

**Departamento de Ecología, Genética y Evolución.  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales**

**Programa del Curso de Postgrado**

**“RNAseq y Anotación Funcional”**

**Introducción**

Introducción a las tecnologías de ultrasecuenciación, aplicaciones y limitaciones.

Conceptos básicos de RNA-seq.

Preparación de librerías, diseño experimental, RNA-seq en presencia y ausencia de un genoma de referencia.

Control de calidad en secuenciación masiva.

**1- RNA-seq con genoma de referencia**

Mapeo

Cuantificación

Expresión diferencial

Enriquecimiento funcional

**2- RNA-seq sin genoma de referencia**

Reconstrucción de transcritos

Calidad en la identificación de nuevos transcritos

**3- Anotación funcional**

Conceptos de Anotación funcional

Funcionamiento de la herramienta Blast2GO

**4- Asignación de función Métodos de anotación automática**

Estadísticas de anotación

Estrategias de anotación.

Que hacer en sets de datos difíciles?

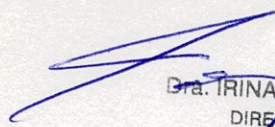
**5- Analisis de información funcional**

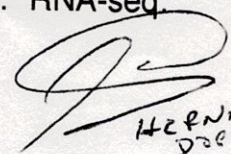
Visualización

Análisis de enriquecimiento

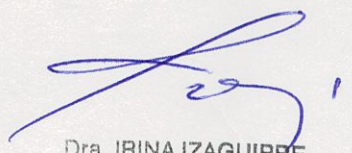
**Bibliografía**

1. Marioni JC, Mason CE, Mane SM, Stephens M, Gilad Y (2008). "RNA-seq:

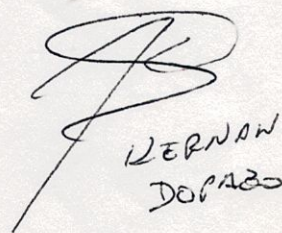
  
Dra. TRINA ZAGUIRRE  
DIRECTORA  
DPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION

  
HERNAN  
DZG

- an assessment of technical reproducibility and comparison with gene expression arrays". *Genome Res.* **18** (9): 1509–17.
2. Wang Z, Gerstein M, Snyder M. (2009). "RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics". *Nature Reviews Genetics* **10** (1): 57–63.
  3. Mortazavi A, Williams BA, McCue K, Schaeffer L, Wold B. (2008). "Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-seq". *Nature Methods* **5** (7): 621–628.
  4. Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, *et al.* (2011). "Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome". *Nat. Biotechnol.* **29** (7): 644–52.
  5. Cole Trapnell, Lior Pachter and Steven Salzberg (2009). "TopHat: discovering splice junctions with RNA-Seq". *Bioinformatics* **25** (9): 1105–1111.
  6. Trapnell C, Roberts A, Goff L, *et al.* (2012). "Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks". *Nat Protoc* **7** (3): 562–78.
  7. Lalonde E, Ha KC, Wang Z, *et al.* (2011). "RNA sequencing reveals the role of splicing polymorphisms in regulating human gene expression". *Genome Res.* **21** (4): 545–54.
  8. Twine NA, Janitz K, Wilkins MR, Janitz M (2011). "Whole transcriptome sequencing reveals gene expression and splicing differences in brain regions affected by Alzheimer's disease". *PLoS ONE* **6** (1): e162
  9. Ana Conesa, Stefan Götz, Juan Miguel Garcia-Gomez, Javier Terol, Manuel Talon, Montserrat Robles. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 2005, Sep 15;21(18):3674-6
  10. Tarazona S., Garcia-Alcalde F., Ferrer A., Dopazo J., Conesa A. 2011. A "Differential expression in RNA-seq: a matter of depth". *Genome Research*, 21(12):2213-23.



Dra. IRINA IZAGUIRRE  
DIRECTORA  
DPTO. ECOLOGIA GENETICA Y EVOLUCION



WERNAN  
DOPAZO



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 503.022/2013

VISTO

Buenos Aires, 18 NOV 2013

la nota del 03/10/2013 de la Dra. Irina Izaguirre Directora del Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **RNAseq y anotación funcional**, que será dictado durante el segundo cuatrimestre de 2013 (del 26 al 28 de noviembre de 2013) por el Dr. Hernán Dopazo y Esteban Hasson con la colaboración de la Dra. Ana Conesa Cegarra y el Lic. Diego Nicolás De Panis

el CV de Ana Conesa Cegarra y de Diego Nicolás De Panis

CONSIDERANDO:

Lo actuado por la Comisión de Doctorado el 29/10/2013,  
lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Posgrado,  
lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,  
en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo N° 113° del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE  
CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
RESUELVE:

**Artículo 1°:** Autorizar el dictado del curso de posgrado **RNAseq y anotación funcional** de 24 horas de duración.

**Artículo 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado **RNAseq y anotación funcional** obrante a fs 4 y 5 del expediente de la referencia

**Artículo 3°:** Aprobar un puntaje máximo de UN (1) punto para la Carrera de Doctorado.

**Artículo 4°:** Aprobar un arancel de 20 módulos. Disponer que los montos recaudados sean utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

**Artículo 5°:** Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología Genética y Evolución; a la Biblioteca de la FCEN y a la Subsecretaría de Posgrado con fotocopia del programa (fs 4 y 5). Comuníquese a la Dirección de alumnos sin fotocopia del programa. Cumplido archívese.

Resolución CD N°  
SP/med/30/10/2013

2731

Dr. JAVIER LÓPEZ DE CASENAVE  
SECRETARIO ACADEMICO

Dr. JORGE ALIAGA  
DECANO