



**Biotecnología de Plantas**  
Posgrado



# Transcriptómica

*Clase 5 - Ensamble guiado*

Bioinformática y Bioestadística 2021

Selene L. Fernández-Valverde

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

@Selfdz

# Objetivos de aprendizaje

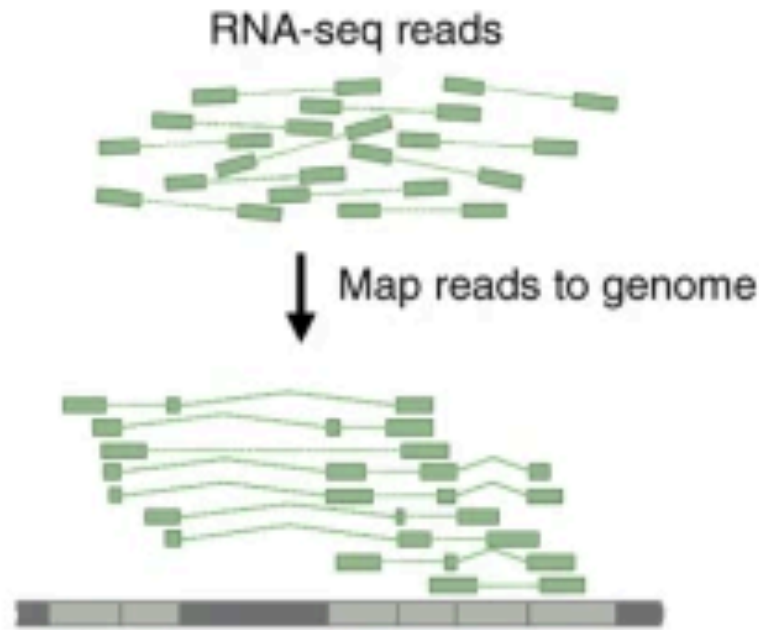
En esta clase aprenderemos:

- De manera muy general, como funciona el ensamble de RNA-Seq.
- A usar Stringtie 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 StringTie



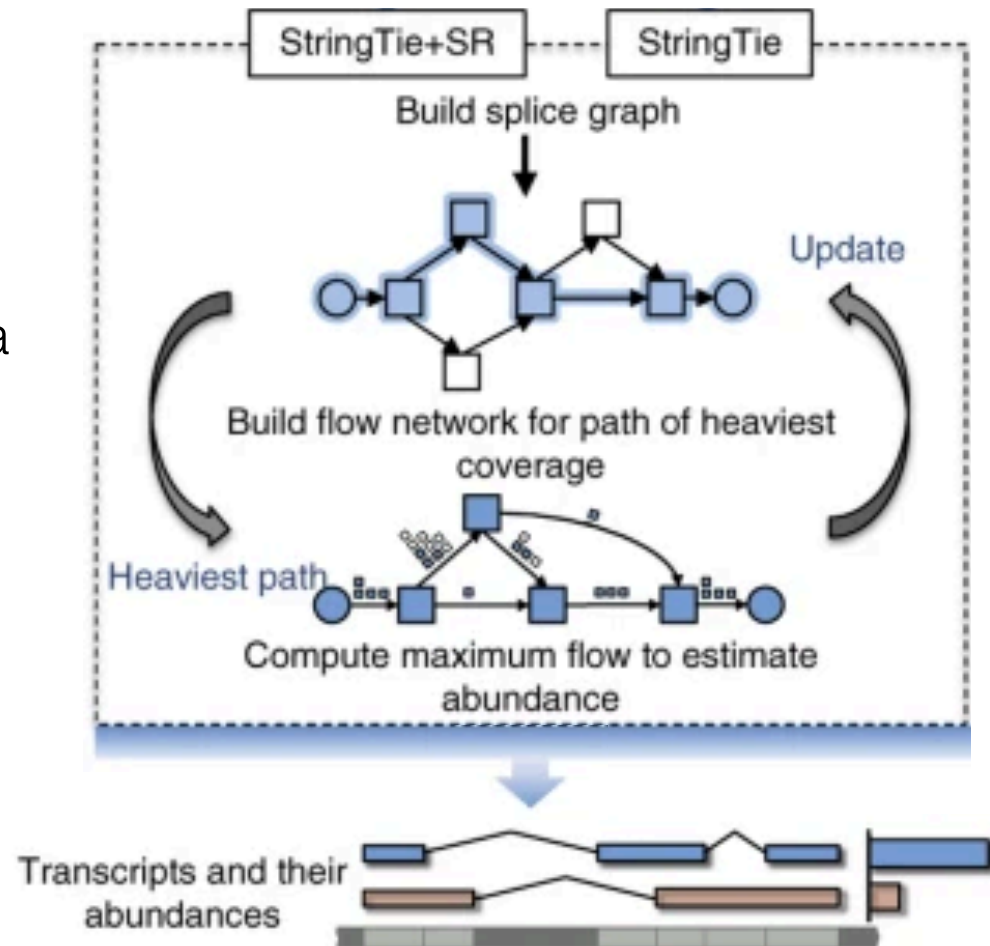
- Stringtie usa lecturas alineadas a una referencia (en este caso el genoma), incluyendo lecturas empalmadas que servirán como evidencia para eventos de empalme (splicing).

Pertea et al., *Nature Biotechnology*, 2015

*Bioinformática 2021 - Selene L. Fernández-Valverde*

# Reconstruyendo transcritos con Stringtie

- Stringtie identifica alineamientos compatibles e incompatibles para generar un grafo de splicing
- Después utiliza la cobertura para generar una red de flujo y así identificar el camino de mayor cobertura (isoforma predominante)
- Finalmente calcula el flujo máximo para determinar la abundancia de cada isoforma



Pertea et al., *Nature Biotechnology*, 2015

Bioinformática 2021 - Selene L. Fernández-Valverde

# Práctica - ensamblando un transcriptoma usando Cufflinks

[https://liz-fernandez.github.io/PBP\\_transcriptomics\\_2020/](https://liz-fernandez.github.io/PBP_transcriptomics_2020/)

# Práctica - alineando lecturas usando HISAT2

[https://liz-fernandez.github.io/PBP\\_transcriptomics\\_2020/](https://liz-fernandez.github.io/PBP_transcriptomics_2020/)