

Aspectos generales

Título:	Teoría y práctica en el análisis de datos ómicos con resolución unicelular
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
	Posgrado en Ciencias Bioquímicas Posgrado en Ciencias Biológicas
Área del conocimiento:	Genética, genómica y bioinformática
Semestre:	2025-2
Modalidad:	Tópico selecto
Horario:	Martes 16-19 h
No. sesiones:	16
Horas por sesión:	3.0
Total alumnos PDCB:	8
Total alumnos:	12
Videoconferencia:	No
Lugar donde se imparte:	Instituto de Investigaciones Biomédicas aula de cómputo (aula 10)
Informes:	alfredo.rodriguez@iibiomedicas.unam.mx

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
participación en clase	70%	
proyecto final	30%	

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

Este es un curso que complementará el currículum de los alumnos de la UNAM con interés en genómica, genética y bioinformática. Llevaremos a los alumnos del terreno de la secuenciación y análisis de datos en bulk, hacia el terreno de la resolución unicelular. Este curso introducirá al estado del arte en el análisis de datos con resolución unicelular, hasta las novedades en datos de transcriptómica y proteómica espacial en tejido. Los profesores tienen experiencia reconocida internacionalmente y son pioneros en México en el análisis de este tipo de datos.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Rodríguez Gómez Alfredo de Jesús
Teléfono:	(55) 41937409
Email:	alfredo.rodriguez@iibiomedicas.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
RODRÍGUEZ GÓMEZ ALFREDO DE JESÚS Responsable	Instituto de Investigaciones Biomédicas	Transcriptómica espacial con resolución unicelular Análisis funcionales Introducción a célula como objeto de estudio Introducción al análisis de imagen Ómica espacial Proyectos finales Tipos de resolución en las tecnologías ómicas
FURLAN MAGARIL MAYRA Integrante	Instituto de Fisiología Celular	Preparación de librerías de secuenciación Secuenciación de ARN unicelular

SILICEO PORTUGAL PABLO Integrante	INSTITUTO INVESTIGACIONES BIOMEDICAS	Análisis de datos de secuenciación de ARN unicelular Control de calidad Obtención de datos espaciales Procesamiento de matrices de conteo Softwares de análisis de datos de scRNAseq Visualización de datos
TOVAR ROMERO HUGO ANTONIO Integrante	INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA	Machine learning e inteligencia artificial
VALDES RODRÍGUEZ VICTOR JULIAN Integrante	Instituto de Fisiología Celular	Las ciencias ómicas Proteómica

Introducción

La obtención de datos con resolución unicelular está revolucionando los campos de la genómica, transcriptómica y proteómica. Las tecnologías para obtener información con resolución unicelular están evolucionando rápidamente y están siendo introducidas a México en años recientes, sin embargo aún existen pocos especialistas en su análisis.

En este curso proponemos introducir a los alumnos a la tecnologías ómicas con resolución unicelular y con resolución espacial.

El curso constará de sesiones teóricas y sesiones prácticas, o de workshop, donde los alumnos utilizarán datos reales para llevar a cabo practicas computacionales, donde ellos mismos procesarán y analizarán datos desde cero.

Temario

TEMARIO

28 ENERO (3 h)

DR. ALFREDO RODRÍGUEZ GÓMEZ

Introducción a célula como objeto de estudio.

04 FEBRERO (3 h)

DR. JULIANA VALDES RODRÍGUEZ

Las ciencias ómicas

Genómica

Transcriptómica

Epigenómica

11 FEBRERO (3 h)

DR. JULIANA VALDES RODRÍGUEZ

Las ciencias ómicas

Proteómica

Metabolómica

18 FEBRERO (3 h)

DR. ALFREDO RODRÍGUEZ GÓMEZ

Tipos de resolución en las tecnologías ómicas Bulk

Unicelular

Espacial

25 FEBRERO (3 h)

DRA. MAYRA FURLAN MAGARIL

Secuenciación de ARN unicelular

Métodos de preparación de tejidos

Disociación de tejido en suspensión unicelular

Conteo celular

Sorteo de células únicas

04 MARZO (3 h)

DRA. MAYRA FURLAN MAGARIL

Preparación de bibliotecas de secuenciación

Transcripción reversa

Barcoding

Métodos de secuenciación plate-based: SmartSeq2

Métodos de secuenciación droplet-based

Entendiendo el control de calidad en la scRNAseq

Evaluación de calidad y cantidad de amplicón de cDNA
Secuenciación de nueva generación

11 MARZO (3 h) WORKSHOP

BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Análisis de datos de secuenciación de ARN unicelular

Bases de datos

Pre-procesamiento de datos crudos

Alineamiento de lecturas con genoma de referencia

Archivos BCL

Archivos FASTQ

Matrices de conteo

18 MARZO (3 h) WORKSHOP

BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Software de análisis de datos de scRNAseq

Estructura de datos de scRNAseq Metadatos y tablas anotadas

Seurat

25 MARZO (3 h) WORKSHOP

BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Procesamiento de matrices de conteo

Control de calidad

Filtrado de células

Filtrado de genes

Métodos de normalización

Selección de genes variables

01 ABRIL (3 h) WORKSHOP

BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Batch effect

Métodos de integración Benchmarking

Reducción de dimensionalidad

PCA

Visualización de datos

UMAP

t-SNE

Clustering

Métodos de agrupación

Resolución de grupos

Anotación celular

Anotación manual

Anotación automática

08 ABRIL (3 h) WORKSHOP DR. HUGO TOVAR

Análisis funcionales

Expresión diferencial de genes

Enriquecimiento de vías Reguladores maestros

Trayectoria y pseudotiempo

Inferencia de variantes Comunicación celular

22 ABRIL (3 h)

DR. ALFREDO RODRÍGUEZ GÓMEZ

Óptica espacial

Introducción al análisis de imagen

29 ABRIL (3 h) WORKSHOP

BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Obtención de datos espaciales Segmentación celular

Cuantificación

Control de calidad Anotación celular Análisis espaciales

06 MAYO (3 h) WORKSHOP

DR. ALFREDO RODRÍGUEZ y BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL

Transcriptómica espacial con resolución unicelular

GeoMX

Visium

Xenium

13 MAYO (3 h)
DR. Dr. HUGO TOVAR ROMERO Y Biol. PABLO SILICEO PORTUGAL
Machine learning e inteligencia artificial
Redes neuronales
Modelos predictores
Pruebas de validación Tissue Dissociation

20 MAYO (3 h) WORKSHOP
DR. ALFREDO RODRIGUEZ y BIOL. PABLO SILICEO PORTUGAL
Proyectos finales

Bibliografía

- D'Adamo, G. L., Widdop, J. T., & Giles, E. M. (2021). The future is now? Clinical and translational aspects of "Omics" technologies. *Immunology and cell biology*, 99(2), 168-176.
- Schneider, M. V., & Orchard, S. (2011). Omics technologies, data and bioinformatics principles. *Bioinformatics for Omics Data: Methods and Protocols*, 3-30.
- Luecken, M. D., & Theis, F. J. (2019). Current best practices in single-cell RNA-seq analysis: a tutorial. *Molecular systems biology*, 15(6), e8746.
- Pool, A. H., Poldsam, H., Chen, S., Thomson, M., & Oka, Y. (2023). Recovery of missing single-cell RNA-sequencing data with optimized transcriptomic references. *Nature methods*, 20(10), 1506-1515.
- Dereli, Z., Bozorgui, B., Wang, H., Weinstein, J., Overman, M., & Korkut, A. (2024). A spatially resolved single cell proteomic atlas of small bowel adenocarcinoma. *Cancer Research*, 84(6_Supplement), 3646-3646.
- Cervilla, S., Grases, D., Perez, E., Musulen, E., Real, F. X., Esteller, M., & Porta-Pardo, E. (2024). Comparison of spatial transcriptomics technologies across six cancer types. *bioRxiv*, 2024-05.
- Chen, C., Chen, X., Hu, Y., Pan, B., Huang, Q., Dong, Q., ... & Chen, X. (2024). Utilizing machine learning to integrate single-cell and bulk RNA sequencing data for constructing and validating a novel cell adhesion molecules related prognostic model in gastric cancer. *Computers in Biology and Medicine*, 180, 108998.
- Hernandez, S., Lazcano, R., Serrano, A., Powell, S., Kostousov, L., Mehta, J., ... & Solis, L. M. (2022). Challenges and opportunities for immunoprofiling using a spatial high-plex technology: the NanoString GeoMx® digital spatial profiler. *Frontiers in oncology*, 12, 890410.

Observaciones

Se utilizarán las computadoras del aula de cómputo 10 del Instituto de Investigaciones Biomédicas.

Los alumnos deben de tener conocimiento de programación en R y/o en Python. El curso incluirá sesiones teóricas y workshops con sesiones prácticas.

Las partes prácticas del programa se llevarán a cabo en "google colab" para homogeneizar el flujo de los scripts y evitar problemas de memoria en computadoras personales. Para esto se les solicitará a los alumnos que tengan una cuenta de gmail disponible.

Los programas utilizados se descargarán previamente en las computadoras disponibles.

La mayoría de las bases de datos a utilizar son de dominio público o se les proporcionarán a los alumnos.