

# 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

---

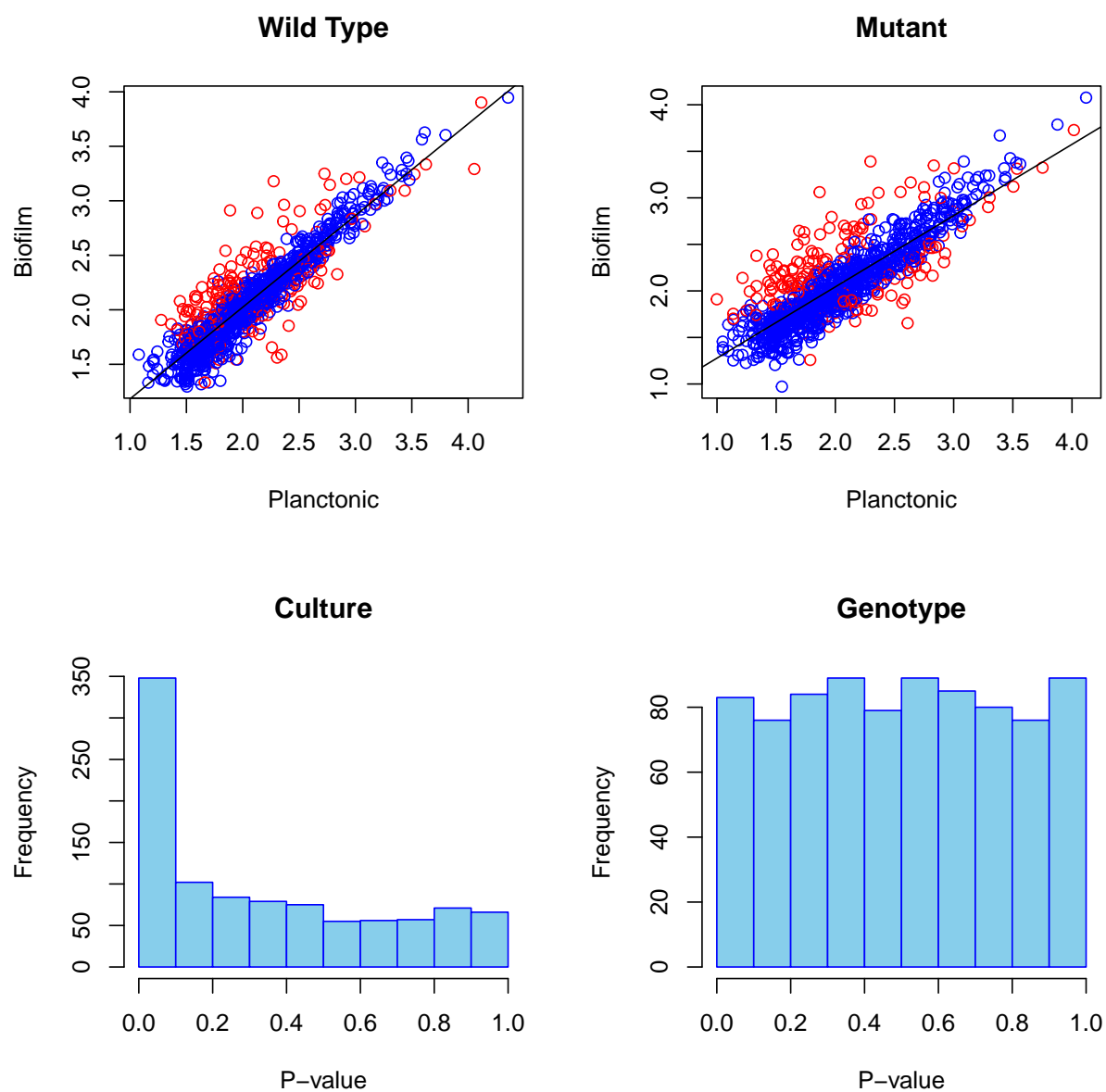
### 0.3.3 8.3 Resultados: expresión diferencial por genotipo

	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`.