



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

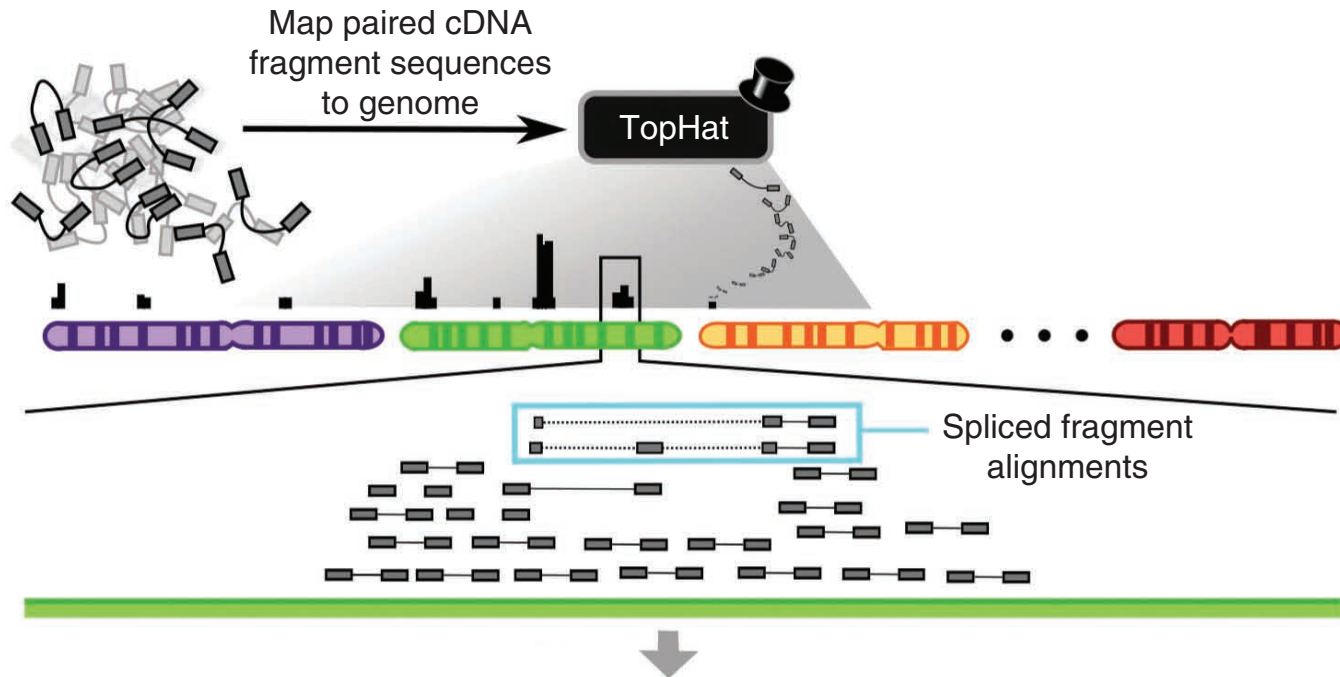
En esta clase aprenderemos:

- 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



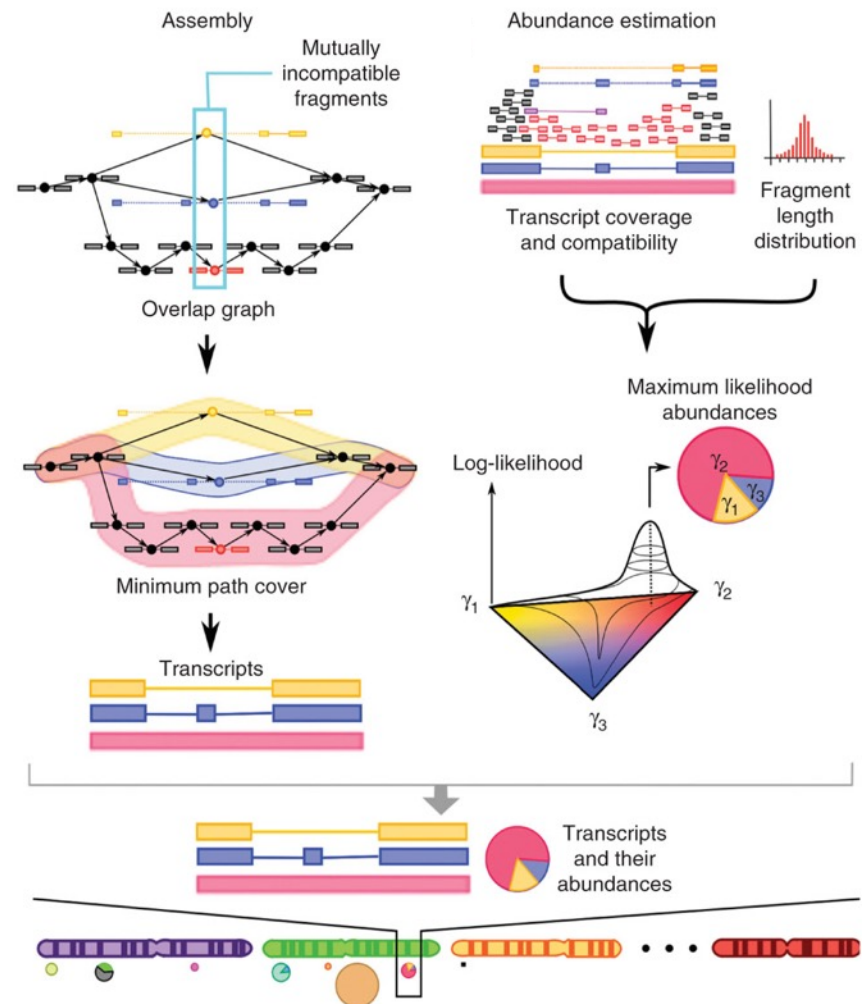
- TopHat mapea lecturas a una referencia (en este caso el genoma), incluyendo lecturas empalmadas que servirán como evidencia para eventos de empalme (splicing).

Trapnell et al., *Nature Biotechnology*, 2010

Biología Computacional 2017 - Selene L. Fernández-Valverde

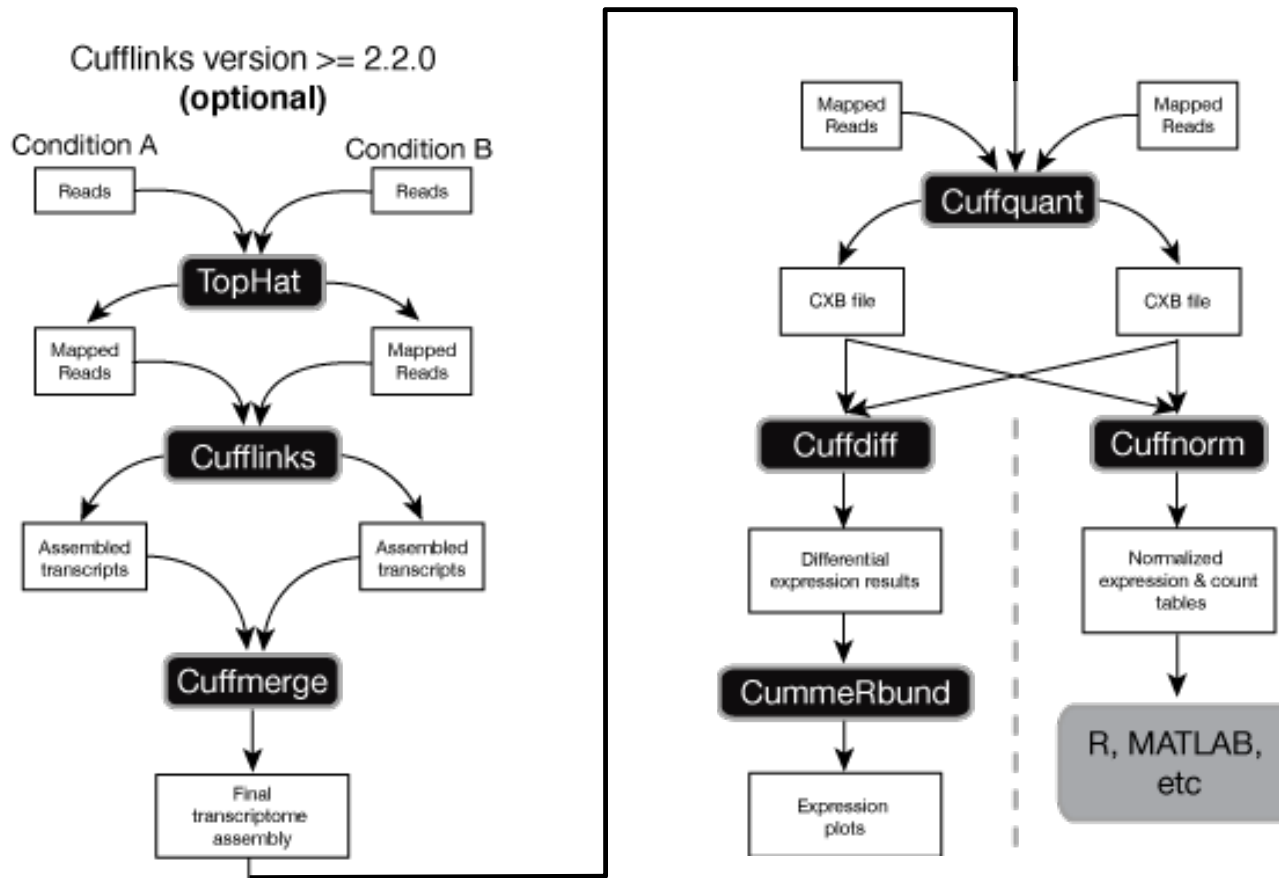
Reconstruyendo transcritos con Cufflinks

- 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/