

# Introducción al análisis de datos ómicos

24-25-26 de noviembre de 2025

De 09:00 a 13:00 h.

**Presencial** Aula Eloy López (HU-FJD) Hospital Universitario Fundación Jiménez Díaz

Imparte: Unidad de Bioinformática del Instituto de Investigación Sanitaria de la Fundación Jiménez Díaz (IIS-FJD)

Dirigido a: Personal investigador y técnico del IIS-FJD

Inscripciones: https://forms.office.com/e/4748ia8Bpa?origin=lprLink

Horas lectivas: 9.5 Número de plazas: ~40

Criterios de selección: Se priorizará que todos los laboratorios tengan acceso al curso con al menos una persona,

el resto de plazas se asignará en conversación con el grupo o por orden de inscripción.

Control de asistencia: Hoja de firmas

Requerimientos: Aunque las prácticas serán guiadas, se aconseja traer un ordenador portátil.

#### **PROGRAMA**

#### DÍA 1

Introducción al curso y a la Unidad de Bioinformática del IIS-FJD

Ponente: Pablo Mínguez

Módulo 1: Análisis Genómico. Bases de datos, protocolos (pipelines) detección de variantes y análisis.

Ponente: Graciela Uría Regojo

Duración: 3 horas

## **Contenido:**

- Tipos de variantes genómicas (germinales, somáticas, SNVs, CNVs..) y sus particularidades durante su análisis bioinformático.
- Pipelines DNA Seq: Fases y herramientas utilizadas en la detección de variantes genómicas.
- Sesión Práctica 1: Explorar los resultados de la detección de variantes genómicas mediante IGV (lecturas mapeadas, variantes y haplotipos con IGV).
- Bases de datos y recursos bioinformáticos para el análisis de variantes genómicas germinales.
- Bases de datos y recursos bioinformáticos para el análisis de variantes genómicas somáticas.
- Sesión Práctica 2: Interpretación de resultados genómicos: Priorización de SNVs.
- Preguntas y comentarios

#### DÍA 2

Módulo 2: Análisis Transcriptómico. Aplicaciones, pasos de una pipeline de cuantificación de expresión, análisis exploratorio de las muestras, normalizaciones y expresión diferencial.

Ponente: Yolanda Benítez Duración: 3 horas

### **Contenido:**

- Aplicaciones del RNA-seq cuantitativo y cualitativo
- Pipeline de RNA-seq
  - Secuenciación: Plataformas de secuenciación, nº réplicas, tamaño lectura, single-end/paired-end y profundidad de secuenciación. Formatos de ficheros FASTA/FASTQ.
  - Control calidad: FastQC y métricas que reporta

  - Filtering and trimming: cortar adaptadores y secuencias con baja calidad, filtrar por calidad o tamaño (miRNAseq) Mapeo. Alineadores (Bowtie2, TopHat, STAR). Genomas de referencia (recursos). Formatos de ficheros SAM/BAM.
  - Cuantificación: htseqcount y consideraciones (alineamientos secundarios y lecturas ambiguas). Ficheros de
  - anotación (GTF y GFF) y recursos. Expresión diferencial: paquetes (DESeq2 y NOISeq)
  - Sesgos potenciales.
    - Análisis exploratorio (PCA)

    - Normalización intra- e inter-muestra
    - Expresión diferencial: métodos paramétricos y no paramétricos
  - Single cell y spatial transcriptomics Preguntas y comentarios

# DÍA 3

Módulo 3: Análisis e interpretación funcional de experimentos ómicos. Bases de datos, programas de enriquecimiento funcional y de análisis de redes biológicas.

Ponente: Pablo Mínguez Duración: 3 horas Contenido:

- Bases de datos, ontologías y recursos ómicos: GeneCards, UniProt, KEGG, Gene Ontology, GeneAtlas, STRING, TCGA Programas de enriquecimiento funcional: Panther, EnrichR, GSEA
  - Prácticas Panther, EnrichR, ShinyGO, GSEA
- Análisis de redes: STRING, GeneMania, STITCH.
- Prácticas STRING Predicción de nuevas asociaciones gen-enfermedad: DisGeNET, GLOWgenes, DISEASES
- Preguntas y comentarios

Módulo 4: Plan de gestión de datos ómicos. Recursos para la compartición de datos genómicos y transcriptómicos.

Ponente: Pablo Mínguez Duración: 0.5 horas

Contenido:

- Plan de gestión de datos ómicos. Repositorios de datos ómicos: GEO, EGA, ENA, otros
- Preguntas y comentarios
- Despedida curso
- Más información sobre la Unidad de Bioinformática del IIS-FJD: https://bit.ly/UnidadBioinformaticaIIS-FJD

Contacto Unidad de Bioinformática: bioinformatica@iis-fjd.es



**DESCARGA LA APLICACIÓN** 







