

## PLATAFORMA DE BIOINFORMÁTICA

### Resumen:

Plataforma de apoyo a la investigación cuya misión principal es impulsar el desarrollo de cualquier estudio de DNA/RNA a escala masiva, bien sea en humanos o en otros organismos.

Equipo: Co-directores: Mikel Hernáez / Elisabet Guruceaga (948.194.700 - Ext. 5032)

Ubicación: Cima Universidad de Navarra m@il: [mhernaez@unav.es](mailto:mhernaez@unav.es) / [eguruce@unav.es](mailto:eguruce@unav.es)

Avda. Pío XII 55, Ed. CIMA, 31008 Pamplona (Navarra). Laboratorio B.02

www: <https://cima.cun.es/investigacion/plataformas-tecnologicas/bioinformatica>

### Servicios:

- Diseño experimental. Asesoramiento para decidir el tamaño muestral, el diseño del estudio y la planificación de la metodología.

- Análisis de datos. Se realiza el procesado bioinformático de los datos obtenidos en diversas plataformas tecnológicas de alto rendimiento empleadas en el ámbito de la genómica, transcriptómica, proteómica y metagenómica (microarrays, secuenciación, PCR, etc.). En estos análisis se incluye la normalización, el análisis estadístico y la representación de los resultados. Los análisis más habituales son:

- I. *Expresión diferencial de genes, miRNAs o lncRNAs.* La tecnología de procedencia de los experimentos puede ser microarrays (Affymetrix, Agilent), PCRs masivas (TLDA de Applied Biosystem) o RNA-Seq (Illumina, Ion Torrent).
- II. *Estudios de genotipado y de CNV del DNA mediante microarrays (Affymetrix) o secuenciación del DNA (Illumina).*
- III. *Caracterización de la microbiota* en experimentos de secuenciación del rRNA 16S o metagenómica shotgun.
- IV. *Interacciones proteína-DNA* a partir de experimentos de inmuprecipitación y microarrays (ChIP-chip) o secuenciación (ChIP-Seq) y experimentos de ATAC-Seq.
- V. *Procesamiento de experimentos de sc RNA-Seq y primer análisis hasta la anotación de las células.*

- Ayuda a la interpretación de resultados. Una vez seleccionados los genes de interés se realizan estudios de asignación biológica funcional. Este tipo de análisis puede ser muy amplio y variará en función de los objetivos específicos de cada estudio.

### Tarifas:

**Tarifas:** En vigencia desde 01.09.2024

**Observaciones:** Para cualquier cuestión puede contactar con [mhernaez@unav.es](mailto:mhernaez@unav.es) o con [eguruce@unav.es](mailto:eguruce@unav.es)

Grupo	Cód. FNET	Descripción	INTERNA Idisna	EXTERNA	Ud. Fact
Proyecto a determinar	PLA00394	Hora de Bioinformático	40	50	Hora
Procesamiento de datos	PLA00396	Expresión diferencial (RNA-Seq,...)	200	250	Experimento
	PLA00397	WES / WGS (50 primeras muestras)	25	30	Muestra
	PLA00398	WES / WGS (a partir de 50 muestras)	15	20	Muestra
	PLA00399	scRNA-Seq	200	250	Experimento
	PLA00400	ChIP-seq / ATAC-seq	250	300	Experimento
	PLA00401	Metagenómica shotgun (50 primeras muestras)	15	20	Muestra
	PLA00402	Metagenómica shotgun (a partir de 50 muestras)	10	15	Muestra
	PLA00403	Ultra Low-Pass WGS (50 primeras muestras)	15	20	Muestra
	PLA00404	Ultra Low-Pass WGS (a partir de 50 muestras)	10	15	Muestra
Análisis estadístico	PLA00395	Contraste estadístico entre los distintos grupos experimentales	25	30	Contraste