

## B.2 ANÁLISIS DE SECUENCIACIÓN DE RNA: TRANSCRIPTÓMICA

**MATERIA:** Análisis de secuenciación de RNA: Transcriptómica / RNA sequencing analysis: transcriptomics

Módulo al que pertenece: Análisis Bioinformático

Tipo: Obligatoria

ECTS: 3.5

Semestre: 2

Lenguas en las que se imparte: español, inglés

Modalidad de enseñanza: presencial

### COMPETENCIAS:

#### Básicas / Generales:

CB1. Comprender los **conceptos fundamentales** relacionados con la problemática biosanitaria desde el punto de vista de la **bioinformática** y el manejo de grandes volúmenes de datos ómicos.

CB2. Que los estudiantes sepan **aplicar** sus **conocimientos** a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y resolución de problemas dentro de su área de estudio.

CB3. Que los estudiantes tengan la capacidad de **reunir e interpretar datos relevantes** a partir de repositorios públicos de datos bioinformáticos u otras fuentes de datos, para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.

CB4. Que los estudiantes puedan **transmitir información**, ideas, problemas y soluciones relacionadas con el ámbito de la bioinformática a un público tanto especializado como no especializado.

CG1: Desarrollar una **capacidad crítica en el análisis de datos ómicos**, desde los distintos puntos de vista del problema (estadístico, matemático, computacional, biológico, etc.)

#### Específicas:

CE1. **Gestionar grandes volúmenes de información** y estructuras de datos matriciales.

CE3. Desarrollar las capacidades para **combinar y adaptar aproximaciones existentes** para abordar las características específicas de un problema bioinformático.

CE4. Capacidad para **aplicar métodos estadísticos** de modelado o análisis, e interpretar los resultados obtenidos.

CE5. Manejar con soltura los conceptos fundamentales de las áreas relacionadas con la bioinformática, especialmente respecto a la **biología celular, la genética y las diversas ramas de la biotecnología**.

### RESULTADOS DE APRENDIZAJE PREVISTOS:

Como resultados de aprendizaje el estudiante tendrá un conocimiento y capacidad amplia para analizar datos de expresión ómica, orientados a la tecnología más actual, RNA-Seq, pero sin perjuicio de comprender tecnologías anteriores como los microarrays u otras tecnologías actuales hermanas; y de ser capaz de aplicar la teoría computacional y estadística subyacente a cualquier otro conjunto de datos que represente abundancia, ya sea en genómica, proteómica o transcriptómica, o incluso en otras disciplinas.

### BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS:

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos

- 1) Expresión: matriz de expresión, co-expresión, cambio de expresión, log fold change
- 2) Análisis de expresión: expresión diferencial y significatividad estadística, limma, clustering jerárquico, enriquecimiento funcional
- 3) RNA-Seq: tecnología, TPM y FPKM, herramientas: ballgown, DEseq, edgeR, quSAGE, otras. Aplicación a datos reales. Cuantificación de transcritos anotados y no anotados, splicing alternativo.

**OBSERVACIONES****(Requisitos previos, coordinación. Otras)**

Es necesario por un lado que el estudiante tenga claros los conceptos básicos del dogma central de la biología molecular así como de los distintos aspectos de la estructura del genoma (ORFs, CDSs, genes, intrones y exones, UTRs, etc.) que se obtienen en la asignatura del primer semestre Conceptos Biomédicos o equivalente si se encuentra convalidada.

Por otro lado, es requisito indispensable tener conocimientos de R (compilación, variables y funciones, paquetes) y de análisis básico estadístico (significación estadística, modelos lineales) obtenidos en las asignaturas Programación en R y Estadística del primer semestre.

Por último, el análisis en RNA-Seq suele venir precedido de un análisis de la secuencia similar al utilizado en otras técnicas de alto rendimiento (high-throughput), en particular del alineamiento y ensamblado de lecturas de transcritos, con lo cual la asignatura Análisis de Secuencia del segundo semestre tendrá una relación directa con esta asignatura.

**ASIGNATURAS QUE COMPONEN LA MATERIA:**

**Asignatura 1:** Análisis de expresión: RNA-Seq

Carácter: Obligatoria

ECTS: 3.5

Unidad temporal: 2º semestre

Lenguas en las que se imparte: español, inglés

**ACTIVIDADES FORMATIVAS**

Actividad Formativa		Horas de dedicación presencial del estudiante		Horas de trabajo personal del estudiante.		Porcentaje de presencialidad
Clases teóricas		10		5		66%
Clases prácticas en ordenadores		25		25		50%
Realización de trabajos e informes		0		22		0
Total Horas	87	Total horas Presenciales	35	Total Horas Trabajo Autónomo	52	

**SISTEMAS DE EVALUACION**

Prueba de evaluación	Ponderación máxima	Ponderación mínima
Evaluación continua	30	20
Trabajos e informes	100	80
Examen final	40	0