

NGS Genómica Funcional: Transcriptómica

Ensamble guiado

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

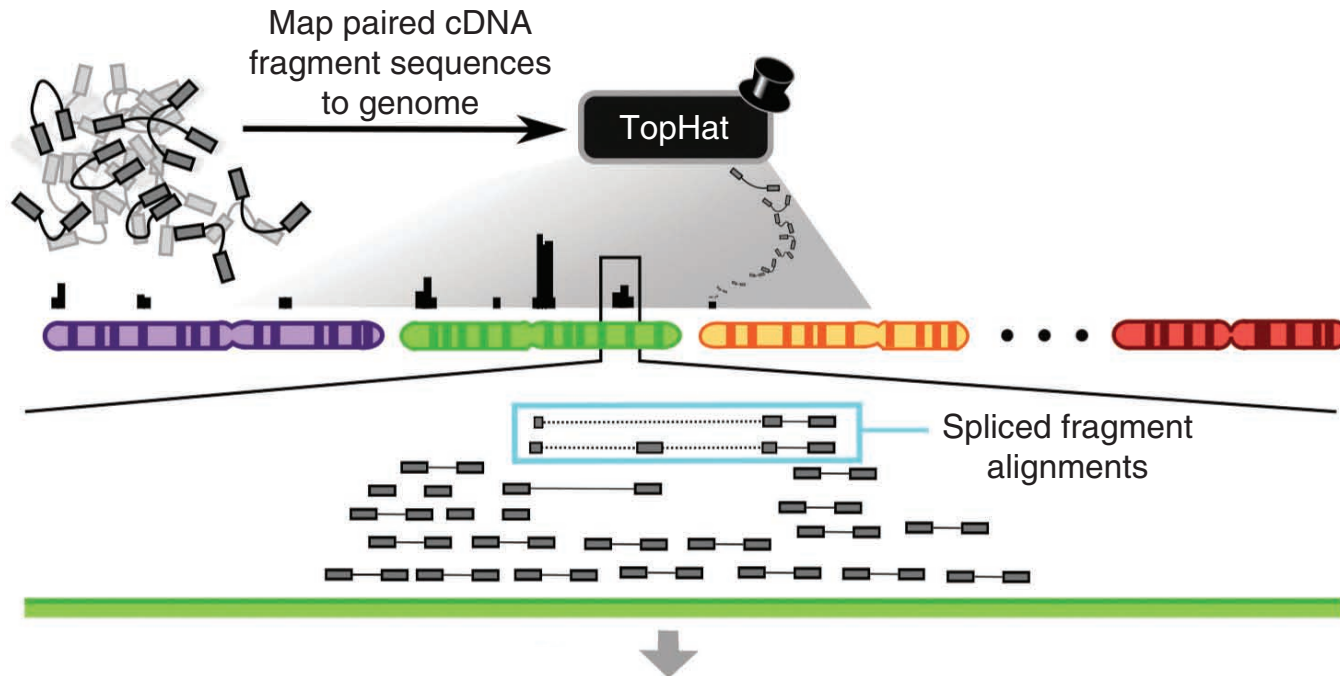
En esta clase aprenderemos:

- 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.**

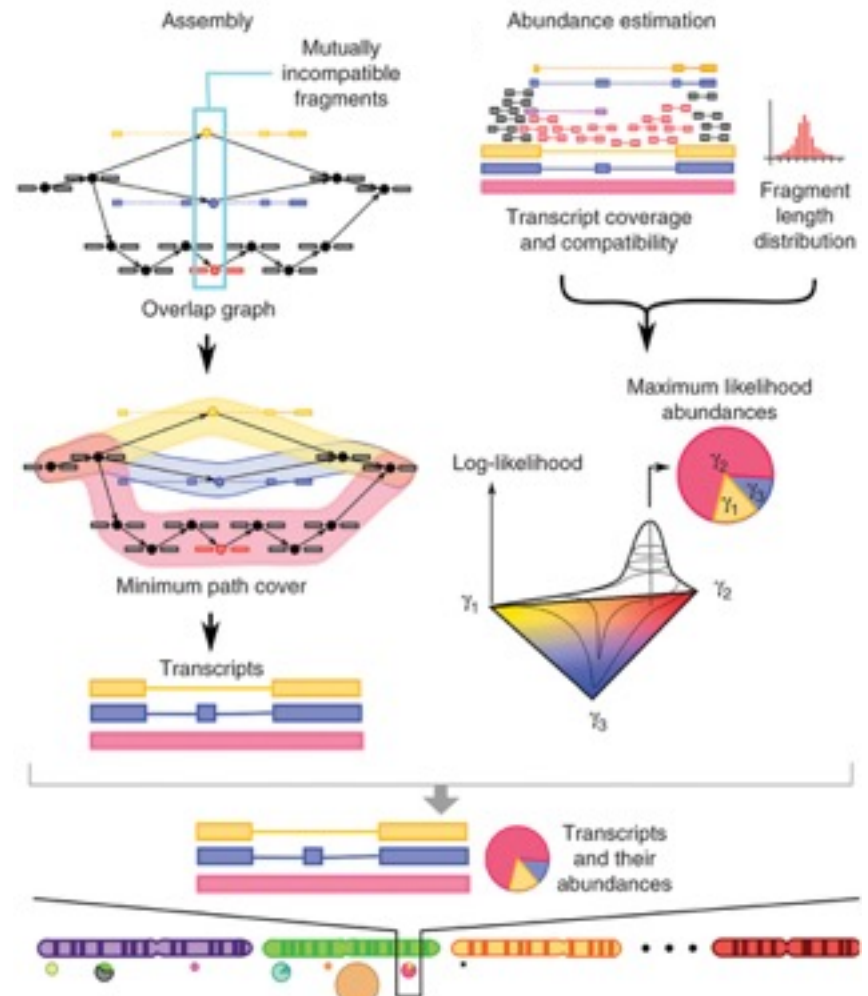
Usando Cufflinks



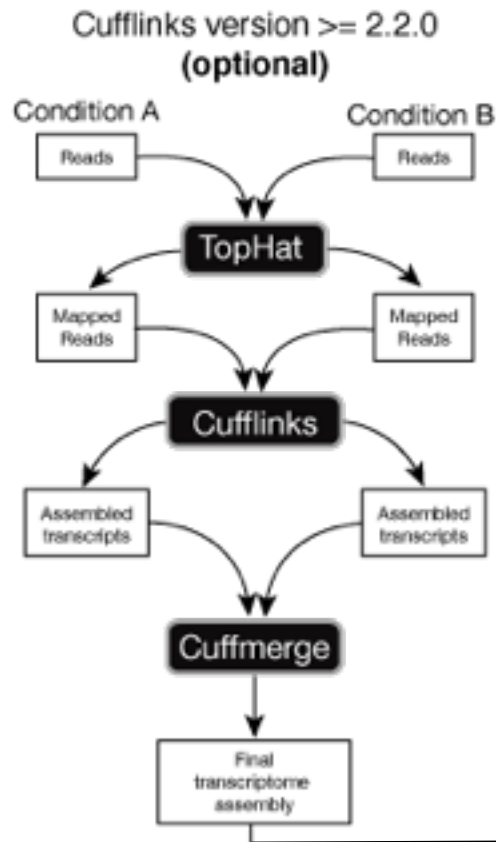
- TopHat mapea lecturas a una referencia (en este caso el genoma), incluyendo lecturas empalmadas que servirán como evidencia para eventos de empalme (splicing).

Reconstruyendo transcritos con Cufflinks

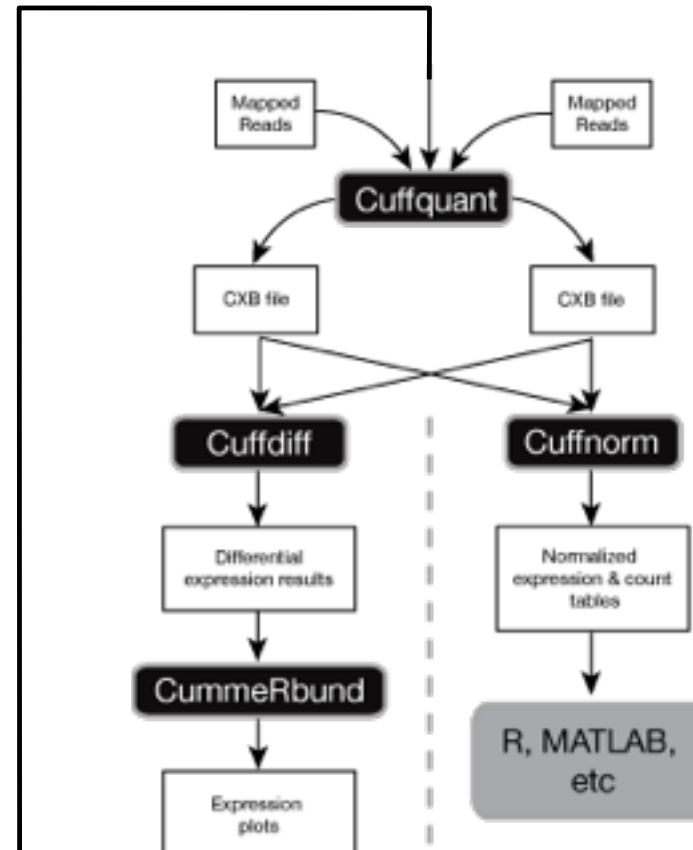
- Cufflinks identifica alineamientos compatibles e incompatibles para generar un grafo de empalme (overlap).
- Predice el cobertura mínima de caminos para identificar transcritos.
- También calcula la probabilidad de estos caminos basados en la profundidad de la secuenciación para reconstruir los transcritos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



La tubería transcriptómica Tuxedo



Transcritos



Expresión

Práctica - ensamblando un transcriptoma usando Cufflinks

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