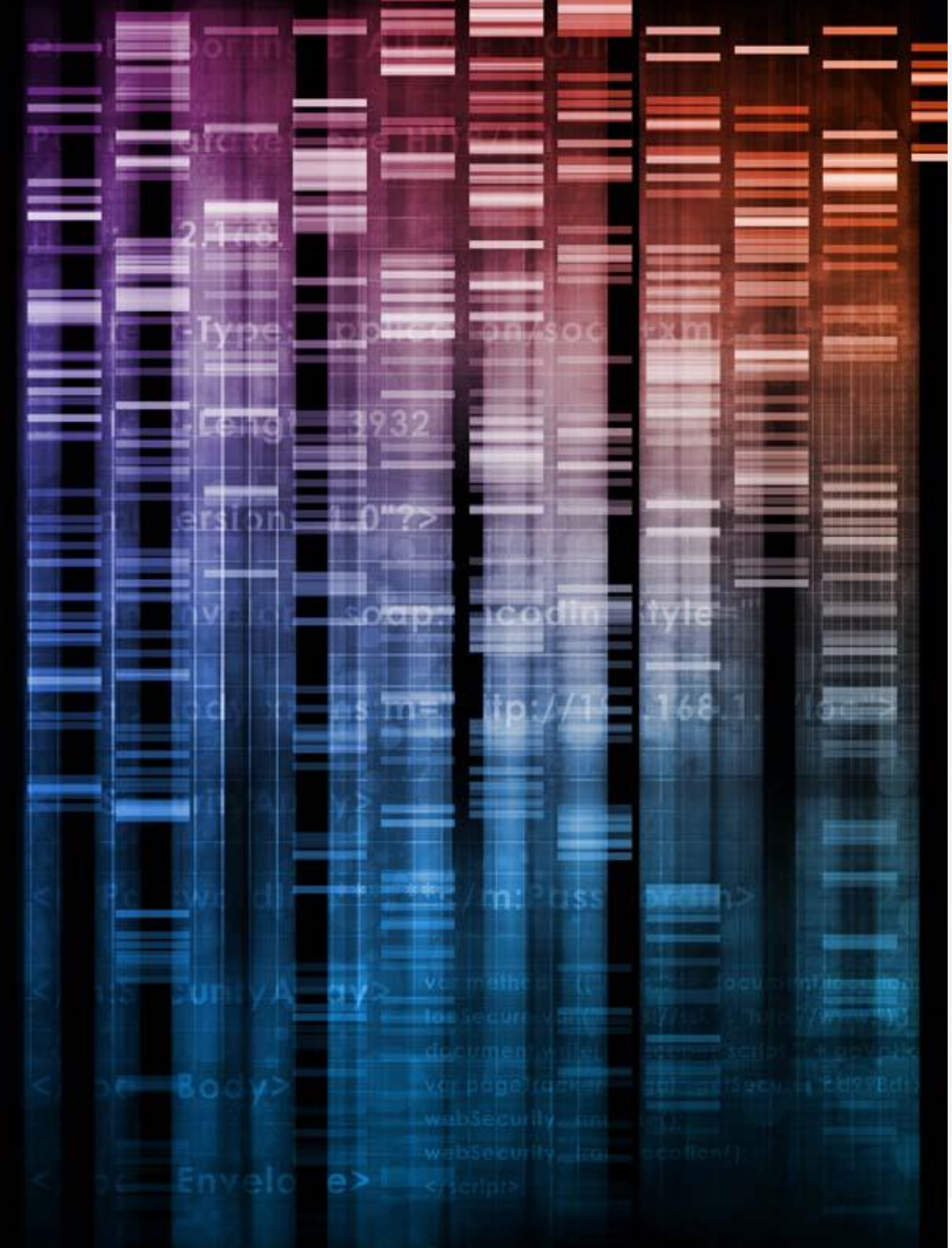
1. Se han secuenciado 1 millón de fragmentos de ADN
2. Se han obtenido 1 millón de lecturas en el R1 y un millón de lecturas en el R2
3. Se han obtenido 1 millón de extremos emparejados.
4. **Todas son correctas**



Pregunta 7




```
(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Downloads]$ zcat SRR1552489_1.fastq.gz | echo $((`wc -l`/4))
43781456
(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Downloads]$ zcat SRR1552489_2.fastq.gz | echo $((`wc -l`/4))
43781456
```



Objetivos de la sesión

1. Preguntas y respuestas

2. Identificar y comprender las principales bases de datos destinadas a la información genómica/transcriptómicos.

3. Conocer las características del experimento de RNA-seq a procesar.

4. Organización de un proyecto bioinformático: Preparar nuestro entorno de trabajo y nuestra jerarquía de archivos.

¿Qué es y para qué sirve una base de datos?

install.packages("wordcloud")
pip install wordcloud

¿Cuántos datos se recopilaron cada minuto del día durante el **2023**?

¿Qué tenemos que tener en cuenta?

- Depósito de los datos y metadatos.
- Comprobación de los datos (“*curators*”). Manual o automatizada.
- Actualización de los datos.
- Tratamiento de errores o de datos inciertos.
- Consistencia con otros datos de la misma naturaleza.
- Formatos.

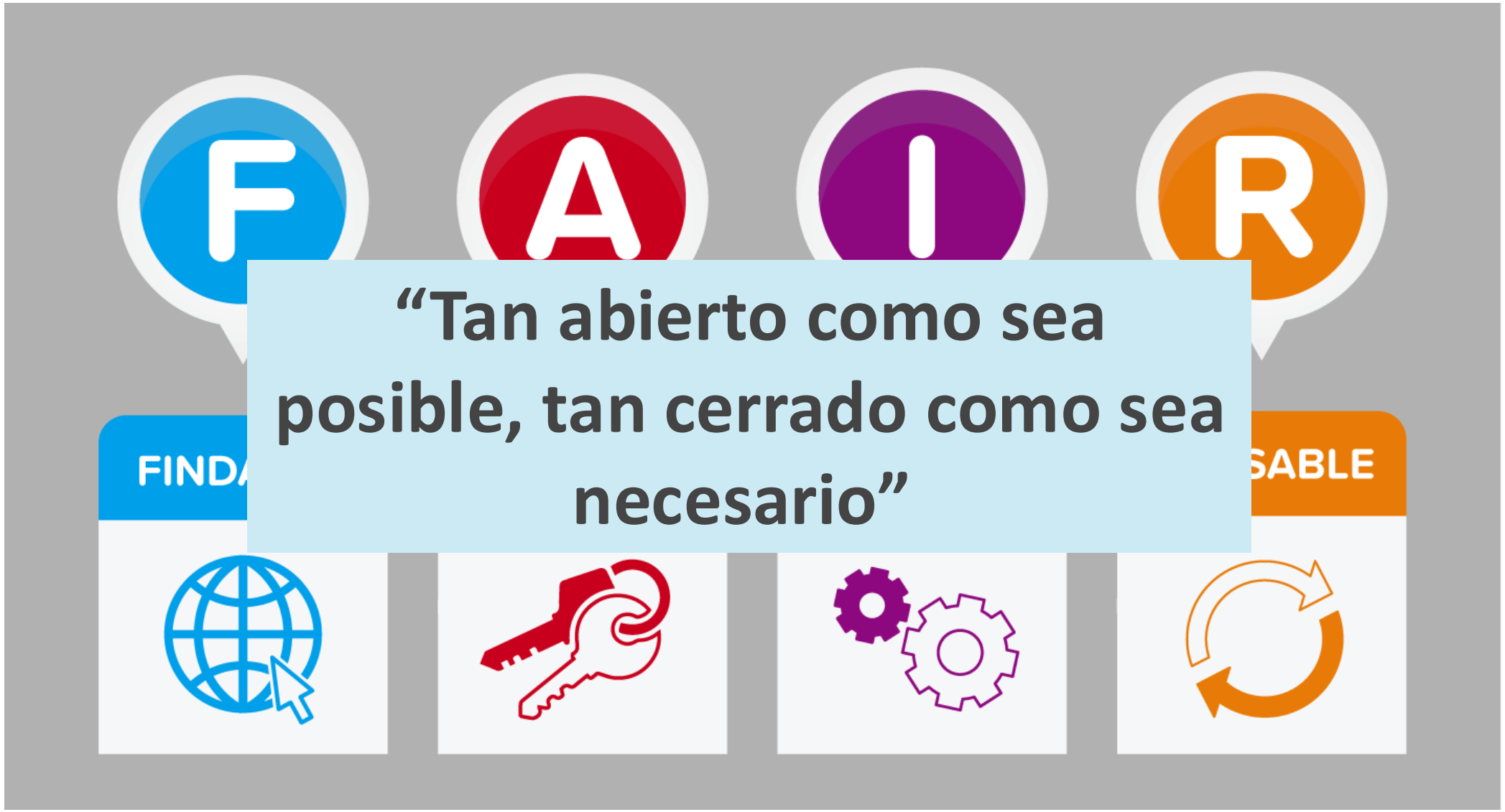
Data submissio

Curators
clean and fi›

Standardised
files (IDF, SDRF)

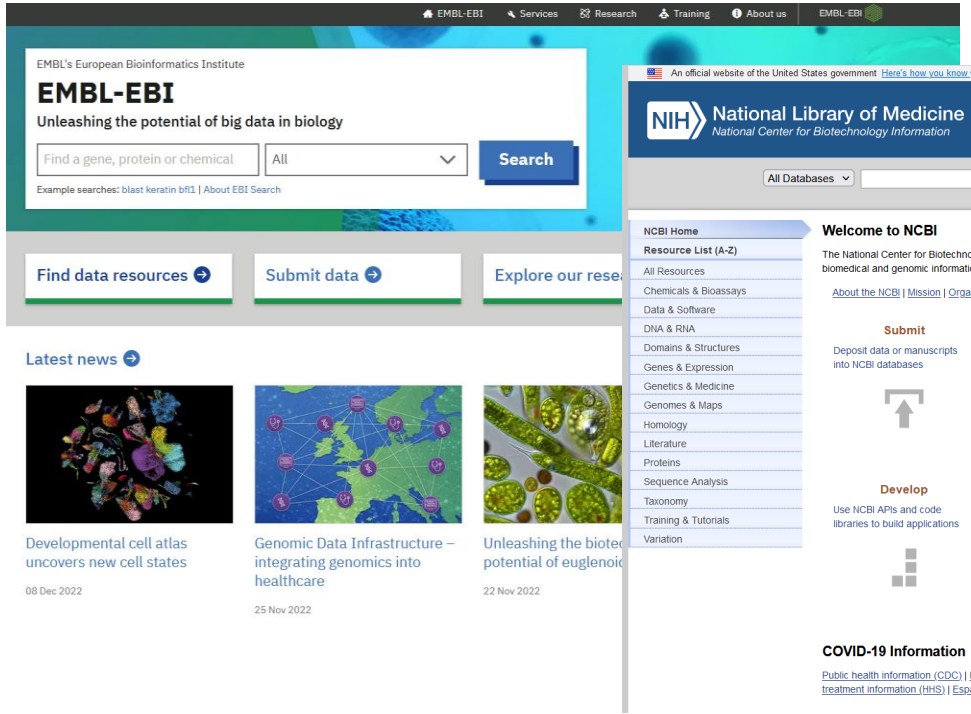
PRINCIPIOS FAIR

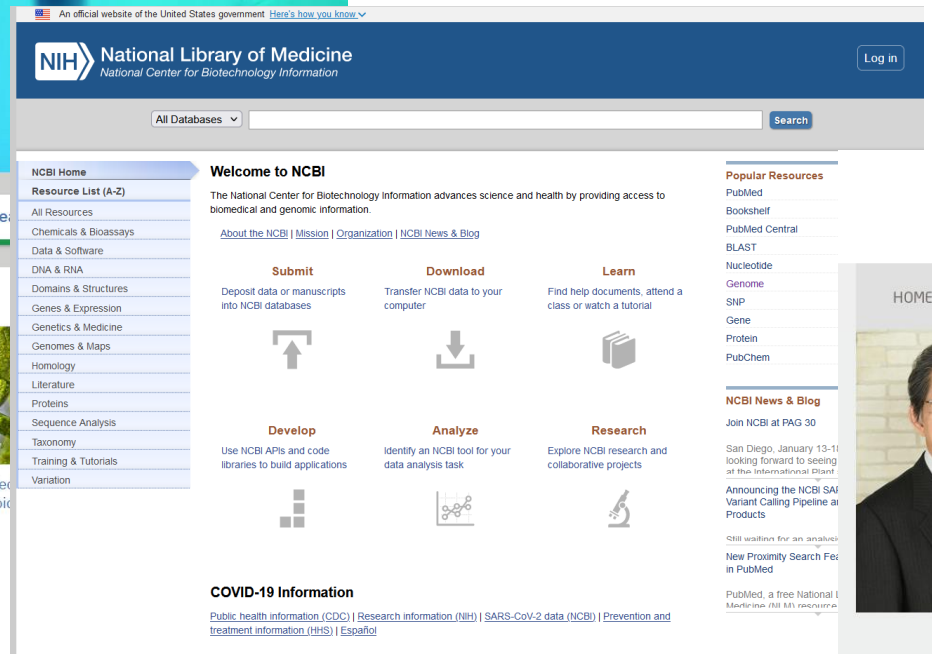
PRINCIPIOS FAIR

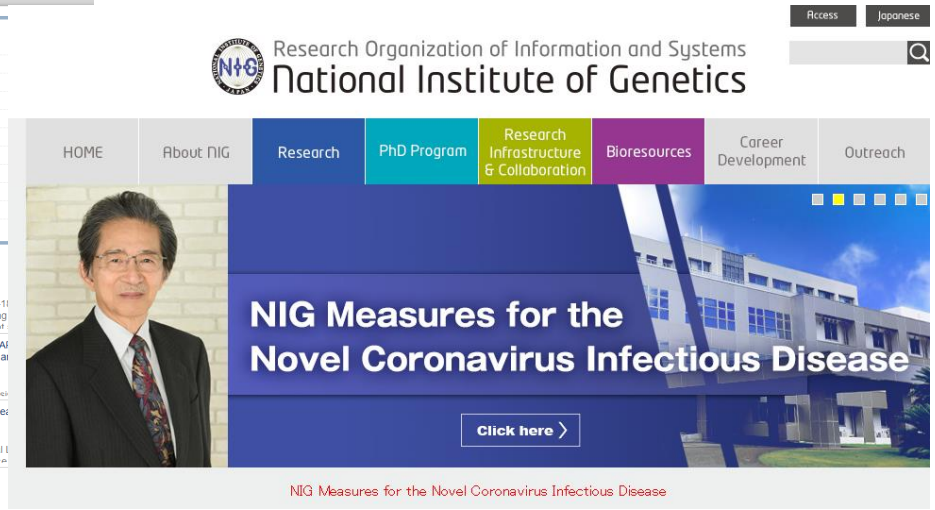


Principales consorcios y centros científicos

- **EMBL-EBI** (Laboratorio Europeo de Biología Molecular - Instituto Europeo de Bioinformática)
- **NCBI** (Centro Nacional para la Información Biotecnológica de los Estados Unidos)
- **NIG** (Instituto Nacional de Genética de Japón)



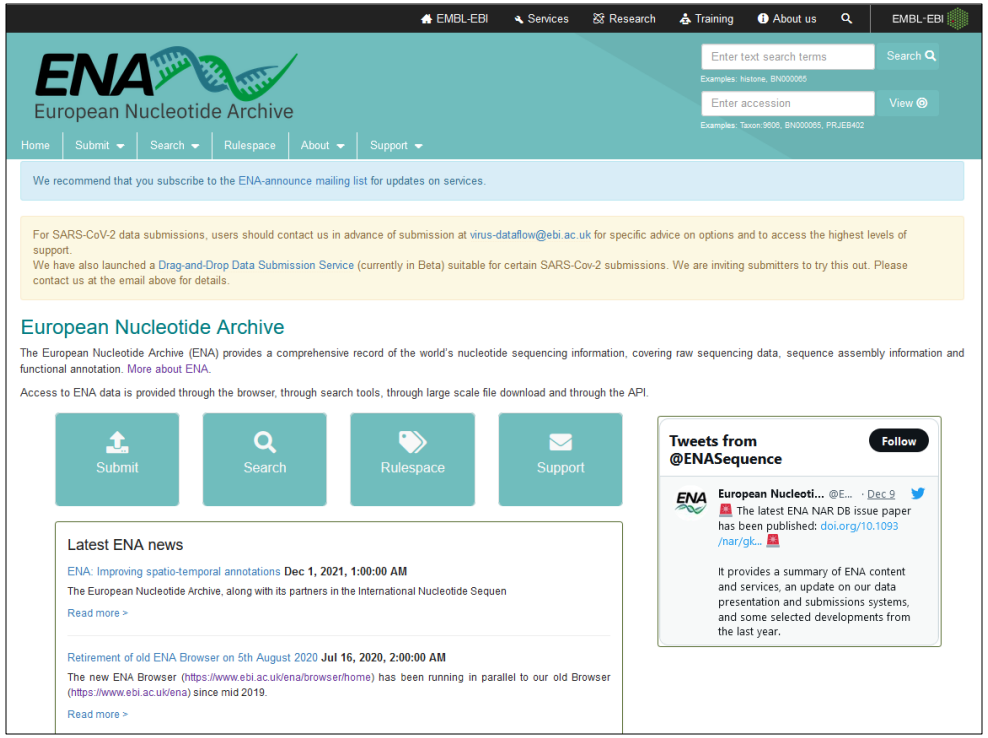


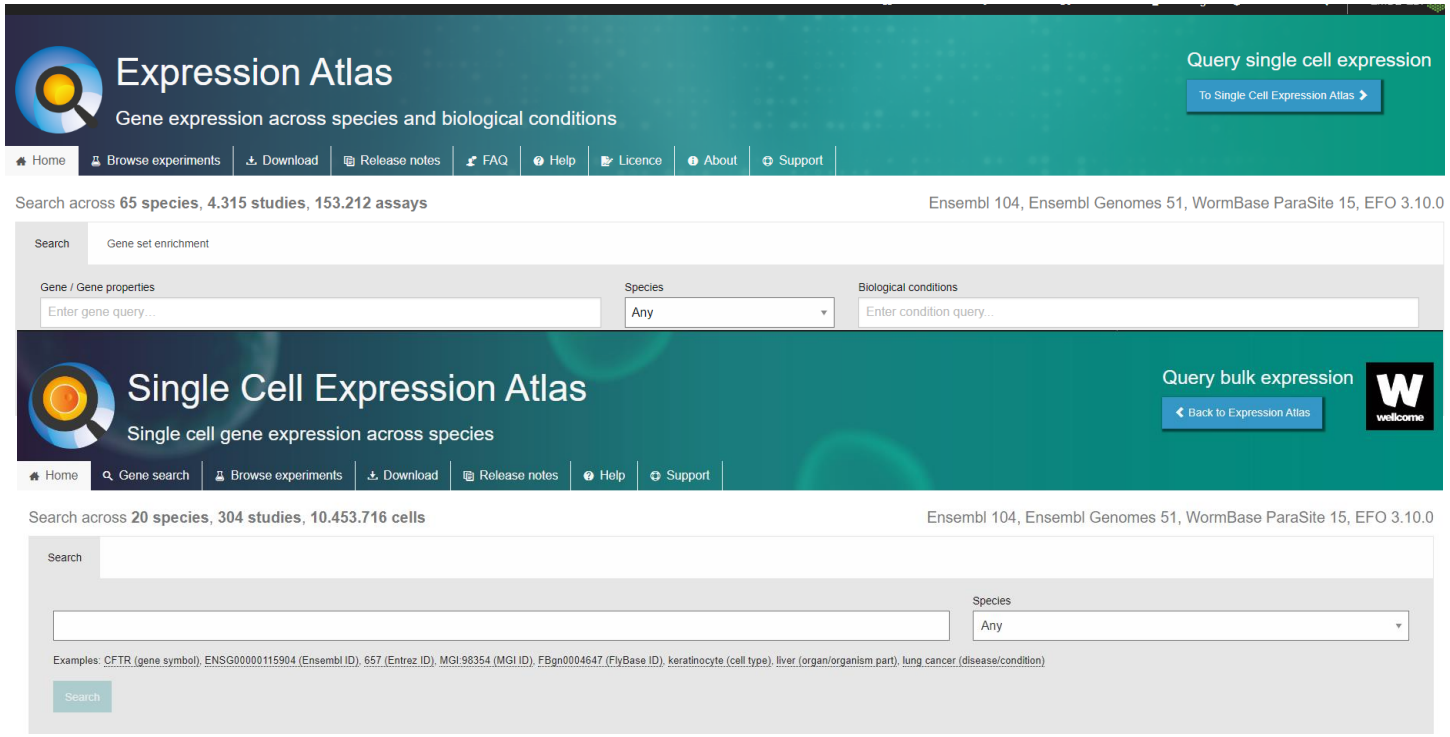


EMBL-EBI (Laboratorio Europeo de Biología Molecular - Instituto Europeo de Bioinformática)

Universidad Internacional de Valencia

- **ENA (*European Nucleotide Archive*)**
- **ArrayExpress**
- **Expression atlas**





Ejercicio I: Explorando resultados con Expression Atlas

Acceda al **Expression Atlas** (https://www.ebi.ac.uk/gxa/home) para explorar los resultados de la expresión génica de un determinado experimento. Para ello, sitúese en la opción *Browse experiments* e indique en el buscador la siguiente información acerca del experimento de interés:

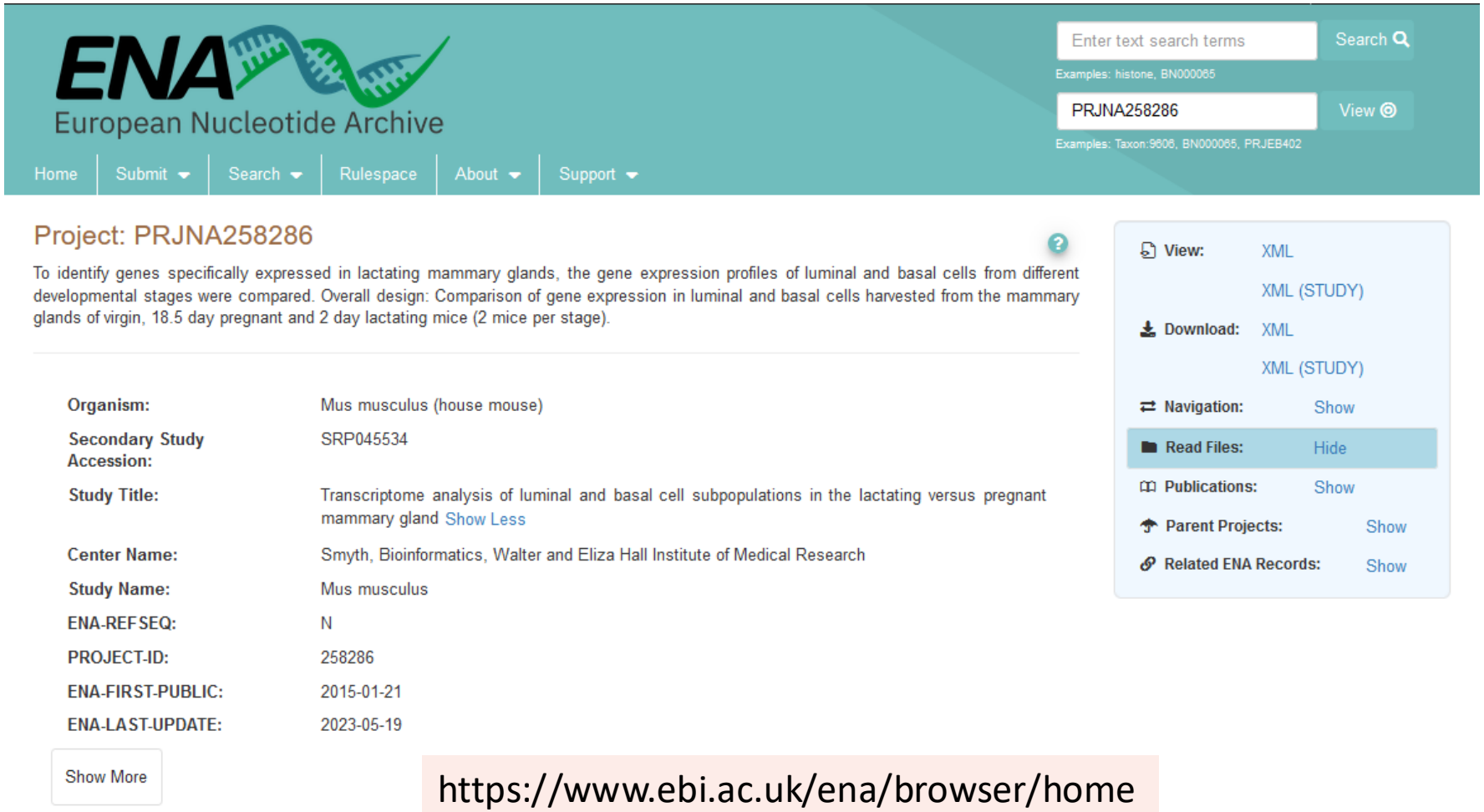
- **Species: Homo Sapiens**
- **Title: Primary Human Airway Epithelial Cultures infected with SARS-CoV-2**

En el expression atlas es recomendable mirar una unidad abajo o arriba de lo que se nos pide, porque muchas veces no lo coge como mayor o igual qué , entoces no entran los valores iguales

- ¿Qué técnica experimental se ha empleado para obtener el valor de expresión de los genes?
- ¿Cuáles son los genes que se encuentran sobreexpresados (*upregulated*) con un valor de *log2-fold change* mayor o igual a 3?.
- ¿Cuáles son los genes que se encuentran infraexpresados (*downregulated*) con un valor de *log2-fold change* menor o igual a -2.5?

Ejercicio II: Extrayendo FASTQ del ENA

¿Cuántos archivos en formato **fastq** podemos encontrar en este estudio (**PRJNA258286**)?



https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home

Obteniendo nuestro dataset de trabajo: PRJNA258286

Download report: JSON TSV

Get download script | Download selected files

Download All

Study Accession	Experiment Accession	Run Accession	Scientific Name	Library Layout	Library Strategy	Library Selection	Generated FASTQ files FTP
PRJNA258286	SRX681988	SRR1552447	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552447.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681994	SRR1552453	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552453.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681989	SRR1552448	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552448.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681991	SRR1552450	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552450.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681992	SRR1552451	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552451.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681985	SRR1552444	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552444.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681986	SRR1552445	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552445.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681987	SRR1552446	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552446.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681990	SRR1552449	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552449.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681993	SRR1552452	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552452.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681995	SRR1552454	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552454.fastq.gz
PRJNA258286	SRX681996	SRR1552455	Mus musculus	SINGLE	RNA-Seq	cDNA	SRR1552455.fastq.gz

1

SRR1552444

https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/view/PRJNA258286

Conociendo nuestro *dataset* de trabajo

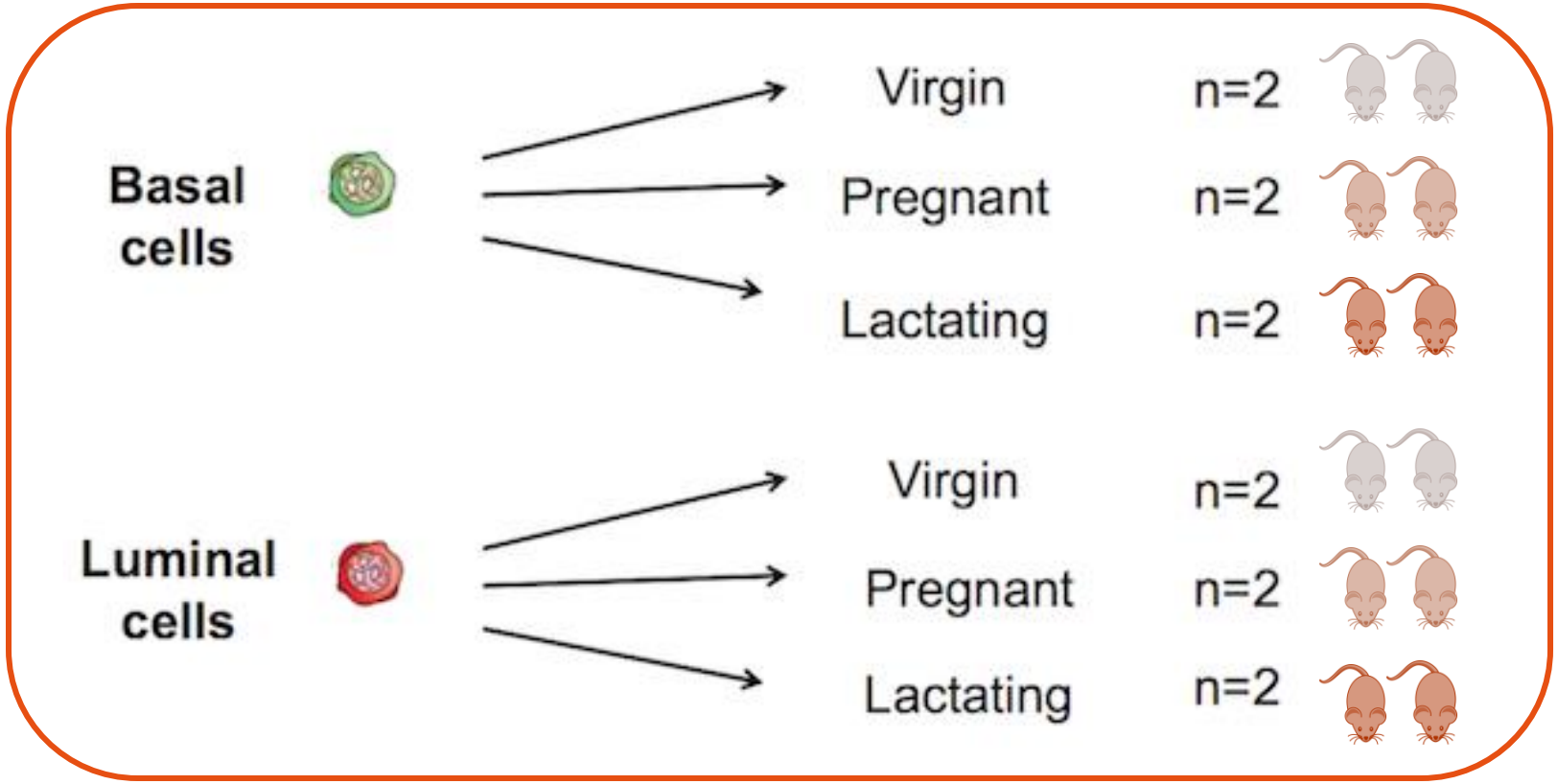
RNA-seq of mouse mammary gland

BASE DEL ANÁLISIS COMPUTACIONAL

BASE DE LAS ACTIVIDADES DEL PORTAFOLIO

Conociendo nuestro *dataset* de trabajo

RNA-seq of mouse mammary gland



Fu, Nai Yang, et al. "EGF-mediated induction of Mcl-1 at the switch to lactation is essential for alveolar cell survival." *Nature Cell Biology*

Conociendo nuestro *dataset* de trabajo

nature cell biology

ARTICLES

EGF-mediated induction of Mcl-1 at the switch to lactation is essential for alveolar cell survival

Nai Yang Fu[1,2], Anne C. Rios[1,2,10], Bhupinder Pal[1,2,10], Rina Soetanto[3], Aaron T. L. Lun[2,4], Kevin Liu[1,2], Tamara Beck[1,2], Sarah A. Best[1,2], François Vaillant[1,2], Philippe Bouillet[2,5], Andreas Strasser[2,5], Thomas Preiss[3,6], Gordon K. Smyth[4,7], Geoffrey J. Lindeman[1,8,9,10] and Jane E. Visvader[1,2,10,11]

Expansion and remodelling of the mammary epithelium requires a tight balance between cellular proliferation, differentiation and death. To explore cell survival versus cell death decisions in this organ, we deleted the pro-survival gene *Mcl-1* in the mammary epithelium. *Mcl-1* was found to be essential at multiple developmental stages including morphogenesis in puberty and alveologenesis in pregnancy. Moreover, *Mcl-1*-deficient basal cells were virtually devoid of repopulating activity, suggesting that this gene is required for stem cell function. Profound upregulation of the Mcl-1 protein was evident in alveolar cells at the switch to lactation, and *Mcl-1* deficiency impaired lactation. Interestingly, *EGF* was identified as one of the most highly upregulated genes on lactogenesis and inhibition of EGF or mTOR signalling markedly impaired lactation, with concomitant decreases in Mcl-1 and phosphorylated ribosomal protein S6. These data demonstrate that Mcl-1 is essential for mammopoiesis and identify EGF as a critical trigger of Mcl-1 translation to ensure survival of milk-producing alveolar cells.

Biblioteca Campus VIU

Referencia

Fu, Nai Yang, et al. "EGF-mediated induction of Mcl-1 at the switch to lactation is essential for alveolar cell survival." *Nature Cell Biology*

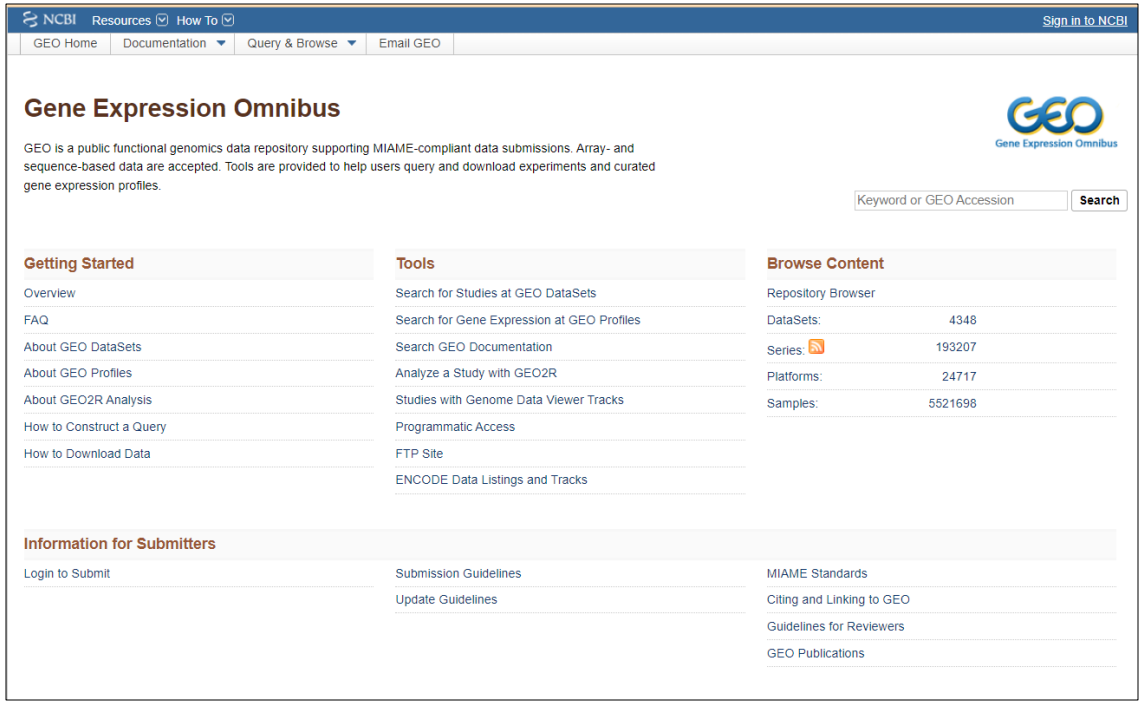
NCBI (Centro Nacional para la Información Biotecnológica de los Estados Unidos)

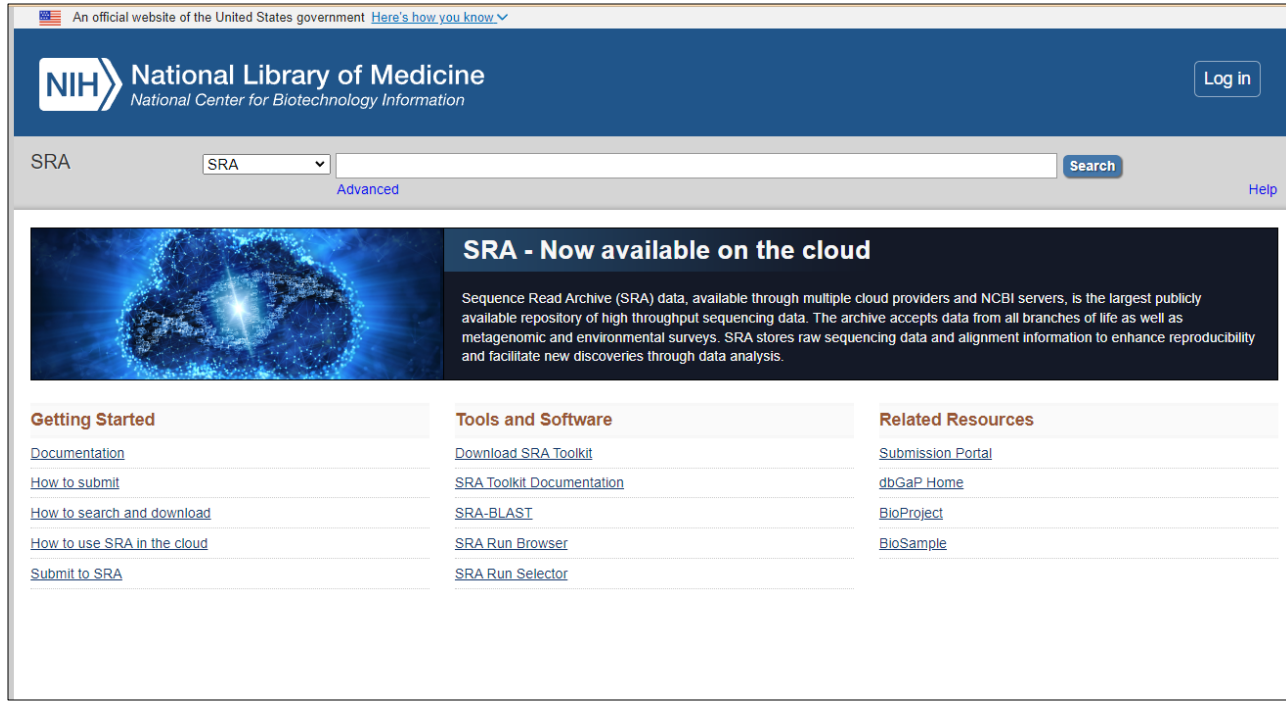
- **GEO (*Gene Expression Omnibus*)**
- **SRA (*Sequence Read Archive*)**

Fastq-dump

`fastq-dump` is a tool for downloading sequencing reads from NCBI's Sequence Read Archive (SRA). These sequence reads will be downloaded as FASTQ files. How these FASTQ files are formatted depends on the `fastq-dump` options used.

https://github.com/ncbi/sra-tools/wiki/HowTo:-fasterq-dump

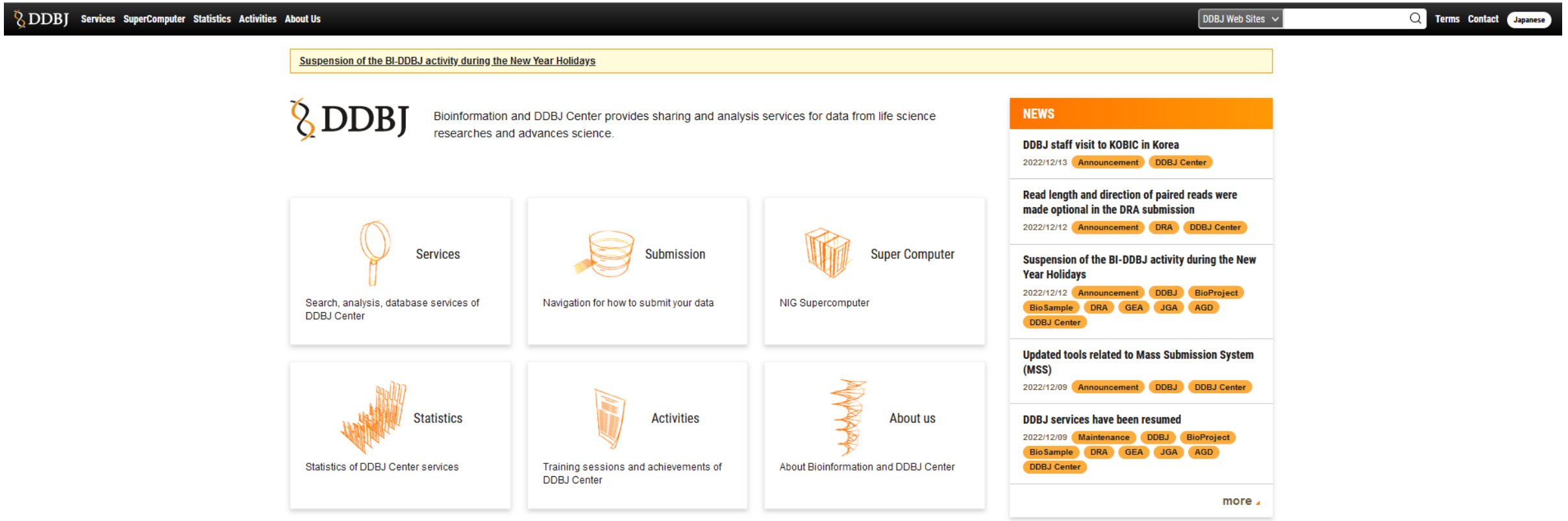




NIG (Instituto Nacional de Genética de Japón)

Universidad Internacional de Valencia

- **DDBJ**



https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html

International Nucleotide Sequence Database Collaboration **(INSDC)**

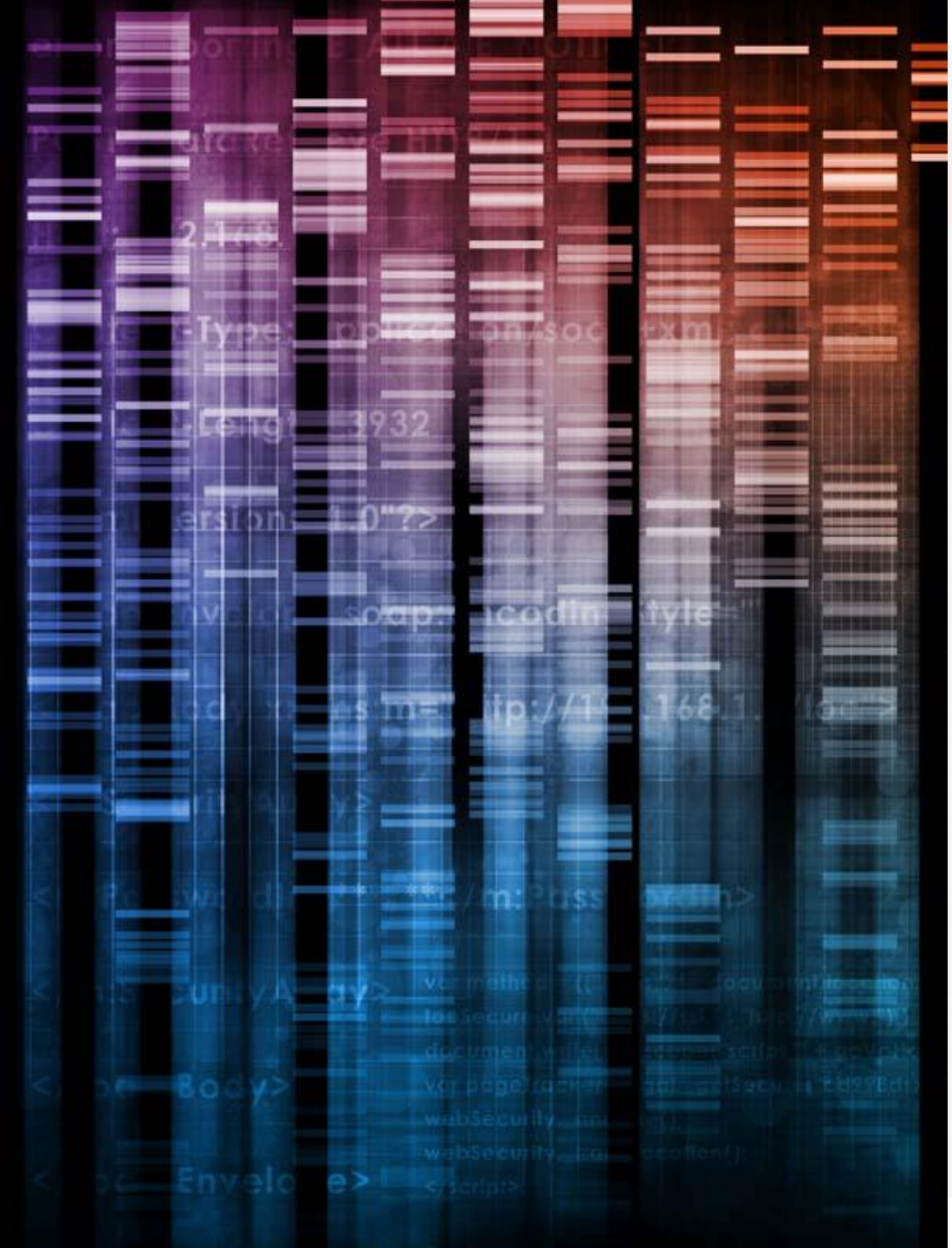
The International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) is a long-standing foundational initiative that operates between DDBJ, EMBL-EBI and NCBI.

INSDC covers the spectrum of data raw reads, through alignments and assemblies to functional annotation, enriched with contextual information relating to samples and experimental configurations.

DDBJ DNA Data Bank of Japan

NCBI

ENA European Nucleotide Archive



Objetivos de la sesión

1. Preguntas y respuestas

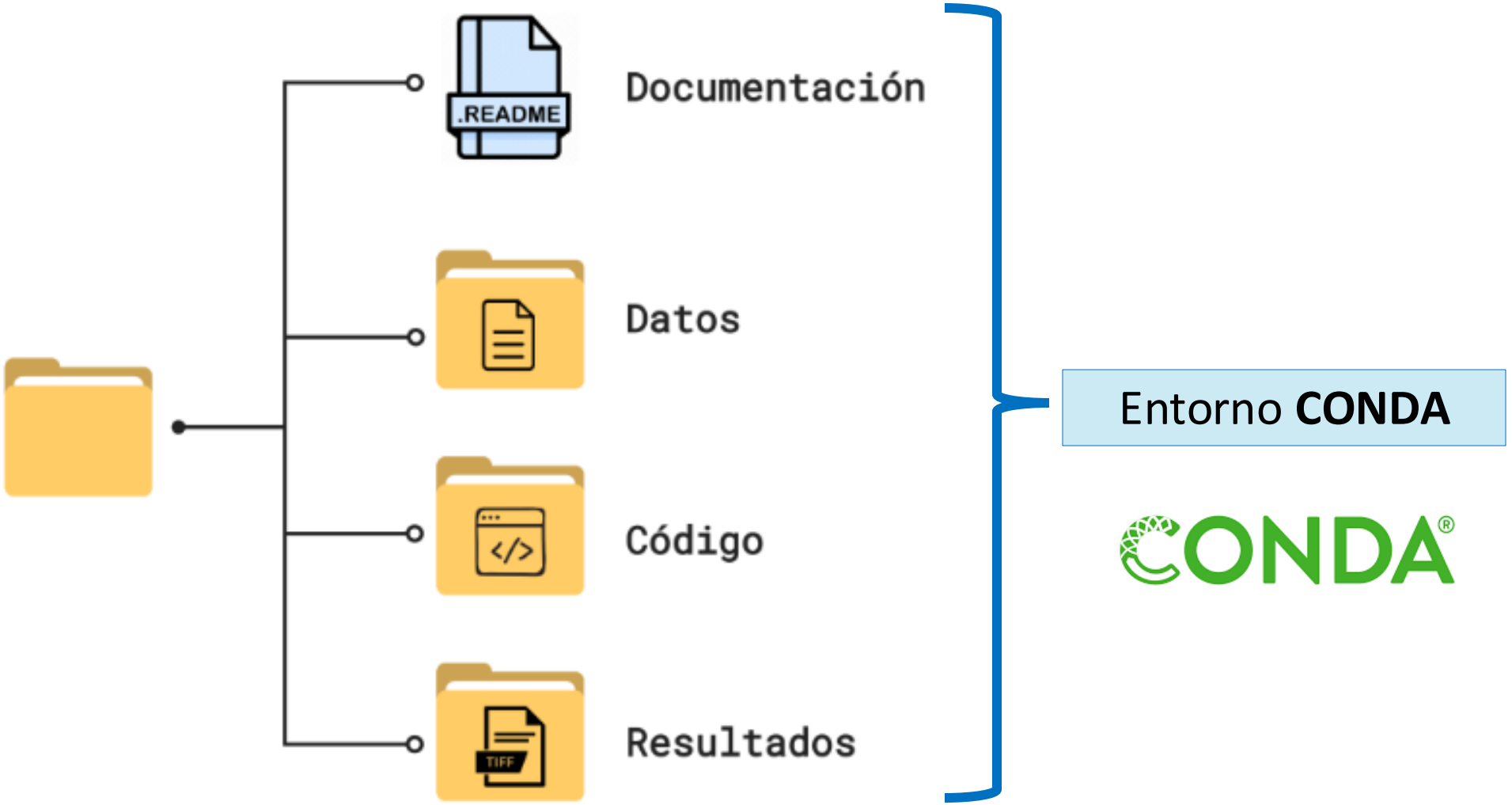
2. Identificar y comprender las principales bases de datos destinadas a la información genómica/transcriptómicos.

3. Conocer las características del experimento de RNA-seq a procesar.

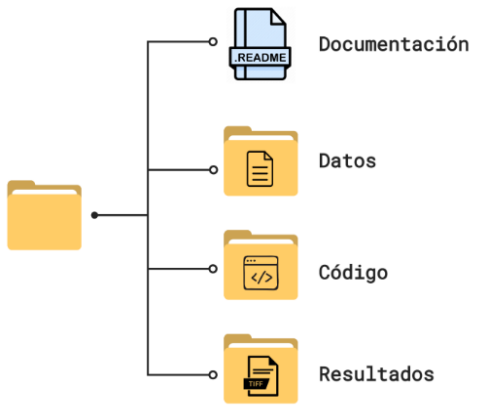
4. Organización de un proyecto bioinformático: Preparar nuestro entorno de trabajo y nuestra jerarquía de archivos.

Organización de un proyecto bioinformático

Organización de directorios



Preparación de la jerarquía de archivos



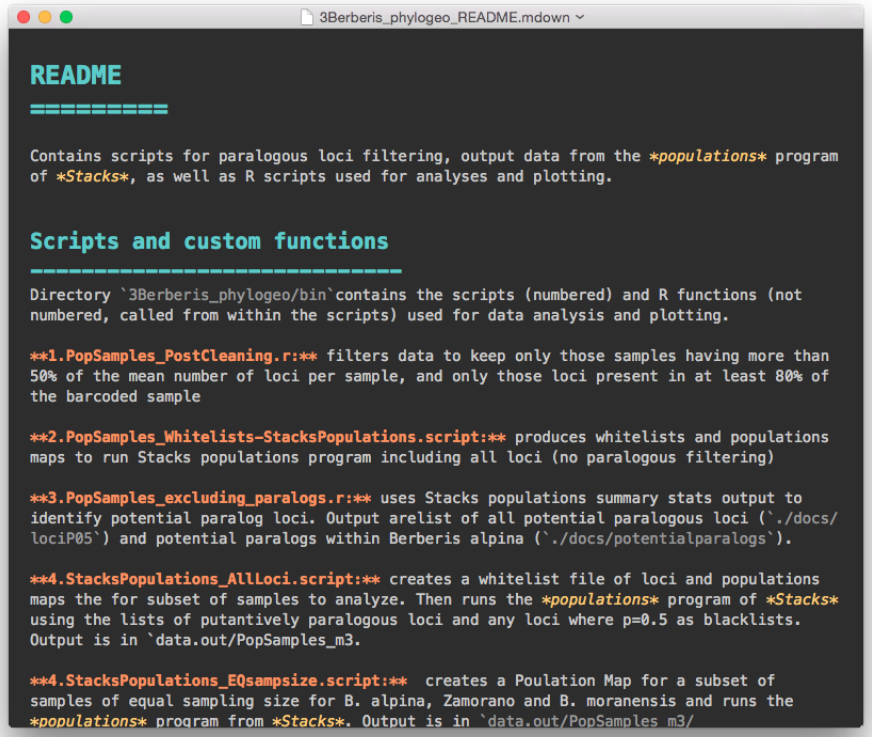

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Proyecto_JULIO_2024]$ tree -L 3

├── Code
├── Data
└── Results
├── README
```

Organización de directorios: Documentación

Documentación

* "**Leeme**".
- Un archivo de texto simple plano (no Word)

- **Qué hay** dentro del repositorio (y cada uno de sus directorios).
- **Qué hacen** cada una de las funciones/scripts del repositorio
- **Cómo y en qué orden** deben ocuparse los scripts para realizar los análisis


3Berberis_phylogeo_README.mdown

README
=========

Contains scripts for paralogous loci filtering, output data from the *populations* program of *Stacks*, as well as R scripts used for analyses and plotting.

Scripts and custom functions

Directory `3Berberis_phylogeo/bin`contains the scripts (numbered) and R functions (not numbered, called from within the scripts) used for data analysis and plotting.

1.PopSamples_PostCleaning.r: filters data to keep only those samples having more than 50% of the mean number of loci per sample, and only those loci present in at least 80% of the barcoded sample

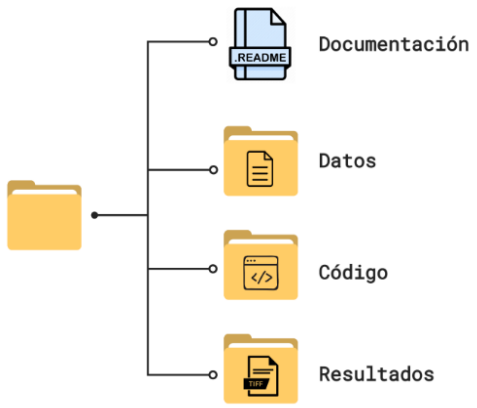
2.PopSamples_Whitelists-StacksPopulations.script: produces whitelists and populations maps to run Stacks populations program including all loci (no paralogous filtering)

3.PopSamples_excluding_paralogs.r: uses Stacks populations summary stats output to identify potential paralog loci. Output arelist of all potential paralogous loci (`./docs/lociP05`) and potential paralogs within Berberis alpina (`./docs/potentialparalogs`).

4.StacksPopulations_AllLoci.script: creates a whitelist file of loci and populations maps the for subset of samples to analyze. Then runs the *populations* program of *Stacks* using the lists of putantively paralogous loci and any loci where p=0.5 as blacklists. Output is in `data.out/PopSamples_m3.

4.StacksPopulations_EQsampsize.script: creates a Poulation Map for a subset of samples of equal sampling size for B. alpina, Zamorano and B. moranensis and runs the *populations* program from *Stacks*. Output is in `data.out/PopSamples_m3/

Preparación de la jerarquía de archivos




```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Proyecto_JULIO_2024]$ tree -L 3

├── Code
├── Data
└── Results
├── README
├── METADATA
```

Organización de directorios: Metadatos

Proyecto_JULIO_2024

Raw data -> SRR1552444.fastq.gz

Metadata

05MBIF.yml

Botón derecho -> Guardar enlace como...

FileName	SampleName	CellType	Status
MCL1.DG_BC2CTUACXX_ACTTGA_L002_R1	MCL1.DG	basal	virgin
MCL1.DH_BC2CTUACXX_CAGATC_L002_R1	MCL1.DH	basal	virgin
MCL1.DI_BC2CTUACXX_ACAGTG_L002_R1	MCL1.DI	basal	pregnant
MCL1.DJ_BC2CTUACXX_CGATGT_L002_R1	MCL1.DJ	basal	pregnant
MCL1.DK_BC2CTUACXX_TTAGGC_L002_R1	MCL1.DK	basal	lactate
MCL1.DL_BC2CTUACXX_ATCACG_L002_R1	MCL1.DL	basal	lactate
MCL1.LA_BC2CTUACXX_GATCAG_L001_R1	MCL1.LA	luminal	virgin
MCL1.LB_BC2CTUACXX_TGACCA_L001_R1	MCL1.LB	luminal	virgin
MCL1.LC_BC2CTUACXX_GCCAAT_L001_R1	MCL1.LC	luminal	pregnant
MCL1.LD_BC2CTUACXX_GGCTAC_L001_R1	MCL1.LD	luminal	pregnant
MCL1.LE_BC2CTUACXX_TAGCTT_L001_R1	MCL1.LE	luminal	lactate
MCL1.LF_BC2CTUACXX_CTTGTA_L001_R1	MCL1.LF	luminal	lactate

Organización de directorios: Metadatos

Documentación

Evitar espacios en blanco, unir palabras con guion bajo

No usar acentos, ni caracteres ajenos a los ingleses (ñ ç)

	Timestamp	SAMPLE_ID	CELL_TYPE	PRE_TREATMENT	PRE_TI	TREATMENT	TREATMENT_TIME	CONTR(	EXPERIMENT_ID	HIC	SEQUE	SEQUE	SEQUENCIN	SEND_FOR_SEQUENCING_ON
2	8/3/2015 11:59:52	eaed0e91e_2a3b69a85	T47D	Untreated	0	Red medium	0	No	1	1	1	1	CRG	8/3/2015
3	8/3/2015 14:51:31	5733f3071_2a3b69a85	T47D	Untreated	0	FBSdes	0	No	1	1	1	1	CRG	8/3/2015
4	8/10/2015 14:13:44	dc3a1e069_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Untreated	0	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
5	8/10/2015 14:22:09	a1e46328c_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Progesterone	15	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
6	8/10/2015 14:25:17	9a7c4a68d_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Progesterone	30	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
7	8/10/2015 14:35:30	b1913e6c1_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Progesterone	60	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
8	8/10/2015 14:37:07	e4aa8d54f_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Progesterone	180	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
9	8/10/2015 14:38:24	dc3a1e069_ec92aa0bb	T47D	Untreated	0	Untreated	0	No	1	2	1	1	CRG	8/1/2015
10	8/10/2015 14:40:10	d4e07ef90_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Estrogen	15	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
11	8/10/2015 14:41:42	7824bad60_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Estrogen	30	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
12	8/10/2015 14:43:16	ab7537068_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Estrogen	60	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
13	8/10/2015 14:44:58	1618f57a8_51720e9cf	T47D	Untreated	0	Estrogen	180	No	1	1	1	1	CRG	8/1/2015
14	9/18/2015 15:32:19	b7fa2d8db_d5f36599c	B-cell	Untreated	0	Untreated	0	No	100	1	1	1	4DGU	9/18/2015
15	9/18/2015 15:33:40	b7fa2d8db_f93db662e	B-cell	Untreated	0	Untreated	0	No	101	1	1	1	4DGU	9/18/2015
16	9/18/2015 15:36:09	fc3e8b36a_95f36c69d	ES-cell	Untreated	0	Untreated	0	No	102	1	1	1	4DGU	9/18/2015
17	9/18/2015 15:40:41	fc3e8b36a_da061e9a0	ES-cell	Untreated	0	Untreated	0	No	103	1	1	1	4DGU	9/18/2015
18	9/18/2015 15:42:49	e6588f786_56e7062b9	Macrophage	Untreated	0	Untreated	0	No	104	1	1	1	4DGU	9/18/2015
19	9/18/2015 15:44:42	e6588f786_3e1166f1f	Macrophage	Untreated	0	Untreated	0	No	105	1	1	1	4DGU	9/18/2015

Identificadores únicos de la misma longitud

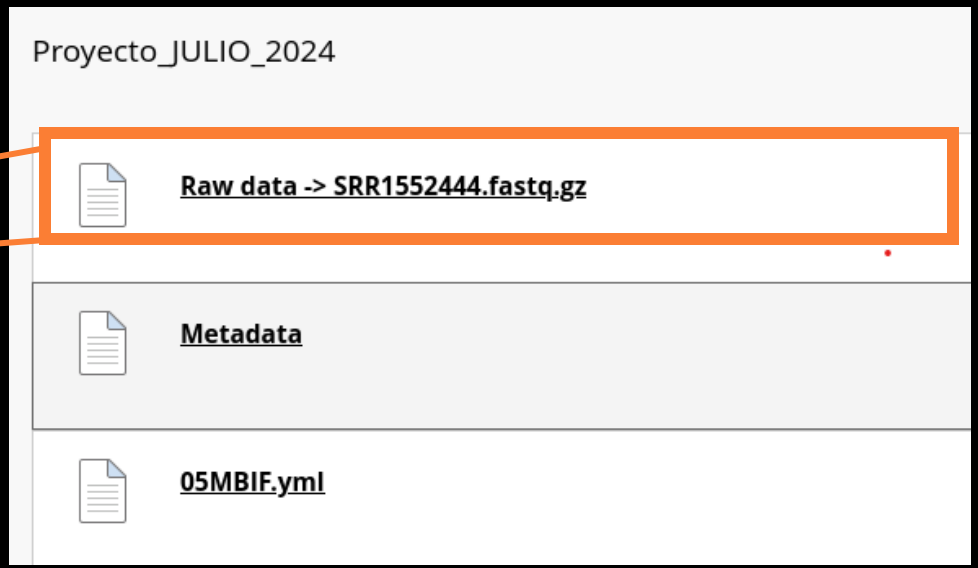
No unir celdas, repetir los datos las veces que sea necesario

No tener celdas vacías, usar NA para ´No Aplica´ o ND para ´No Determinado´

Preparación de la jerarquía de archivos

Datos

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Proyecto_JULIO_2024]$ tree -L 3
├── Code
├── Data
│   ├── Annotation
│   ├── Processed
│   ├── Raw
│   └── Reference_genome
├── README
├── METADATA
└── Results
```



Preparación de la jerarquía de archivos

Datos

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Proyecto_JULIO_2024]$ tree -L 3

├── Code
├── Data
│   ├── Annotation
│   ├── Processed
│   ├── Raw
│   │   └── SRR1552444.fastq.gz  (27.919.481 lecturas crudas)
│   └── Reference_genome
├── README
├─  METADATA
└── Results
```

Organización de directorios: Código

Código

- Enumerar los scripts de acuerdo al orden en que serán ejecutados

```
+-- 1.QualityControl.sh
+-- 2.Trimming.sh
+-- 3.ReadAlignment.sh
+-- 4.DifferentialExpression.R
```

- Utilizar rutas relativas hacia los archivos *input*

```
fastqc ../Data/*.fastqc -o ../Results/
```

- Comentar el script -> facilita que sea entendido por humanos

```
#Change the location of bam files
mv ../Data/*.bam ../Results/
```

90% of all code comments:

¿Por qué no se comparte el código?

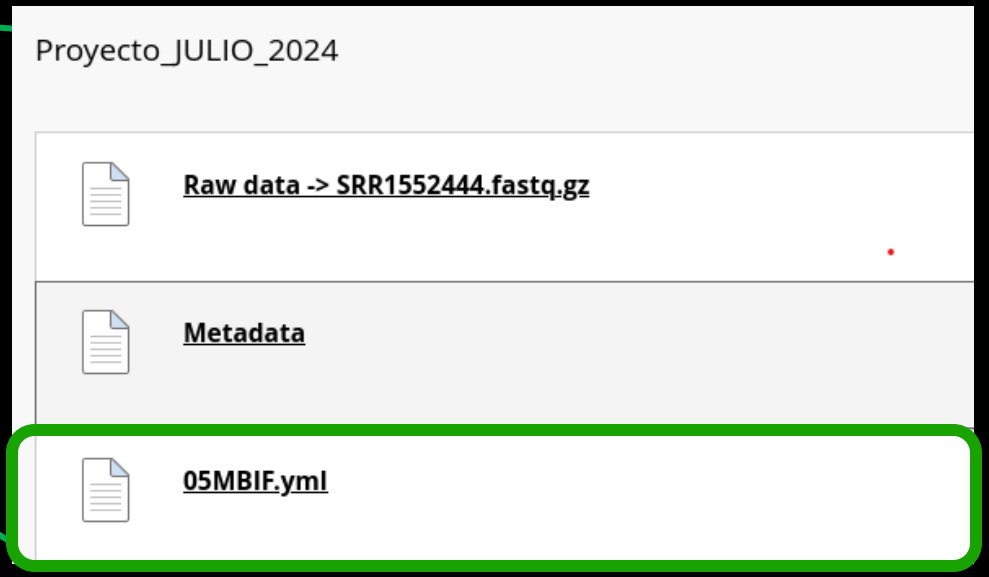
Código

1. Me da vergüenza que vean mi código
2. No quiero que otros saquen provecho de mi código, me pertenece o a mi institución
3. Otros no publican su código, ¿por qué yo sí?
4. Me da pereza pulir mi código para publicarlo
5. Si publico mi código le van a encontrar errores y demandar correcciones o ayuda

Barnes, N. **Publish your computer code: it is good enough**. Nature 467, 753 (2010). https://doi.org/10.1038/467753a

Jerarquía de archivos

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Proyecto_JULIO_2024]$ tree -L 3
├── Code
│   ├── 05MBIF.yml
├── Data
│   ├── Annotation
│   ├── Processed
│   ├── Raw
│   │   └── SRR1552444.fastq.gz
│   └── Reference_genome
├── README
├── METADATA
└── Results
```



Activación del entorno de trabajo

```
(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Code]$ head 05MBIF.yml
name: 05MBIF
channels:
  - bioconda
  - conda-forge
  - defaults
dependencies:
  - _libgcc_mutex=0.1=main
  - _openmp_mutex=4.5=1_gnu
  - argon2-cffi=20.1.0=py39h27cfd23_1
  - async_generator=1.10=py_0

(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Code]$ conda env create -f  05MBIF.yml
(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Code]$ conda activate 05MBIF
(05MBIF) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr Code]$ conda env list
# conda environments:
#
base                  /home/paula.soler/miniconda3
05MBIF        *  /home/paula.soler/miniconda3/envs/05MBIF
```

Organización de diectorios

Resultados

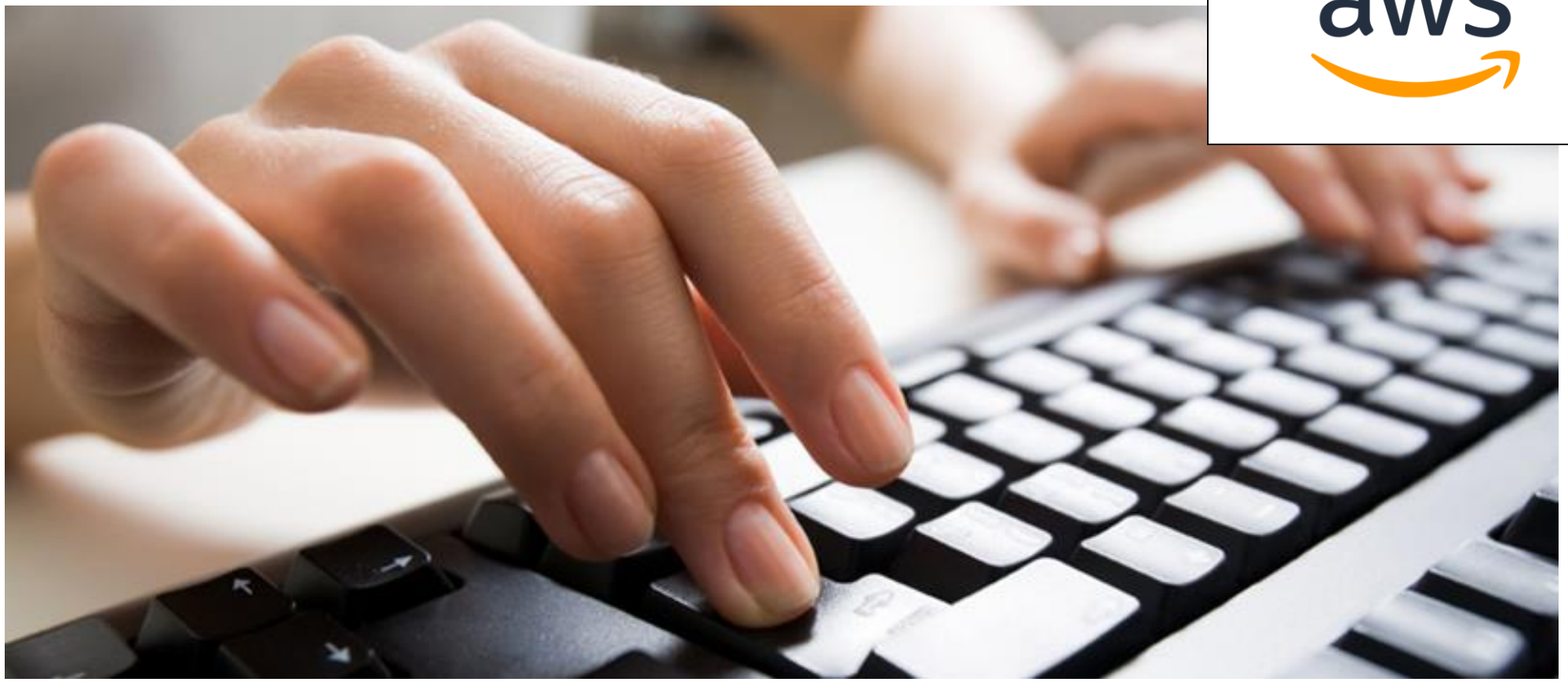
```
├── Code
│   ├──05MBIF.yml
├── Data
│   ├── Annotation
│   ├── Processed
│   ├── Raw
│           └── SRR1552444.fastq.gz
│   └── Reference_genome
├── README
├─ METADATA
└── Results
```

Resultados

- Tablas
- Gráficos
- Figuras
- Referencias

Próxima clase

Organización del **AWS** (recordad que **AWS** no es un lugar de almacenamiento)



Universidad
Internacional
de Valencia

universidadviu.com

De:
Planeta Formación y Universidades