



Posgrado en  
**Biología  
Integrativa**



# Transcriptómica

*Clase 5 - Ensamble guiado*

Biología Computacional 2017

Selene L. Fernández-Valverde

[regRNAlab.github.io](https://github.com/regRNAlab/regRNAlab)

@Selfdz

# Objetivos de aprendizaje

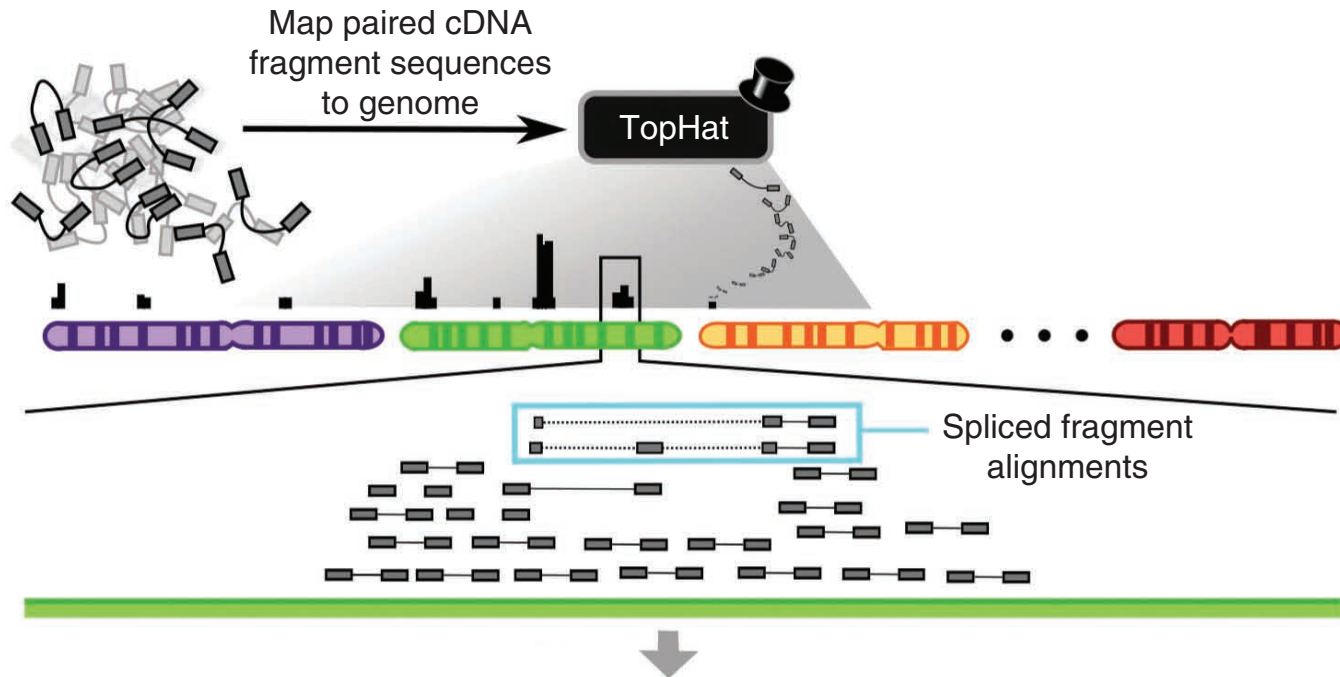
En esta clase aprenderemos:

- Como funciona el ensamble de RNA-Seq.
- A usar Cufflinks para ensamblar transcriptomas ayudados de la secuencia genómica.

# ¿Qué es el ensamble de transcriptomas guiado?

Es tomar lecturas pequeñas de RNA-Seq y convertirlas a transcritos completos **usando un genoma como referencia.**

# Usando Cufflinks



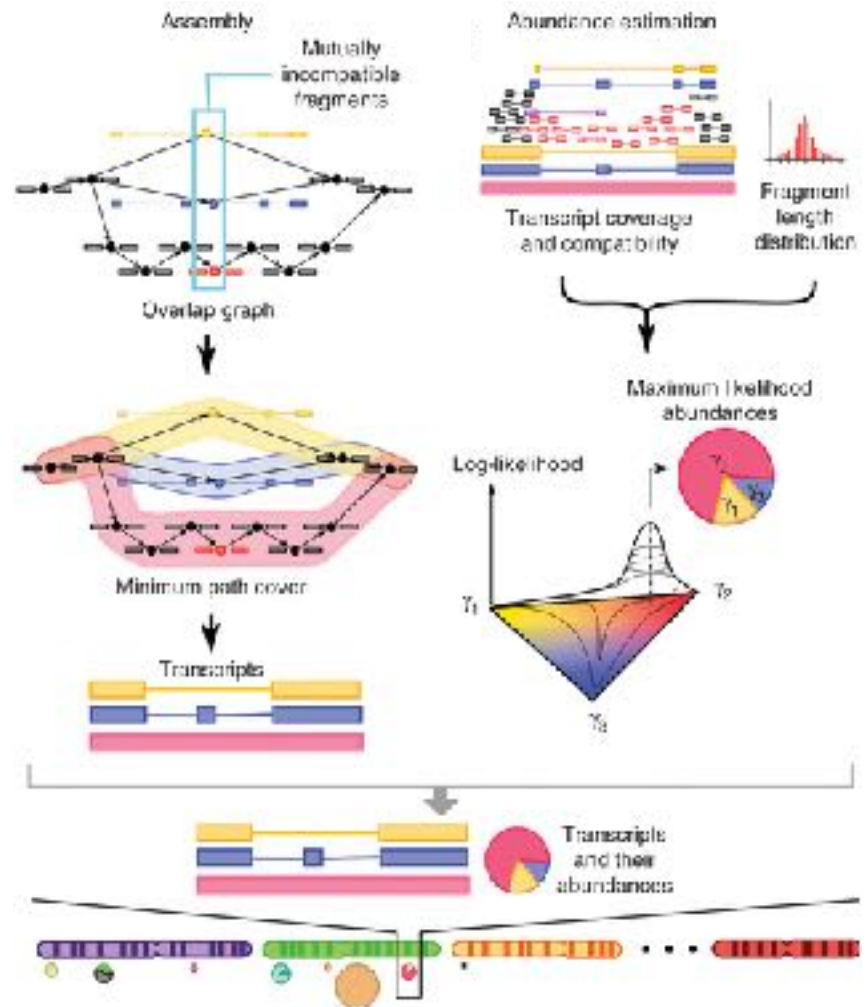
- TopHat mapea lecturas a una referencia (en este caso el genoma), incluyendo lecturas empalmadas que servirán como evidencia para eventos de empalme (splicing).

Trapnell et al., *Nature Biotechnology*, 2010

*Biología Computacional 2017 - Selene L. Fernández-Valverde*

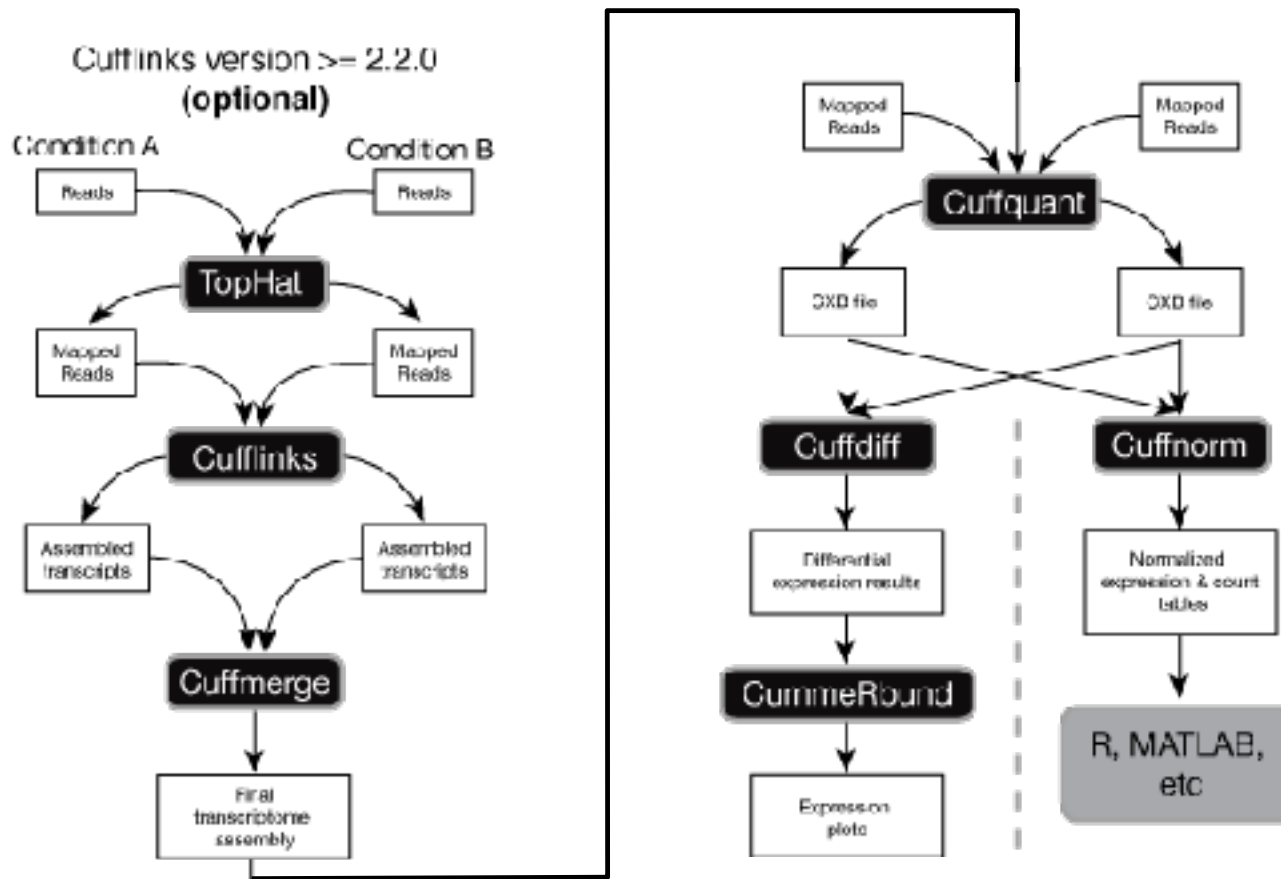
# Reconstruyendo transcritos con Cufflinks

- Cufflinks identifica alineamientos compatibles e incompatibles para generar un grafo de empalme (overlap).
- Predice el cobertura minima de caminos para identificar transcritos.
- También calcula la probabilidad de estos caminos basados en la profundidad de la secuenciación para reconstruir los transcritos así como medir su nivel de expresión.



Trapnell et al., *Nature Biotechnology*, 2010

# La tubería transcriptómica Tuxedo



*Transcritos*

*Expresión*

# Práctica - ensamblando un transcriptoma usando Cufflinks

[https://liz-fernandez.github.io/PBI\\_transcriptomics/](https://liz-fernandez.github.io/PBI_transcriptomics/)