

Tarea 4.3 – RNA-seq Differential Expression (Paso 8)

Pamela González

2025-12-17

Contents

0.1	Introducción	1
0.2	Métodos	1
0.3	8. Prueba de expresión diferencial	1
0.4	Conclusiones	3

0.1 Introducción

La secuenciación de RNA (RNA-seq) permite cuantificar transcritos y comparar niveles de expresión génica entre condiciones. En este trabajo se analizan datos de *Sulfolobus acidocaldarius* para evaluar el efecto del medio de cultivo (planctónico vs biopelícula) y del genotipo (wildtype vs mutante *Lrs14-like*) sobre la expresión génica.

0.2 Métodos

El flujo general incluyó control de calidad, filtrado, alineamiento, conteo por gen y análisis de expresión diferencial. Los pasos 1–7 se ejecutaron en el servidor, y en este informe se presentan los resultados generados en el paso 8 (edgeR) a partir de los archivos ya descargados en la carpeta `results/diff_expr`.

0.3 8. Prueba de expresión diferencial

0.3.1 8.1 Directorios y verificación de resultados

```
## Directorio de resultados (buscando aquí):  
  
## C:/Users/pame5/Desktop/Tarea4.3/results/diff_expr  
  
## ¿Existe output_base?: TRUE  
  
## Contenido de output_base:  
  
## [1] "histograms"    "pseudocounts"  "pvalue_fdr"    "tables"  
  
##  
## Contenido de tables:
```

```

## [1] "table_de_genes_culture.csv"  "table_de_genes_genotype.csv"
##
## Contenido de pseudocounts:
##
## [1] "pair_expression_culture.pdf"  "pair_expression_genotype.pdf"
##
## Contenido de histograms:
##
## [1] "histograms_pvalue.pdf"

```

0.3.2 8.2 Resultados: expresión diferencial por medio de cultivo

```

##          logFC      logCPM      PValue        FDR
## Saci_1717 3.703873 11.036075 7.905020e-24 7.849685e-21
## Saci_1078 3.361133 12.065425 1.573246e-19 7.811168e-17
## Saci_2035 -2.898926 9.374041 4.461542e-13 1.476770e-10
## Saci_1952 2.393023 9.191711 1.165563e-10 2.432183e-08
## Saci_1953 2.154735 11.067516 1.224664e-10 2.432183e-08
## Saci_1226 2.378578 11.133507 4.026676e-10 6.664149e-08

```

0.3.3 8.3 Resultados: expresión diferencial por genotipo

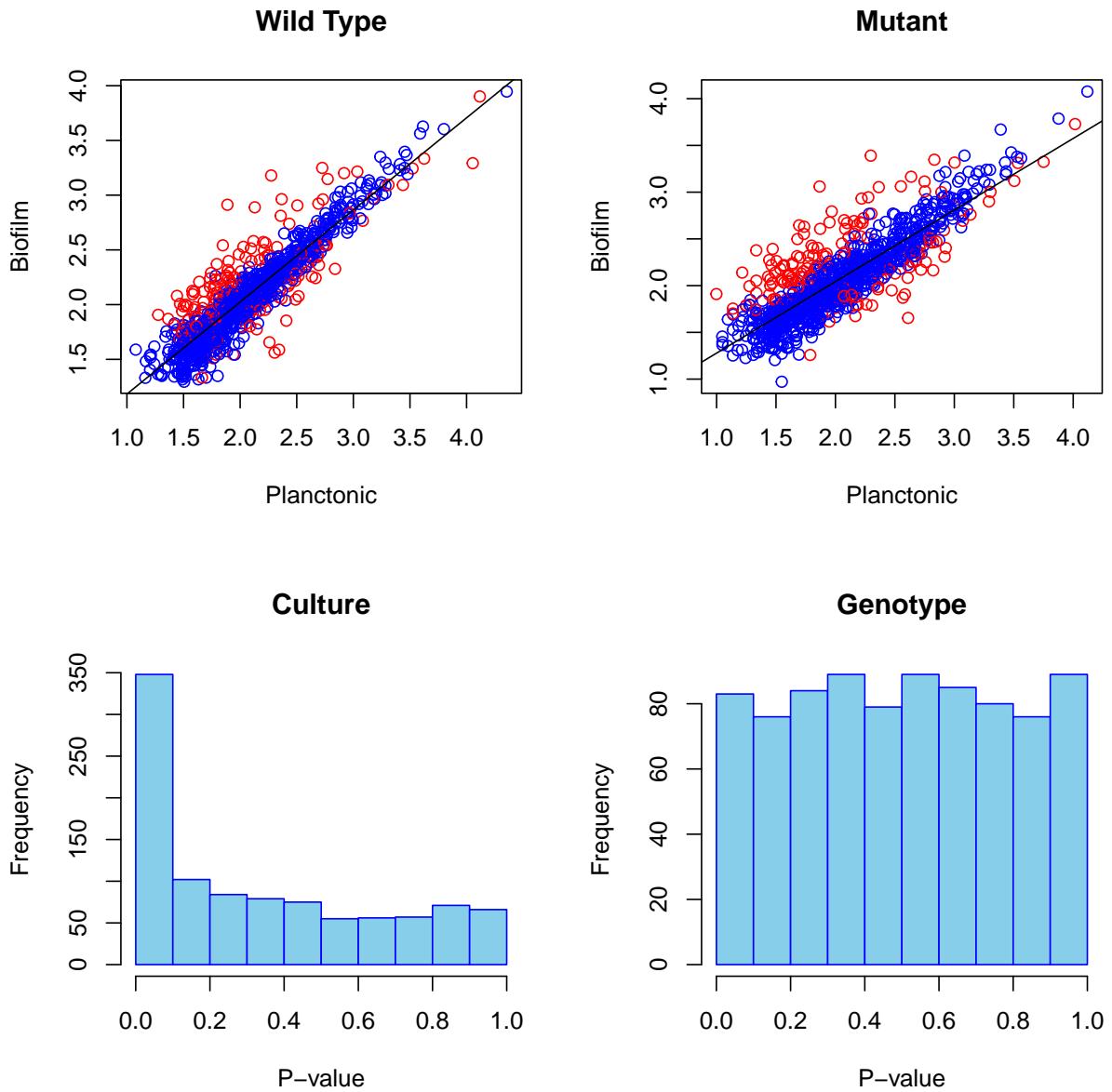
```

##          logFC      logCPM      PValue        FDR
## Saci_2195 2.206850 11.092771 1.029273e-10 8.542966e-08
## Saci_2207 1.369328 9.894604 2.617151e-04 1.086118e-01
## Saci_2057 -1.143487 8.872415 5.416287e-04 1.498506e-01
## Saci_1180 1.487972 8.178501 1.139288e-03 2.364022e-01
## Saci_1894 -1.099476 12.152496 2.024716e-03 3.361029e-01
## Saci_0317 -1.245367 7.653952 4.711503e-03 5.774394e-01

```

0.3.4 8.4 Visualización

A continuación se incluyen los gráficos generados durante el análisis (Paso 8):



0.4 Conclusiones

El análisis de expresión diferencial permitió identificar genes con cambios significativos asociados al medio de cultivo y al genotipo. Los resultados y visualizaciones incluidos en este informe corresponden a las tablas y figuras generadas durante la ejecución del paso 8 y almacenadas en la carpeta `results/diff_expr`.