

NGS Genómica Funcional: Transcriptómica

Anotación de transcriptomas

Dra. Selene L. Fernández-Valverde

Unidad de Genómica Avanzada
Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad
Cinvestav, Irapuato
[regRNAlab.github.io](https://github.com/regRNAlab)

Objetivos de aprendizaje

En esta clase aprenderemos:

- A anotar transcriptomas
- A interpretar los datos de anotación

¿Qué significa anotar una secuencia?

- Es términos generales se refiere a agregar información a la secuencia.
- En el contexto de transcriptomas se refiere a identificar los péptidos que se codifican (o la ausencia de los mismos) en un transcrito, así como dominios de proteínas, péptidos señal, entre otros.
- El fin principal es identificar, en la medida de lo posible, la función del transcrito.

Trinotate



Pfam



eggNOG
version 3.0



Anota por similitud de secuencias (BLAST), dominios de proteínas (HMMER) y otros dominios (péptidos señal, dominios transmembranales)

Programas para anotar transcriptomas *de novo*

- **Trinotate** (<https://trinotate.github.io/>)
- Blast2GO (<https://www.blast2go.com/>)
- dammit (<http://www.camillescott.org/dammit/>)

Práctica - anotando un transcriptoma usando Trinotate

[https://liz-fernandez.github.io/
Talleres_Bioinfo_Cuernavaca_17/](https://liz-fernandez.github.io/Talleres_Bioinfo_Cuernavaca_17/)