



Posgrado en  
**Biología  
Integrativa**



# Transcriptómica

*Clase 5 - Anotación de transcriptomas*

Biología Computacional 2017

Selene L. Fernández-Valverde

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

@Selfdz

# Objetivos de aprendizaje

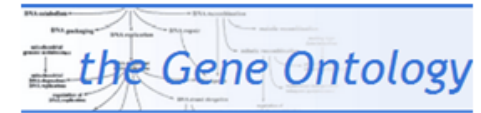
En esta clase aprenderemos:

- 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



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