

Retos en el análisis de datos de RNAseq de célula única

Liliana López Kleine

llopezk@unal.edu.co, Departamento de estadística. Universidad Nacional de Colombia - sede Bogotá.
Grupo de investigación en Bioinformática y Biología de Sistemas.
Grupo de investigación en Métodos en Bioestadística.
Proyecto de investigación Código hermes: 55049.
Project JAGUAR: mapping immune cell diversity across Latin America.

El análisis de datos de RNAseq de célula única es un área de la estadística genómica reciente que ha tomado como base el análisis de datos de RNAseq de tejido completo (bulk-RNA). Sin embargo, dadas las particularidades de estos datos y el hecho de que se está en la etapa de consolidación de los atlas de células humanas que es, por ejemplo alimentado por el proyecto JAGUAR: mapping immune cell diversity across Latin America, los aspectos más estudiados son actualmente las etapas iniciales de preprocesamiento de dichos datos: 1) Filtros de genes, 2) Reducción de dimensiones, 2) Identificación de grupos de células. En esta presentación se abordarán las experiencias que se han tenido en el grupo de investigación relacionadas con estas etapas de análisis, sus dificultades y perspectivas.