

INTRODUCCIÓN

En los últimos años se han producido importantes cambios tecnológicos en las áreas biomédicas y biotecnológicas con el uso generalizado de las tecnologías de alto rendimiento: microarrays y secuenciación masiva. Estos nuevos abordajes producen un gran volumen de datos para los que ha sido necesario generar o ajustar métodos estadísticos que permitan su procesamiento y análisis. Los investigadores y profesionales con perfil clínico y/o experimental conocen bien sus preguntas de investigación y cómo conducir sus estudios en el ámbito experimental, pero encuentran una gran dificultad en el momento de analizar sus datos ómicos, tanto por los altos requerimientos computacionales como por la complejidad metodológica del análisis

ANTECEDENTES

Desde el Centro de Investigación Príncipe Felipe (CIPF), se han llevado a cabo en los últimos años una serie de acciones relacionadas con la formación en Bioestadística y Bioinformática orientadas a profesionales biomédicos con el objetivo de hacer accesibles las herramientas desarrolladas en el centro. En la mayoría de los casos estos cursos incluían sesiones sobre programación y uso de terminales debido a que la mayoría de herramientas bioinformáticas de preproceso de los datos necesitan estos conocimientos. Sin embargo, a día de hoy la mayoría de servicios de secuenciación ya incluyen este preproceso entre sus servicios, de manera que los datos que llegan a manos de los investigadores están listos para ser analizados directamente.

MÉTODO

Nuestro **objetivo** ha sido el diseño, implementación y desarrollo de una actividad formativa que cubriera las necesidades descritas de este amplio e importante colectivo, posibilitando el uso de métodos estadísticos desde herramientas web, en las estrategias de análisis de sus estudios de investigación.

El curso se llama **WODA** (Web-based Omics Data Analysis) y su primera edición se ha llevado a cabo en noviembre de 2018. Se han seleccionado herramientas web de **acceso libre** que cubren las estrategias de análisis con mayor demanda. Algunas de estas herramientas fueron desarrolladas por nuestro grupo de investigación (Alonso 2015, Hidalgo 2017).

Como material docente se ha elaborado una guía en formato wiki donde se describen las principales áreas de trabajo y ejercicios propuestos para familiarizarse con los procesos, accesible a través de la web <http://bioinfo.cipf.es/WODA18> (imagen).

La duración del curso es variable en función de las necesidades de los usuarios, oscilando entre 3 y 5 días, con un número de horas de 6-8 horas por día. El curso está compuesto por sesiones prácticas enfocadas al análisis de diversos datos ómicos (Proteómica, Transcriptómica, Metabolómica, Genómica)



WODA 2018

PROGRAM / TEACHERS / CONTACT

Day 1

11:00 – 11:15 Registration
11:15 – 11:45 Welcome, course overview and networking
Francisco García García

• [Overview course](#)

11:45 – 13:00 Introduction
Marta Hidalgo García

• [Clinical and biological databases, Statistics and high throughput technologies](#)

13:00 – 14:30 Lunch break
Will be held in the cafeteria of the CIPF.

14:30 – 16:00 Omics-based biomarkers detection I
Francisco García García

• [Omics-based biomarkers detection in Metabolomics, Proteomics, Transcriptomics from arrays...](#)
• [Tool: Babelomics \(<http://babelomics.bioinfo.cipf.es/> from Firefox browser\)](#)
• [Exercises](#)

16:00 – 16:15 Coffee break

16:15 – 18:00 Visualization of omics data
José F. Català Senent

• [Presentation](#)

• [Exercises](#)

• [Tools:](#)

Table of Contents	
• Day 1	
• 11:00 – 11:15	Registration
• 11:15 – 11:45	Welcome, course overview and networking
• 11:45 – 13:00	Introduction
• 13:00 – 14:30	Lunch break
• 14:30 – 16:00	Omics-based biomarkers detection I
• 16:00 – 16:15	Coffee break
• 16:15 – 18:00	Visualization of omics data
• Day 2	
• 9:30 – 11:00	Omics-based biomarkers detection II
• 11:00 – 11:30	Coffee break
• 11:30 – 13:00	Prioritization of genes
• 13:00 – 14:30	Lunch break
• 14:30 – 16:00	Functional profiling: over-representation and GSEA methods
• 16:00 – 16:15	Coffee break
• 16:15 – 18:00	Functional profiling: protein-protein interaction
• Day 3	
• 9:30 – 11:00	Single-cell analysis
• 11:00 – 11:30	Coffee break
• 11:30 – 13:00	Working with your data
• 13:00 – 13:15	Course feedback and wrap up
• 13:15 – 13:30	References and links



CONCLUSIONES

La actividad WODA ha permitido a profesionales de la investigación biomédica y sanitarios entender con más profundidad los conceptos básicos detrás de las herramientas bioinformáticas más usadas y necesarias, y aprender su manejo a través de plataformas web de libre acceso y fácil manejo. Esto les permitirá en un futuro ser más independientes a la hora de afrontar los análisis bioestadísticos y bioinformáticos que su investigación requiera, así como abordar sus preguntas de investigación de una manera sencilla y directa, en el ámbito del análisis de datos ómicos. El desarrollo de esta actividad formativa constituye un recurso eficiente en docencia en Estadística, dentro de los ámbitos indicados y a su vez permite la mejora de competencias de los profesionales en el avance de sus trabajos.

REFERENCIAS

Alonso, R. et al. (2015). Babelomics 5.0: functional interpretation for new generations of genomic data. *Nucleic Acids Research*, 1(43), 17-21.

Hidalgo, M.R., Hidalgo, M. R., Cubuk, C., Amadoz, A., Salavert, F., Carbonell, J. y Dopazo, J (2017). High throughput estimation of functional cell activities reveals disease mechanisms and predicts relevant clinical outcomes. *Oncotarget*, 8(3), 5160-5178.