

Aspectos generales

Título:	Analisis de datos de RNA-seq
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
Posgrado en Ciencias Bioquímicas	
Área del conocimiento:	Genética, genómica y bioinformática
Semestre:	2026-2
Modalidad:	Curso fundamental
Horario:	Jueves de 10:00 a 13:00
No. sesiones:	16
Horas por sesión:	3.0
Total alumnos PDCB:	30
Total alumnos:	40
Videoconferencia:	Si
Lugar donde se imparte:	Aula del posgrado en el Centro de Ciencias Genomicas UNAM campus Cuernavaca
Informes:	dcortez@ccg.unam.mx

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Ejercicios semanales	50%	Cada semana los alumnos desarrollarán ejercicios prácticos sobre lo que se vea en la clase. Se calificará que se hayan hecho los ejercicios.
Examen final	20%	AL finalizar el curso, se dejará un ejercicio final y los alumnos, durante la última sesión, presentarán qué pasos siguieron para resolverlo.
Participación en la clase	30%	Durante la clase, se tomará en cuenta la participación con preguntas y haciendo comentarios sobre los ejercicios semanales.

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

Un gran número de estudiantes del PDCB requiere del análisis de datos de RNAseq para sus proyectos. Generalmente se inscriben al curso estudiantes que están trabajando con esos datos o que los van a producir durante el transcurso de la tesis. El curso es teórico/práctico donde revisamos las herramientas más utilizadas en la comunidad genómica y que sirven como base para que los estudiantes tengan las habilidades para que después encuentren herramientas más especializadas según sus proyectos.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Cortez Quezada Diego Claudio
Teléfono:	(777) 3134152
Email:	dcortez@ccg.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
--------------	-----------------------	----------

CORTEZ QUEZADA DIEGO CLAUDIO Responsable	Centro de Ciencias Genómicas	Alineamiento de lecturas contra genomas de referencia Análisis de calidad de lecturas y trimming de adaptadores Análisis de enriquecimiento funcional (COG, GO, eggNOG, KEGG). Uso de datos de transcriptómica para refinar la anotación de genes Análisis de expresión diferencial y visualización de resultados en R. Uso de otros métodos de visualización (PCA, clustering, redes) y mejores prácticas al hacer gráficas Cálculo de niveles de expresión Diseño experimental Ensamblaje de transcritos sin genomas de referencia Examen final Introducción: Transcripción, regulación de la transcripción; diferencias entre procariontes y eucariontes Repaso Repaso II Tecnologías y estrategias de secuenciación de RNA-Seq
FORMEY DE SAINT LOUVENT DAMIEN JEAN RENÉ Integrante	Centro de Ciencias Genómicas	micro RNAs con función reguladora
GRANDE CANO RICARDO Integrante	Instituto de Biotecnología	Métodos de extracción de RNA y preparación de librerías para RNAseq
RENDÓN BAUTISTA LUIS ALFREDO Integrante	Instituto de Fisiología Celular-UNAM	Single-cell RNAseq parte 1 Single-cell RNAseq parte 2

Introducción

El curso de análisis de datos de RNAseq es teórico y práctico. Durante el semestre, revisamos conceptos y herramientas sobre el manejo y análisis de datos de transcriptómica. Después, los estudiantes los llevan a la práctica con ejercicios sencillos en el servidor para cursos del Centro de Ciencias Genómicas. Este próximo semestre incluiremos el análisis de datos de single-cell RNAseq.

La biología que se realiza en la actualidad recae en análisis que involucran la generación de datos de secuenciación masiva. Por ejemplo, la transcriptómica estudia los ARN que se producen en las células con la finalidad de entender procesos celulares importantes. Específicamente, la secuenciación masiva de los ARN nos permite estudiar los niveles globales de expresión de los genes y sus cambios en determinadas condiciones experimentales. El estudio de microRNA y lncRNA nos permite explorar la regulación postranscripcional.

En este curso exploraremos las bases de la transcripción y la valiosa información que podemos recabar a través de la secuenciación de mRNA, microRNA y lncRNA. Asimismo, exploraremos la mejor forma de planear un experimento que involucre la secuenciación de estas moléculas y las herramientas más eficientes para trabajar con los millones de datos de secuenciación que se producen típicamente en un experimento.

Temario

Jueves 5 de febrero
Introducción: Transcripción, regulación de la transcripción; diferencias entre procariontes y eucariontes [Diego Cortez]

Jueves 12 de febrero
Tecnologías y estrategias de secuenciación de RNA-Seq [Diego Cortez]

Jueves 19 de febrero
Diseño experimental [Diego Cortez]

Jueves 26 de febrero
Métodos de extracción de RNA y preparación de librerías para RNAseq [Ricardo Grande]

Jueves 5 de marzo
Análisis de calidad de lecturas y trimming de adaptadores [Diego Cortez]

Jueves 12 de marzo
Alineamiento de lecturas contra genomas de referencia [Diego Cortez]

Jueves 19 de marzo
Ensamblaje de transcritos sin genomas de referencia [Diego Cortez]

Jueves 26 de marzo
Cálculo de niveles de expresión [Diego Cortez]

Jueves 9 de abril

Repaso [Diego Cortez]

Jueves 16 de abril

Análisis de expresión diferencial y visualización de resultados en R. Uso de otros métodos de visualización (PCA, clustering, redes) y mejores prácticas al hacer gráficas [Diego Cortez]

Jueves 23 de abril

Análisis de enriquecimiento funcional (COG, GO, eggNOG, KEGG). Uso de datos de transcriptómica para refinar la anotación de genes. [Diego Cortez] [Diego Cortez]

Jueves 30 de abril

micro RNAs con función reguladora [Damien Formey]

Jueves 7 de mayo

Repaso [Diego Cortez]

Jueves 14 de mayo

Single-cell RNAseq parte 1 [Luis Alfredo Rendón]

Jueves 21 de mayo

Single-cell RNAseq parte 2 [Luis Alfredo Rendón]

Jueves 28 de mayo

Examen final

Bibliografía

1. Conesa, A. et al. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. *Genome Biology* volume 17, Article number: 13 (2016). doi:10.1186/s13059-016-0881-8.
2. Grabherr, M. G. et al. Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. *Nature Biotechnology* volume 29, pages 644–652 (2011). <https://www.nature.com/articles/nbt.1883>.
3. Field Guidelines for Genetic Experimental Designs in High-Throughput Sequencing. 2016. Editors: Aransay, Ana M., Lavin Trueba, Jose Luis. Springer.
4. Differential analysis of gene regulation at transcript resolution with RNA-seq. Cole Trapnell*, David Hendrickson*, Martin Sauvageau, Loyal Goff, John L. Rinn, Lior Pachter. *Nature Biotechnology* volume 31, pages 46–53 (2013). <https://www.nature.com/articles/nbt.2450>.
5. Ewels, P. A., Peltzer, A., Fillinger, S. et al. The nf-core framework for community-curated bioinformatics pipelines. *Nat Biotechnol* 38, 276–278 (2020). DOI: <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0439-x>
Página oficial del pipeline: <https://nf-co.re/rnaseq>