



Transcriptómica II 2025

single-cell RNA-seq

Coordinadores: Natalia Rego y Fernando Álvarez-Valín

Profesor invitado: Thomas D. Otto

Docentes: Luisa Berná, Juan Trinidad, Lucas Inchausti, Pablo Smircich

falvarez@fcien.edu.uy

nrego@fcien.edu.uy

3 Teóricos, 4 Prácticos, 2 jornadas de seminarios, 3 hs c/u



TRANSCRIPTÓMICA II, SINGLE-CELL RNA-seq código B0058

TEÓRICO 03/11 - 06/11/25	lunes	16:00 - 19:00	salón 201/203	
	miércoles	16:00 - 19:00	salón 209	
	jueves	16:00 - 19:00	salón 209	
PRÁCTICO 10/11 - 20/11	lunes	16:00 - 19:00	salón 107	
	miércoles	16:00 - 19:00	salón 109	
	jueves	16:00 - 19:00	salón 107	

Teórico 1 (lunes 3 de noviembre): Introducción a la bioinformática y ejemplos
 Teórico 2 (miércoles 5 de noviembre): Pipeline de análisis parte 2 – Normalización – Integración
 Teórico 3 (viernes 6 de noviembre): Trayectorias y pseudotiempo – Aproximaciones alternativas
 Práctico 1 (lunes 10 noviembre): CellxGene, otros recursos online; Cell Ranger
 Práctico 2 (viernes 12 de noviembre): Pipeline de análisis Caso de Estudio 1 (QC, normalización,
 Integración, t-SNE, Clustering, MAPT)
 Práctico 3 (jueves 13 de noviembre): pipeline de análisis Caso de Estudio 2 (QC, normalización,
 Integración, t-SNE, Clustering, MAPT)
 Práctico 4 (viernes 17 de noviembre): análisis avanzados Caso de Estudio 2 – expresión diferencial –
 Significación de genes de interés y análisis de subgrupos de genes
 Seminarios (miércoles 19 de noviembre): seminarios por los estudiantes – parte 1
 Seminarios (jueves 20 de noviembre): seminarios por los estudiantes – parte 2

Teóricos I, II y III: Thomas Otto

Prácticos en Google
Colab; entregas

Presentación atlas
Trypanosoma cruzi: Lucas
 Inchausti y Pablo Smircich
 Discusión de papers
 (selección miércoles 5)

materiales en EVA



Prof. Thomas D. Otto

Head of Computational Infection Biology Department

Data Science Centre, Bernhard Nocht Institute for Tropical Medicine (BNITM)

El Prof. Thomas Otto es director del nuevo Departamento de Biología Computacional de Infecciones en el BNITM y profesor de Bioinformática del Patogenoma en la Universidad de Hamburgo. Previamente trabajó en el Wellcome Sanger Institute y en la University of Glasgow. Su trabajo se centra en comprender cómo los patógenos evolucionan, se adaptan e interactúan con el hospedero, desarrollando para ello métodos bioinformáticos innovadores que integran genómica, transcriptómica y enfoques basados en inteligencia artificial. En su charla, titulada “**Single cell and spatial transcriptomics to decipher host-pathogen immune interactions**”, presentará cómo las tecnologías de transcriptómica unicelular y espacial permiten desentrañar las complejas interacciones entre patógenos y el sistema inmunitario del hospedero.

Día: jueves 6 de noviembre

Hora: 14 hs

Salón: Actos Guillermo Dighiero, Institut Pasteur de Montevideo

Linux:



<https://swcarpentry.github.io/shell-novice/key-points.html>

R:

<https://www.rforbiologists.org/>

https://melbournebioinformatics.github.io/r-intro-biologists/intro_r_biologists.html

Google Colab:

<https://colab.research.google.com/>

<https://www.youtube.com/watch?v=inN8seMm7UI>

<https://www.youtube.com/watch?v=FXKMmilL70w>