

Actividad 1.1: Introducción a las ómicas

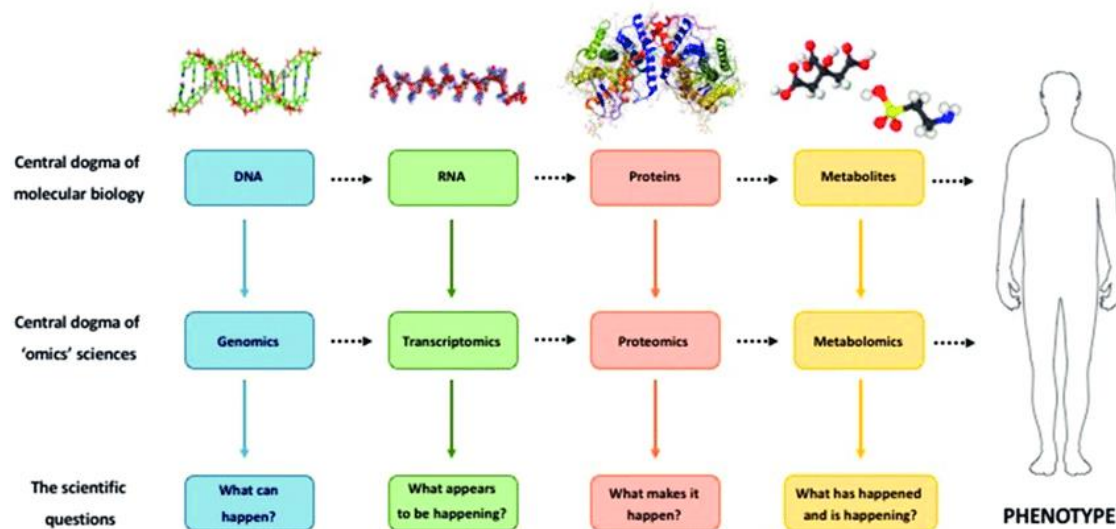
Alex Sánchez

2024-02-26

Fecha de publicación del enunciado: 28/02/2024

Fecha límite para realizar aportaciones: 10/03/2024¹

Como hemos indicado en la presentación y el vídeo “Introducción a las ómicas” hay unas cuantas tecnologías ómicas, cada una con sus complejidades y características propias tal como refleja la idea de la “cascada ómica”.



Pregunta 1

El objetivo de esta actividad es que tengáis un primer contacto con alguna ómica, ahora que todavía no hemos trabajado con ninguna de ellas. De hecho podéis trabajar con cualquiera incluida la transcriptómica, que trabajaremos en detalle en este curso.

Para ello tenéis que buscar un artículo o algún trabajo en el que se utilice una tecnología ómica para resolver un problema científico (puede ser médico, ecológico, de nutrición, etc..) y recopilad la siguiente información:

¹ La fecha de entrega es la que se indica en el enunciado del debate. En caso de no coincidir con la indicada en el aula, ésta será la que predomine.

1. El título
2. La referencia o enlace al artículo
3. El objetivo y ámbito de aplicación
4. La tecnología o tecnologías ómicas que utilizan para generar los datos
5. Una breve explicación de vuestra parte de porqué esta (o éstas ómicas) resultan adecuadas en este problema.

La última pregunta es la que puede requerir algo más de reflexión o consulta de información, pero en todo caso será poco trabajo.

Una vez hayáis recopilado esta información debéis hacer dos cosas con ella.

- I. Compartidla vuestros compañeros del aula enviando un mensaje al foro de debate en la carpeta de la actividad 1. Es importante que el debate facilite la discusión por lo que **no tenéis que enviar un documento adjunto** sino escribir una respuesta clara y breve que pueda ser fácilmente o, eventualmente comentada entre vosotros.
- II. Añadid esta misma información al formulario que encontraréis siguiendo [este enlace](#). El objetivo de hacerlo así es que dispongamos de todas respuestas en una tabla lo que nos facilitará poderlas una vez finalizado el debate.

Pregunta 2

El segundo objetivo de esta unidad es de naturaleza informática.

A lo largo de la asignatura os proporcionaremos algunos materiales, casos de estudio y otros ejemplos para que podáis practicar.

Habitualmente la forma en que lo haremos no consistirá (o no consistirá *únicamente*) en enviaros un archivo o compartir un documento sino que os facilitaremos un enlace a un repositorio de [github](#), que vosotros podréis clonar en vuestro ordenador. Para ello deberéis crear un proyecto de Rstudio bajo control de versión con git y clonar el repositorio a partir de la dirección que os facilitaremos.

En el apartado de recursos del aula encontraréis un documento “Usando git con R y Rstudio.pdf” que describe como trabajar con git y github desde Rstudio, para quienes que no estéis familiarizados con el control de versiones con este software.

El objetivo de esta segunda parte de la actividad es, que os familiaricéis con Bioconductor a la vez que lo hacéis con los repositorios de github. A tal fin tenéis que clonar el siguiente repositorio con el que trabajaremos más adelante en el curso:

https://github.com/aspteaching/Omics_Data_Analysis-Case_Study_0-Introduction_to_BioC/

Como podéis leer en el documento *Usando git con R y Rstudio.pdf*, para hacerlo, tan sólo necesitáis tener “git” instalado en vuestro ordenador y, crear un proyecto de R bajo control de versión con git.

Una vez hayáis clonado el repositorio podéis recorrer el documento que ofrece una introducción a las clases (OOP) de Bioconductor y en concreto a la clase `ExpressionSet` para el manejo de datos omicos con estructura tabular como los que veremos en las próximas actividades..

Como muestra de vuestra comprensión de este documento debéis realizar el ejercicio que aparece al final del mismo y que consiste básicamente en:

1. Seleccionar un *dataset* de GEO ([Gene Expression Omnibus](#)) de la lista que se presenta en el documento “GEOdatasets_enhanced.xls” disponible en los recursos de la actividad.
2. Leer los datos desde GEO utilizando el paquete `GEOquery`. Esto os proporcionará un objeto clase `expressionSet` con los datos normalizados y una tabla adicional con información sobre el estudio.
3. Determinar la estructura de los datos (filas, columnas) y el diseño del estudio (grupos de muestras o individuos, tratamientos si los hay, etc.) que los ha generado.
 - La información del experimento podéis descargarla también de GEO, bien con `GEOquery` si proporcionáis el identificador de dataset GDSxxxx o accediendo a la página del estudio.

Compartid en el foro vuestras dudas y dificultades (si las tenéis). Dado que se trata de una actividad no evaluable podéis pedir o proporcionar ayuda sobre como resolverla.

Compilad un documento pdf con vuestras respuestas y entregadlo por el buzón del aula