

```

Project
  nf-sars-cov-2-variati
  > .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 inscríbete 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

¿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



```
Project          .nfile      SARS_CoV-2_variation.nf
+ nf-sars-cov-2-variab 209 log.info "--Nextflow metadata--"
> .git           210 /* define function to store nextflow metadata summary
> .nextflow      211 def nfsummary = [:]
> bin           212 /* log parameter values beign used into summary */
> dev_notes     213 /* For the following runtime metadata origins, see https://
> launchers     214 nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
> mkmmodules    215 nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
> real-data     216 nfsummary['Current user'] = workflow.userName
> test          217 /* string transform the time and date of run start; remove : char
> .gitignore    218 nfsummary['Start time'] = workflow.startToString().replace(":",
> .nextflow.log 219 nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
> .nextflow.log.1 220 nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
> .nextflow.log.2 221 nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
> .nextflow.log.3 222 nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
> .nextflow.log.4 223 log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: ${v}" }.join("\n")
> .nextflow.log.5 224 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
> .nextflow.log.6 225 /* define function to store nextflow metadata summary info */
> .nextflow.log.7 226 def pipelinesummary = [:]
> .nextflow.log.8 227 /* log parameter values beign used into summary */
> .nextflow.log.9 228 pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
> .nextflow.log.10 229 pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed
> .nextflow.log.11 230 pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
> .nextflow.log.12 231 pipelinesummary['RGap extend'] = params.gap_ext
> .nextflow.log.13 232 pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
> .nextflow.log.14 233 pipelinesummary['Results Dir'] = results_dir
> .nextflow.log.15 234 pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates
> .nextflow.log.16 235 /* print stored summary info */
> .nextflow.log.17 236 log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k} ${v}" }
> .nextflow.log.18 237 log.info "=====
```



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                         mfile           SARS_CoV-2_variation.nf
> nf-sars-cov-2-variab...          209  log.info "--Nextflow metadata--"
> .git                           210  /* define function to store nextflow metadata summary */
> .nextflow                       211  def nfsummary = [:]
> beds-for-annotat...             212  /* log parameter values beign used into summary */
> bin                             213  /* For the following runtime metadata origins, see https://
> dev_notes                      214  nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
> launchers                      215  nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
> mkmodules                      216  nfsummary['Current user'] = workflow.userName
> real-data                      217  /* string transform the time and date of run start; remove : char.
> test                            218  nfsummary['Start time'] = workflow.start.toString().replace(":","");
> .gitignore                     219  nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
> .nextflow.log                   220  nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
> .nextflow.log.1                 221  nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
> .nextflow.log.2                 222  nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
> .nextflow.log.3                 223  log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: ${v}" }.join("\n")
> .nextflow.log.4                 224  log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
> .nextflow.log.5                 225  /* define function to store nextflow metadata summary info */
> .nextflow.log.6                 226  def pipelinesummary = [:]
> .nextflow.log.7                 227  /* log parameter values beign used into summary */
> .nextflow.log.8                 228  pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
> .nextflow.log.9                 229  pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed_dir
> .nextflow.log.9                 230  pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
> .nextflow.config                231  pipelinesummary['RGap extend'] = params.gap_ext
> .nextflow.config                232  pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
> .nextflow.config                233  pipelinesummary['Results Dir'] = results_dir
> .nextflow.config                234  pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates_dir
> .nextflow.config                235  /* print stored summary info */
> .nextflow.config                236  log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: ${v}" }.join("\n")
> .nextflow.config                237  log.info "=====END OF SUMMARY====="
> .nextflow.config                238
> .nextflow.config                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



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

¿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



```
Project          mfile      SARS_CoV-2_variation.nf
+ nf-sars-cov-2-variab 209 log.info "--Nextflow metadata--"
+ .git              210 /* define function to store nextflow metadata summary */
+ .nextflow          211 def nfsummary = [:]
+ beds-for-annotat 212 /* log parameter values beign used into summary */
+ bin               213 /* For the following runtime metadata origins, see https://
+ dev_notes          214 nfsummary['Resumed run?'] = workflow.resume
+ launchers          215 nfsummary['Run Name'] = workflow.runName
+ mkmodules          216 nfsummary['Current user'] = workflow.userName
+ real-data          217 /* string transform the time and date of run start; remove : char.
+ test              218 nfsummary['Start time'] = workflow.start.toString().replace(":",
+ .gitignore          219 nfsummary['Script dir'] = workflow.projectDir
+ .nextflow.log      220 nfsummary['Working dir'] = workflow.workDir
+ .nextflow.log.1    221 nfsummary['Current dir'] = workflow.launchDir
+ .nextflow.log.2    222 nfsummary['Launch command'] = workflow.commandLine
+ .nextflow.log.3    223 log.info nfsummary.collect { k,v -> "${k.padRight(15)}: ${v}" }.join("\n")
+ .nextflow.log.4    224 log.info "\n\n--Pipeline Parameters--"
+ .nextflow.log.5    225 /* define function to store nextflow metadata summary info */
+ .nextflow.log.6    226 def pipelinesummary = [:]
+ .nextflow.log.7    227 /* log parameter values beign used into summary */
+ .nextflow.log.8    228 pipelinesummary['Reference fasta'] = params.reference_fasta
+ .nextflow.log.9    229 pipelinesummary['Reference bed directory'] = params.reference_bed_dir
+ .nextflow.config   230 pipelinesummary['Gap open'] = params.gap_open
+ .nextflow.config   231 pipelinesummary['Gap extend'] = params.gap_ext
+ .nextflow.config   232 pipelinesummary['Input Dir'] = params.input_dir
+ .nextflow.config   233 pipelinesummary['Results Dir'] = results_dir
+ .nextflow.config   234 pipelinesummary['Intermediate Dir'] = intermediates_dir
+ .nextflow.config   235 /* print stored summary info */
+ .nextflow.config   236 log.info pipelinesummary.collect { k,v -> "${k} ${v}" }
+ .nextflow.config   237 log.info "====="
+ .nextflow.config   238
+ .nextflow.config   239 ///////////////////////////////////////////////////////////////////
```



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.