

Bioinformática para genética de poblaciones

Autoras:

- Idalia C. Rojas Barrera
- Laura Figueroa Corona
- Daniela Felix

Índice del curso de precongreso de Bioinformática para genética de poblaciones.

Este curso es un extracto del Módulo II del curso de Genómica de Poblaciones, que estamos desarrollando los integrantes de la ReMBE. El curso será adaptado para cubrir el manejo de datos y su visualización, utilizando paquetes y librerías disponibles en RStudio.

Módulo II. Manejo de tablas de datos y visualización en R (6h)

2.1. R y R studio (Daniela)

2.2 Objetos de R (Daniela)

2.3 Formatos de datos en Bioinformática (<https://www.formbio.com/blog/your-essential-guide-different-file-formats-bioinformatics>, Idalia)

- 2.3.1 FASTA
- 2.3.2 Variant calling File (VCF)
- 2.3.3 Plink
- 2.3.4 Genepop (Daniela)
- 2.3.5 BAM, SAM, BED
- 2.3.6 GTF, GFF

2.4 Transformacion de formatos

- 2.4.1 PGD spider (<https://software.bioinformatics.unibe.ch/pgdspider/>)

PAUSA (15 min)

2.4 Tydverse package (<https://rpubs.com/paraneda/tidyverse>)

- 2.4.1
- 2.4.2 ... developing

2.5 Filtrado y edicion de tablas de datos (<https://www.stat.berkeley.edu/users/nolan/IntroRPgm/chap-DataFrame.html>)

PAUSA (15 min)

2.6 Visualización de datos genéticos (Gustavo)

- 2.6.1 Agrupamiento no supervisado: PCA , K-means
- 2.6.2 Phylogenies (Genes, SNPs): Neighbor-joining and Maximum Likelihood
- 2.6.3 Visualización de estadísticos de genética de poblaciones: Diversidad genética, índices