

```
Project |> nfsars-cov-2-variab |> git |> nextflow |> beds-for-annotat |> bin |> dev_notes |> launchers |> mkmodules |> real-data |> test |> .gitignore |> .nextflow.log |> .nextflow.log.1 |> .nextflow.log.2 |> .nextflow.log.3 |> .nextflow.log.4 |> .nextflow.log.5 |> .nextflow.log.6 |> .nextflow.log.7 |> .nextflow.log.8 |> .nextflow.log.9 |> nextflow.config |> README.md |> runtest.sh |> SARS_Cov-2_vari |> SARS_Cov-2_vari |> SARS_Cov-2_variation.nf |> 1:1
```

¿Problemas con tu código?

Llama a tu BF!

Pierde el miedo a la consola e insíbete en nuestros cursos de **R** y **Linux**



cursos.biofreelancer@gmail.com
www.biofreelancer.com

Curso Single Cell RNA - Parte 2

Resumen

El análisis de Single Cell RNA se ha vuelto una técnica muy popular que permite analizar perfiles de expresión génica a nivel de células individuales, lo que proporciona una comprensión más detallada y precisa de la biología celular.

En este curso **aprenderemos a comparar subpoblaciones celulares** entre dos o más muestras, y a **identificar genes marcadores diferencialmente expresados** entre dos condiciones.

El objetivo es que aprendas habilidades de nivel intermedio para llevar a cabo estos análisis, y que adquieras el código base para adaptarlo a tus propios datos en el futuro.

Al finalizar este curso podrás:

- Integrar múltiples matrices 10X en Seurat (R)
- Etiquetar poblaciones celulares con SingleR y cellDex
- Comparar poblaciones celulares entre diferentes muestras
- Identificar genes diferencialmente expresados entre células comparables de dos condiciones

```
Project: SARS_CoV-2_variation.nf
209 log.info "--Nextflow metadata--"
210 /* define function to store nextflow metadata summary info */
211 def nfsummary = [:]
212 /* log parameter values being used into summary */
213 /* For the following runtime metadata origins, see https://nextflow.io/docs/latest/runtime-metadata.html#runtime-metadata-origins */
214 nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
215 nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
216 nfsummary['Current user'] = workflow.userName
217 /* string transform the time and date of run start; remove : char */
218 nfsummary['Start time'] = workflow.start.toString().replace(":", "")
219 nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
220 nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
221 nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
222 nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
223 log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
224 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
225 /* define function to store nextflow metadata summary info */
226 def pipelinesummary = [:]
227 /* log parameter values being used into summary */
228 pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
229 pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed_dir
230 pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
231 pipelinesummary['RGap extend'] = params.gap_ext
232 pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
233 pipelinesummary['Results Dir'] = results.dir
234 pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates.dir
235 /* print stored summary info */
236 log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
237 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
238
239 ///////////////////////////////////////////////////
SARS_CoV-2_variation.nf 1:1
```

¿Problemas con tu código?

Llama a tu BF!

Pierde el miedo a la consola e inscríbete en nuestros cursos de **R** y **Linux**



cursos.biofreelancer@gmail.com

www.biofreelancer.com

Modalidad

- Sabatino - Teórico / Práctico
- Live a través de la plataforma Zoom (Se te proporcionará el link de acceso una vez registrada tu inscripción)
- 2 Sesiones de 4 horas (10 AM - 2 PM) (**Hora de México**) (GMT -6)

Dirigido a

- Profesionistas, estudiantes y público general
- Interesados en aprender sobre análisis de Single Cell en Seurat, con datos de 10X
- **Requiere** conocimientos básicos de R (de preferencia haber cursado “R para Principiantes”).

```
Project: SARS_CoV-2_variation.nf
209 log.info "--Nextflow metadata--"
210 /* define function to store nextflow metadata summary */
211 def nfsummary = [:]
212 /* log parameter values beign used into summary */
213 /* For the following runtime metadata origins, see https://nextflow.io/docs/latest/runtime-metadata.html#runtime-metadata-origins */
214 nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
215 nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
216 nfsummary['Current user'] = workflow.userName
217 /* string transform the time and date of run start; remove : char */
218 nfsummary['Start time'] = workflow.start.toString().replace(":", ".")
219 nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
220 nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
221 nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
222 nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
223 log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
224 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
225 /* define function to store nextflow metadata summary info */
226 def pipelinesummary = [:]
227 /* log parameter values beign used into summary */
228 pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
229 pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed_directory
230 pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
231 pipelinesummary['RGap extend'] = params.gap_ext
232 pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
233 pipelinesummary['Results Dir'] = results_dir
234 pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates_dir
235 /* print stored summary info */
236 log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
237 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
238
239 ///////////////////////////////////////////////////
```

¿Problemas con tu código?

Llama a tu BF!

Pierde el miedo a la consola e inscríbete en nuestros cursos de **R** y **Linux**



cursos.biofreelancer@gmail.com
www.biofreelancer.com

Temario

- Todo se hará en R y RStudio !!!

Sesión 1: (4 horas) (Sábado 17 de Junio 10am a 2pm)

- Integración de diferentes datasets
- Identificación de poblaciones Celulares compartidas
- Extracción de subpoblaciones.

Sesión 2: (4 horas) (Sábado 24 de Junio 10am a 2pm)

- Comparación de dos condiciones experimentales
- Identificación de genes diferencialmente expresados en subpoblaciones comparadas
- Preparación de gráficos para publicación

```
Project: midfile SARS_CoV2_variation.nf
209 log.info "--Nextflow metadata--"
210 /* define function to store nextflow metadata summary info */
211 def nfsummary = [:]
212 /* log parameter values being used into summary */
213 /* For the following runtime metadata origins, see https://nextflow.org/docs/latest/runtime-metadata.html
214 nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
215 nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
216 nfsummary['Current user'] = workflow.userName
217 /* string transform the time and date of run start; remove : char
218 nfsummary['Start time'] = workflow.start.toString().replace(':', '-')
219 nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
220 nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
221 nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
222 nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
223 log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
224 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
225 /* define function to store nextflow metadata summary info */
226 def pipelinesummary = [:]
227 /* log parameter values being used into summary */
228 pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
229 pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed_dir
230 pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
231 pipelinesummary['RGap extend'] = params.gap_ext
232 pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
233 pipelinesummary['Results Dir'] = results.dir
234 pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates.dir
235 /* print stored summary info */
236 log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: $v" }.join("\n")
237 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
238
239 ///////////////////////////////////////////////////
SARS_CoV2_variation.nf 1:1
```

¿Problemas con tu código?

Llama a tu BF!

Pierde el miedo a la consola e inscríbete en nuestros cursos de **R** y **Linux**



cursos.biofreelancer@gmail.com
www.biofreelancer.com

Requisitos

Conocimientos básicos de RStudio! (Contamos con el curso para que lo aprendas).

Equipo de cómputo: mínimo **8GB RAM**, **30 GB de espacio en Disco Duro**, con sistema operativo Windows (7, 8, 10, 11), Mac OS, o Ubuntu (16 o superior).

Constancia

Requisitos para recibir Constancia emitida por Biofreelancer:

1. Asistencia al 100% de las sesiones.
2. Responder al cuestionario de evaluación final.