



Curso Online de Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

Aplicación práctica del análisis RNA-Seq con Galaxy en investigaciones clínicas sin escribir una línea de código.




Iniciativas Empresariales
| estrategias de formación



Tel. 900 670 400 - attcliente@iniciativasempresariales.com
www.iniciativasempresariales.com

BARCELONA - BILBAO - MADRID - SEVILLA - VALENCIA - ZARAGOZA

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

Presentación

El análisis de datos transcriptómicos mediante RNA-Seq se ha convertido en una herramienta esencial para la investigación biomédica, la industria farmacéutica y el ámbito clínico. Sin embargo, su aplicación suele estar limitada por la necesidad de conocimientos en programación y bioinformática.

Este curso ofrece una solución accesible para profesionales que desean comprender y aplicar este análisis sin necesidad de programar utilizando Galaxy, una plataforma bioinformática intuitiva y basada en la web. En él se abordará el flujo de trabajo completo, desde la obtención y preprocesamiento de datos hasta el análisis de expresión diferencial y enriquecimiento funcional.

El objetivo final es que pueda aplicar los conocimientos adquiridos para analizar datasets propios o públicos en un contexto biomédico o farmacéutico. Esto posibilita que tanto investigadores individuales como equipos en hospitales, laboratorios y empresas farmacéuticas puedan integrar el análisis RNA-Seq en sus estudios, optimizando la toma de decisiones y la interpretación de resultados con herramientas accesibles y visuales.

La Formación E-learning

Los cursos online se han consolidado como un método educativo de éxito en la empresa ya que aportan flexibilidad al proceso de aprendizaje, permitiendo al alumno escoger los momentos más adecuados para su formación. Con más de 35 años de experiencia en la formación de directivos y profesionales, Iniciativas Empresariales y la Manager Business School presentan sus cursos e-learning. Diseñados por profesionales en activo, expertos en las materias impartidas, son cursos de corta duración y eminentemente prácticos, orientados a ofrecer herramientas de análisis y ejecución de aplicación inmediata en el puesto de trabajo.

Nuestros cursos e-learning dan respuesta a las necesidades formativas de la empresa permitiendo:

1

La posibilidad de **escoger** el momento y lugar más adecuado para su formación.

2

Interactuar con otros estudiantes enriqueciendo la diversidad de visiones y opiniones y su aplicación en situaciones reales.

3

Aumentar sus capacidades y competencias en el puesto de trabajo en base al estudio de los casos reales planteados en el curso.

4

Trabajar con los recursos que ofrece el entorno on-line.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

Objetivos del curso:

- Comprender los conceptos fundamentales de la transcriptómica y sus tecnologías y principales aplicaciones en distintos campos relacionados con la biomedicina, la industria farmacéutica y la industria clínica.
- Explorar los conceptos fundamentales del RNA-Seq, qué es y cómo funciona, los distintos tipos que podemos encontrar, así como sus principales ventajas y desventajas respecto a otros métodos ómicos.
- Reconocer los errores más frecuentes en el diseño experimental y aplicar estrategias para su optimización.
- Conocer los formatos de archivo más comunes que encontraremos a lo largo de un análisis RNA-Seq, así como las principales plataformas utilizadas para obtenerlos.
- Describir los principales aspectos a considerar sobre la calidad de los datos y su impacto en el análisis transcriptómico.
- Utilizar la plataforma Galaxy para implementar un análisis completo de RNA-Seq, incluyendo la importación y el preprocesamiento de los datos, así como el análisis, representación visual e interpretación de los resultados.
- Comprender los principios de la expresión diferencial y aplicar este análisis a datos de RNA-Seq usando Galaxy.
- Comprender y aplicar métodos de análisis de enriquecimiento funcional para la identificación de procesos biológicos relevantes.
- Conocer las principales bases de datos de anotación y caracterización de genes, como NCBI Gene, Ensembl y GeneCards.
- Visualizar genes de interés en el UCSC Genome Browser y explorar patrones de expresión en bases de datos como Human Protein Atlas.
- Utilizar herramientas basadas en bases de datos para la identificación de interacciones con genes o proteínas (STRING) y con fármacos (Pandrugs2).

Dirigido a:

- Investigadores en biomedicina, farmacia y ciencias de la salud que quieran integrar el análisis transcriptómico en sus estudios sin necesidad de programar.
- Profesionales de laboratorios clínicos y hospitales que trabajan con muestras biológicas y quieren aplicar el RNA-Seq para identificar biomarcadores o patrones de expresión.
- Personal técnico y científico de la industria farmacéutica o biotecnológica, especialmente de departamentos de I+D o de validación preclínica.
- Otros profesionales y estudiantes de biología molecular, genética, bioquímica, biotecnología o similares que busquen adquirir competencias prácticas en el análisis ómico sin necesidad de aprender a programar.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

Estructura y Contenido del curso

El curso tiene una duración de 50 horas lectivas 100% online que se realizan a través de la plataforma e-learning de Iniciativas Empresariales que permite el acceso de forma rápida y fácil a todo el contenido:

Manual de Estudio

5 módulos de formación que contienen el temario que forma parte del curso y que ha sido elaborado por profesionales en activo expertos en la materia.

Material Complementario

En cada uno de los módulos que le ayudará en la comprensión de los temas tratados.

Ejercicios de aprendizaje y pruebas de autoevaluación

para la comprobación práctica de los conocimientos adquiridos.

Bibliografía y enlaces de lectura recomendados para completar la formación.

Metodología 100% E-learning



Aula Virtual *

Permite el acceso a los contenidos del curso desde cualquier dispositivo las 24 horas del día los 7 días de la semana.

En todos nuestros cursos es el alumno quien marca su ritmo de trabajo y estudio en función de sus necesidades y tiempo disponible.



Soporte Docente Personalizado

El alumno tendrá acceso a nuestro equipo docente que le dará soporte a lo largo de todo el curso resolviendo todas las dudas, tanto a nivel de contenidos como cuestiones técnicas y de seguimiento que se le puedan plantear.



* El alumno podrá descargarse la APP Moodle Mobile (disponible gratuitamente en Google Play para Android y la Apple Store para iOS) que le permitirá acceder a la plataforma desde cualquier dispositivo móvil y realizar el curso desde cualquier lugar y en cualquier momento.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

Contenido del Curso

MÓDULO 1. Introducción al análisis transcriptómico y RNA-Seq

12 horas

La transcriptómica es una de las disciplinas fundamentales dentro de las ciencias ómicas y se encarga del estudio del conjunto completo de transcritos presentes en una célula o tejido en un momento determinado. Permite comprender cómo los genes se expresan y regulan en distintos contextos biológicos, lo que la convierte en una herramienta clave en muchas disciplinas de investigación biológica. Un método moderno de análisis transcriptómico es la tecnología de secuenciación de ARN o RNA-Seq que se ha convertido en una herramienta clave para el estudio de la expresión génica, permitiendo analizar de manera detallada los perfiles transcriptómicos en distintas condiciones.

1.1. Fundamentos de la transcriptómica:

1.1.1. Introducción a las ciencias ómicas:

1.1.1.1. El dogma central de la biología molecular.

1.1.1.2. Las principales capas ómicas en biología molecular.

1.1.2. Métodos transcriptómicos para cuantificar la expresión génica:

1.1.2.1. Métodos de bajo rendimiento.

1.1.2.2. Métodos de alto rendimiento.

1.1.3. Aplicaciones en biomedicina, industria farmacéutica y clínica.

1.2. Conceptos clave de RNA-Seq:

1.2.1. Definición y tipos de RNA-Seq.

1.2.2. Flujo de trabajo general de bulk RNA-Seq:

1.2.2.1. Protocolo de laboratorio.

1.2.2.2. Protocolo de análisis bioinformático.

1.2.3. Ventajas e inconvenientes sobre otras tecnologías.

1.3. Diseño experimental en RNA-Seq:

1.3.1. Consideraciones iniciales y definición del objetivo del estudio:

1.3.1.1. Selección de muestras.

1.3.1.2. Selección de réplicas técnicas y biológicas.

1.3.1.3. Selección de estrategia de secuenciación.

1.3.2. Efecto batch y factores de confusión.

1.4. Introducción a Galaxy:

1.4.1. ¿Qué es Galaxy y por qué usarlo?

1.4.1.1. Funcionalidades y herramientas principales.

1.4.1.2. ¿Es mejor no programar?

1.4.2. Creación de una cuenta en Galaxy.

1.4.3. Exploración de los elementos principales de la interfaz.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

MÓDULO 2. Obtención y procesamiento de datos RNA-Seq

12 horas

El análisis de datos RNA-Seq requiere la manipulación de múltiples formatos de archivo que contienen información clave sobre la secuenciación, alineamiento y anotación de los transcritos. Además, existen diversas bases de datos públicas que proporcionan datos de RNA-Seq de alta calidad, facilitando estudios de expresión génica sin necesidad de generar nuevas secuencias.

2.1. Tipos y fuentes de datos:

2.1.1. Tipos de datos durante el análisis:

- 2.1.1.1. Datos crudos.
- 2.1.1.2. Archivos de referencia.
- 2.1.1.3. Archivos de alineamiento.
- 2.1.1.4. Archivos de cuantificación.
- 2.1.1.5. Archivos auxiliares y de control de calidad.
- 2.1.2. Fuentes de datos públicos y descarga de datos.

2.2. Control de calidad:

- 2.2.1. Importancia de la calidad de los datos.
- 2.2.2. Puntos de control de calidad durante el preprocesamiento:
 - 2.2.2.1. Control de calidad de lecturas crudas.
 - 2.2.2.2. Control de calidad de alineamiento.
 - 2.2.2.3. Control de calidad de cuantificación.
 - 2.2.2.4. Control de calidad de reproducibilidad.

2.3. Preprocesamiento de datos con Galaxy:

- 2.3.1. Caso de estudio.
- 2.3.2. Importación de los datos crudos.
- 2.3.3. Preprocesamiento de las lecturas.
- 2.3.4. Alineamiento.
- 2.3.5. Cuantificación.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

MÓDULO 3. Análisis de expresión diferencial

12 horas

El análisis de expresión diferencial es una herramienta esencial en transcriptómica, proporcionando información clave sobre genes regulados en distintos contextos biológicos. Consiste en la identificación de aquellos genes que presentan cambios significativos en sus niveles de expresión entre diferentes condiciones biológicas o experimentales. Su correcta interpretación requiere un enfoque crítico que combine estadística, biología funcional y validación experimental.

3.1. Conceptos básicos de expresión diferencial:

3.1.1. Definición e interpretación de la expresión diferencial:

3.1.1.1. Normalización de datos.

3.1.1.2. Interpretación y consideraciones estadísticas.

3.1.2. Métodos más utilizados de expresión diferencial.

3.2. Análisis de expresión diferencial con Galaxy:

3.2.1. Configuración de factores y niveles en base a metadatos.

3.2.2. Análisis de expresión diferencial e interpretación de resultados.

3.2.3. Visualización de datos de expresión diferencial:

3.2.3.1. Gráficos para evaluar la reproducibilidad de las muestras.

3.2.3.2. Gráficos para interpretar la expresión diferencial.

MÓDULO 4. Análisis de enriquecimiento funcional

8 horas

El análisis de enriquecimiento funcional es una metodología bioinformática utilizada para interpretar listas de genes o proteínas en un contexto biológico. Su objetivo principal es identificar funciones biológicas, procesos celulares o rutas metabólicas sobrerrepresentadas en un conjunto de datos, en comparación con un fondo de referencia.

4.1. Conceptos básicos de enriquecimiento funcional:

4.1.1. Definición y consideraciones iniciales sobre el enriquecimiento funcional.

4.1.2. Bases de datos enriquecimiento funcional.

4.1.3. Métodos más utilizados de enriquecimiento funcional.

4.2. Análisis de enriquecimiento funcional en Galaxy:

4.2.1. Análisis de sobrerrepresentación (ORA).

4.2.2. Gene Set Enrichment Analysis (GSEA):

4.2.2.1. Fundamentos básicos de GSEA.

4.2.2.2. Preranked GSEA en Galaxy.

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

MÓDULO 5. Otros recursos para el análisis de genes de interés

6 horas

Generalmente, en estudios de RNA-Seq se seleccionan unos pocos genes candidatos entre los diferencialmente expresados para utilizarlos como biomarcadores o validarlos por mutagénesis o delección. Para seleccionar estos genes es necesario analizarlos en su contexto biológico. El primer paso es consultar su anotación y caracterización general para lo que existen bases de datos especializadas que recopilan información sobre la secuencia del gen, sus transcritos, variantes, funciones biológicas y relación con enfermedades. Estas herramientas permiten obtener una visión completa de la información disponible sobre el gen de interés.

5.1. Identidad y función:

5.1.1. Anotación a nivel de gen (NCBI Gene).

5.1.2. Anotación a nivel de proteína (UniProt).

5.2. Contexto genómico (UCSC Genome Browser).

5.3. Patrón de expresión:

5.3.1. GTEx (Genotype-Tissue Expression Project).

5.3.2. Expression Atlas (EMBL-EBI).

5.4. Redes de interacción (STRING).

Procesamiento y análisis de Datos Transcriptómicos (RNA-Seq) sin programación

RNA

Autor



Laura Serrano

Profesional de la biotecnología y bioinformática con experiencia en la utilización de técnicas de programación y aprendizaje automático para responder a preguntas biológicas mediante el análisis de datos NGS (RNAseq, RNAseq de células individuales). Actualmente trabaja como analista de datos en el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO).

Titulación

Una vez finalizado el curso el alumno recibirá el diploma que acreditará el haber superado de forma satisfactoria todas las pruebas propuestas en el mismo.

