

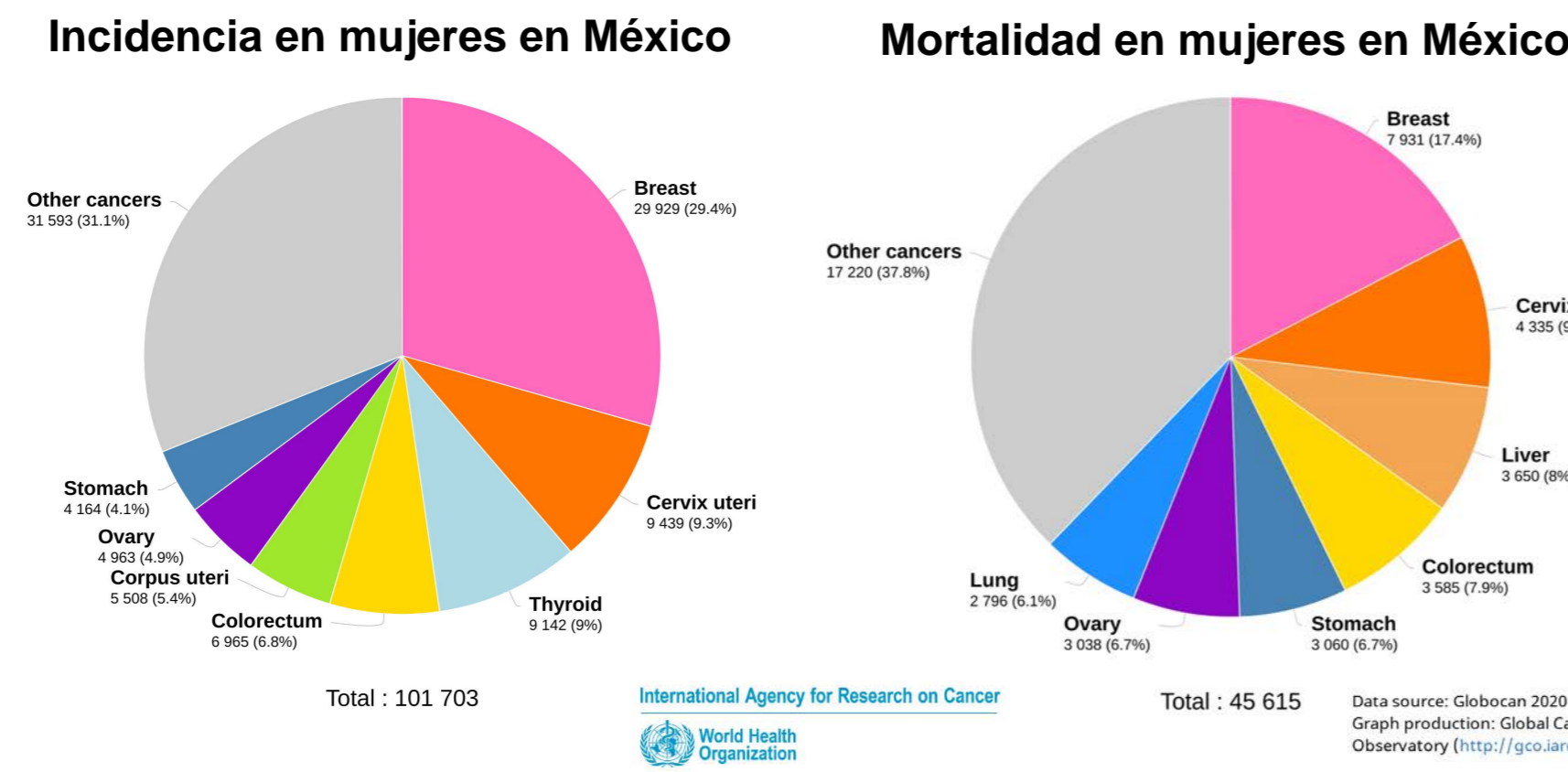
## Caracterización de la firma transcriptómica en subpoblaciones tumorales mediante el análisis de scRNA-Seq

Ruiz-Medina Blanca E, Stephenson-Gussinye Aura, Marcial-Medina Cleofas, Rendón-Bautista Luis, Pérez-Molina Rosario, Blanco-Olais Eduardo, Cruz-Villegas Franklin, Ramos-Balderas José Luis, Chávarri-Guerra Yanin, Soto-Pérez-de-Celis Enrique, Morales-Alfaro Andrea, Licona-Limón Paula\*, Furlan-Magaril Mayra\*

### Cáncer de mama triple negativo (TNBC)

El cáncer de mama ocupa el primer lugar en incidencia y mortalidad por cáncer en mujeres en México.

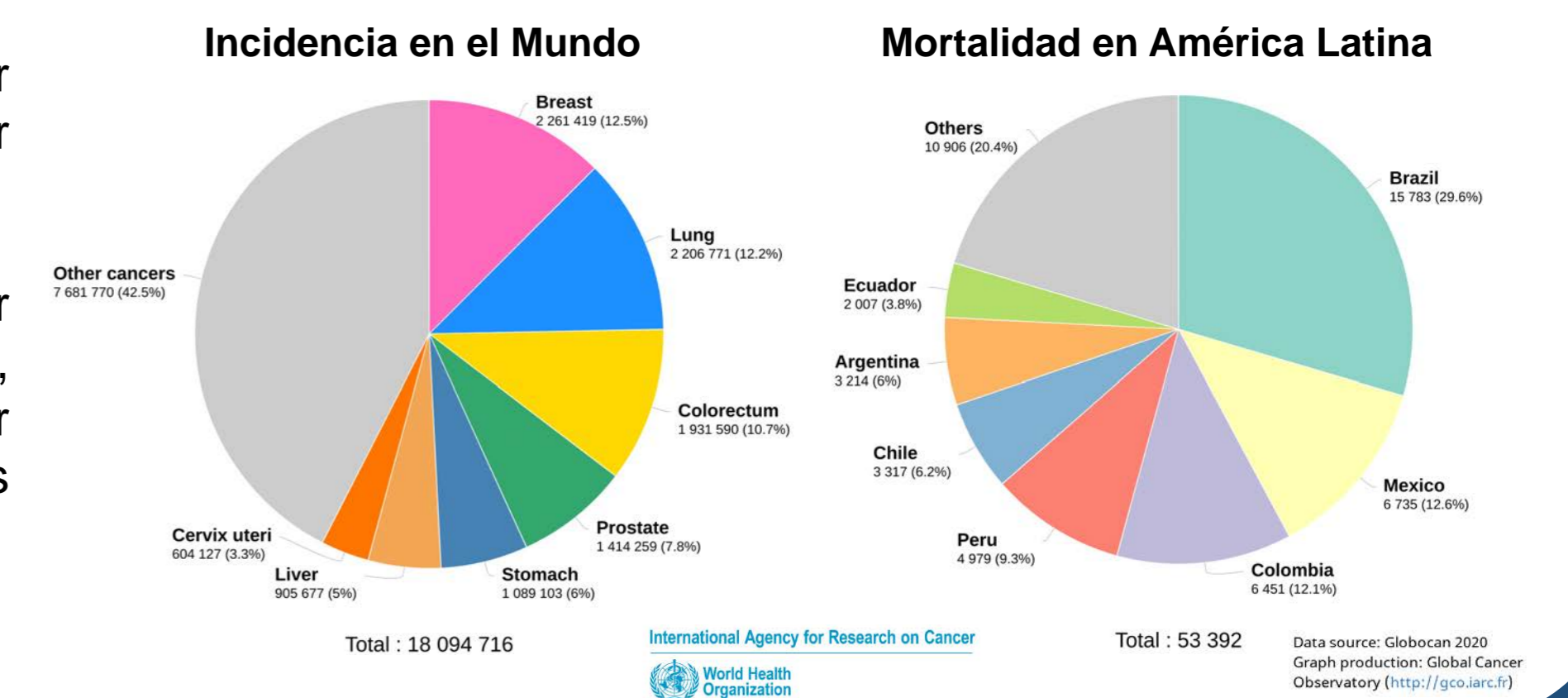
El **TNBC** es el subtipo molecular con el peor pronóstico, una edad temprana de diagnóstico, además de presentarse con una mayor incidencia en mujeres hispanas y afroamericanas en comparación con mujeres caucásicas.



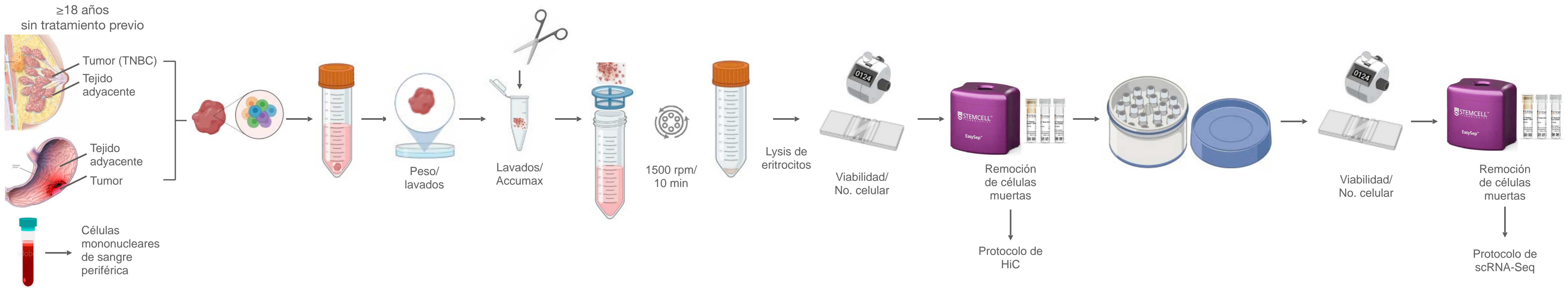
### Cáncer gástrico

En 2020 el cáncer gástrico fue el quinto cáncer más común, y la cuarta causa de muerte por cáncer a nivel mundial.

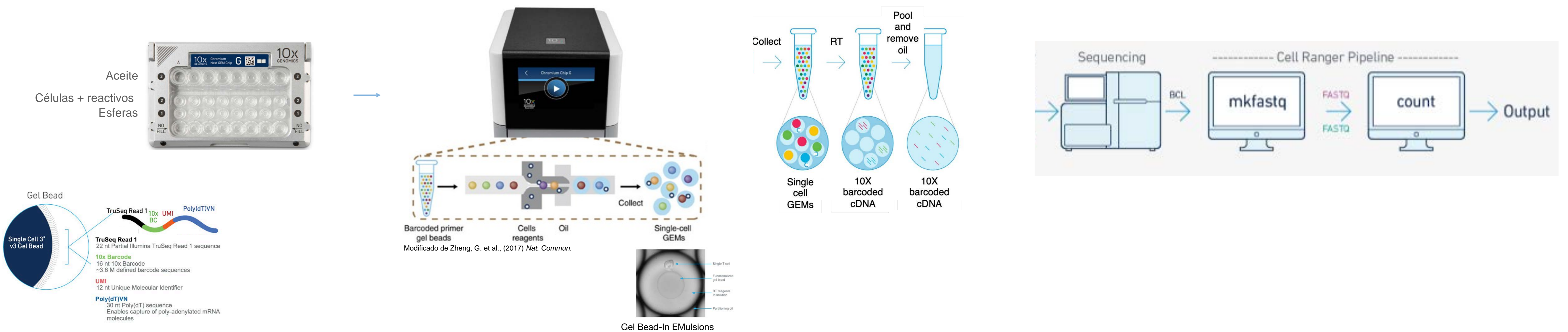
En América Latina este tipo de cáncer representa un grave problema de salud pública, siendo México el segundo país con la mayor incidencia y mortalidad con casi 7000 muertes cada año actualmente.



### Disgregación del tejido

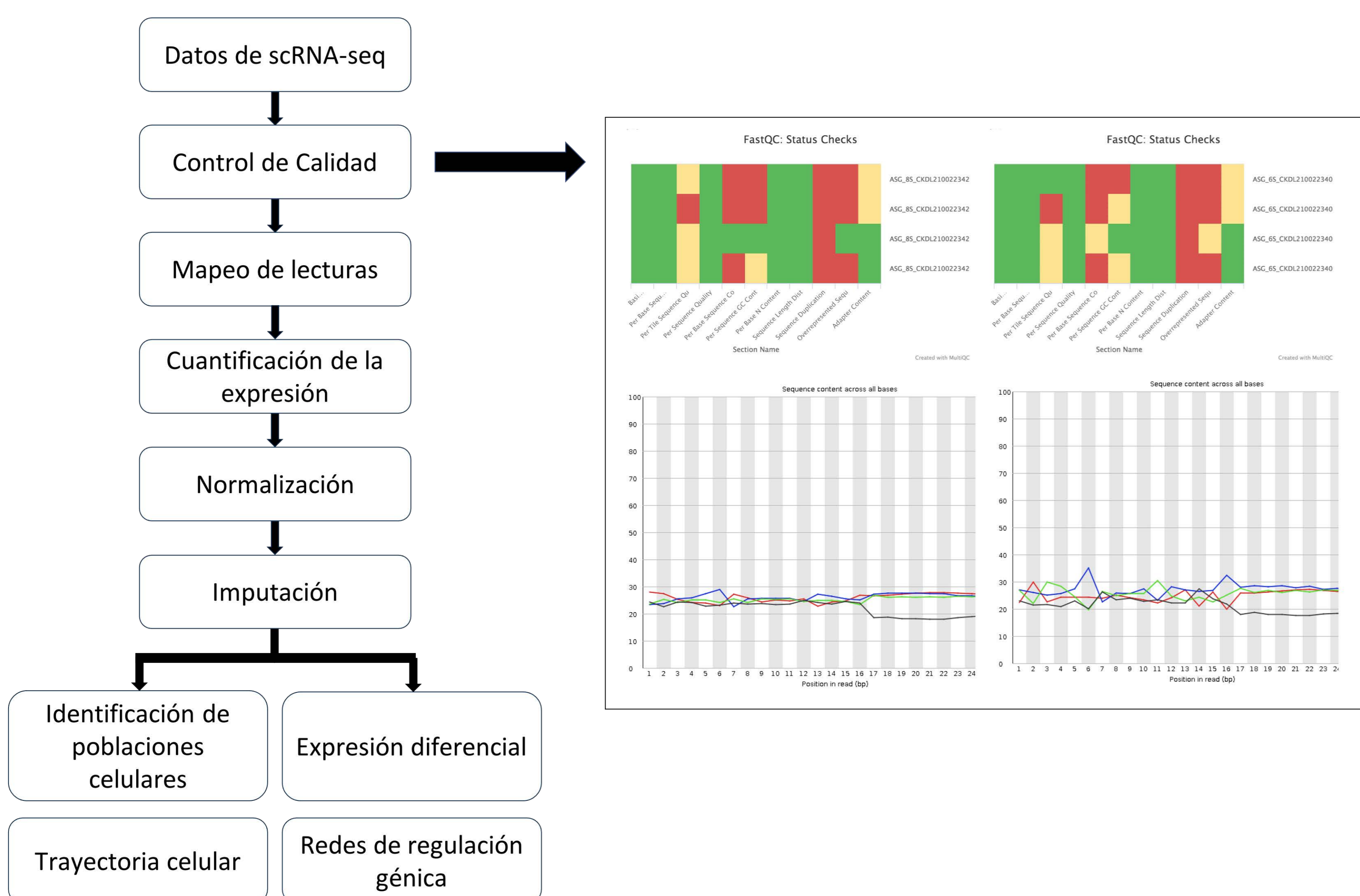


### Protocolo scRNA-seq: Análisis transcriptómico de células individuales



### Análisis bioinformático

El análisis del scRNA-seq incluye una serie de pasos para revisar la calidad de secuenciación y corregir sesgos como los "batches"; con la normalización e imputación es posible lograr este último, para un adecuado manejo e interpretación de los datos. En el análisis bioinformático se utilizan diferentes herramientas para cada paso del flujo de trabajo.



### Visualización de datos

