

Guía de servicios de la Unidad de Bioinformática

Actualmente, la unidad ofrece análisis primarios y secundarios de experimentos de RNA-seq, ChIP-seq y similares, así como análisis no estándar.

Análisis primario

RNA-seq

- Inputs (ficheros de entrada): archivos *fastq*, elección del genoma de referencia, elección del método de normalización (*coverage* o *spike-in*).
- Outputs (ficheros de salida): tabla de estadísticas de alineamiento y porcentaje de duplicados, alineamientos en archivos BAM, archivos *bigwig*, tabla de cuantificación de la expresión génica.

ChIP-seq

- Inputs: archivos *fastq*, elección del genoma de referencia, elección del método de normalización (*coverage* o *spike-in*).
- Outputs: tabla de estadísticas de alineamiento y porcentaje de duplicados, archivos BAM, archivos *bigwig* normalizados, archivo bed con las coordenadas de los picos.

Análisis secundario

- Análisis de expresión/señal diferencial:

Para datos de ChIP-seq, RNA-seq o scRNA-seq (aportando los grupos de células).

- Inputs: archivos BAM, tipo de normalización (ChIP-seq), parámetros de anotación (ChIP-seq)
- Outputs: archivos *bigwig* normalizados para análisis diferencial (ChIP-seq), matriz de expresión/señal normalizada, tabla de expresión/señal diferencial, tabla de anotación de los picos a características genómicas (ChIP-seq)

- Enriquecimiento funcional:

A partir de resultados de expresión/enriquecimiento diferencial. Se oferta tanto *Over-representation analysis* (ORA) como *Gene set enrichment analysis* (GSEA).

- Input: Lista de genes con estadísticas de expresión diferencial, elección del umbral de significancia (ORA)
- Output: tabla de GO terms, pathways o gene sets enriquecidas con p-value, informe html (GSEA)

- Enriquecimiento de motivos de ADN (sitios de unión de factores de transcripción) en picos de ChIP-seq

- Input: fichero bed con posiciones de picos.
- Output: tabla de motivos conservados y de novo enriquecidos con p-value, informe html

Análisis exploratorio de software no estandarizado

Se puede solicitar a la Unidad análisis no definidos en las categorías anteriores, teniendo en cuenta que no garantiza resultados. El precio vendrá definido por las horas invertidas por el analista.

Para consultas y solicitudes de análisis contactar con la Unidad (maria.soler@cabimer.es)