

# TRANSCRIPTÔMICA

Anotação genomas, análise de expressão diferencial de genes, redes de co-expressão

Andreza M. da Cunha  
Gabriel V. Firmino  
Sarah S. P. Garcia

# TRANSCRIPTOMICA

1. Definição

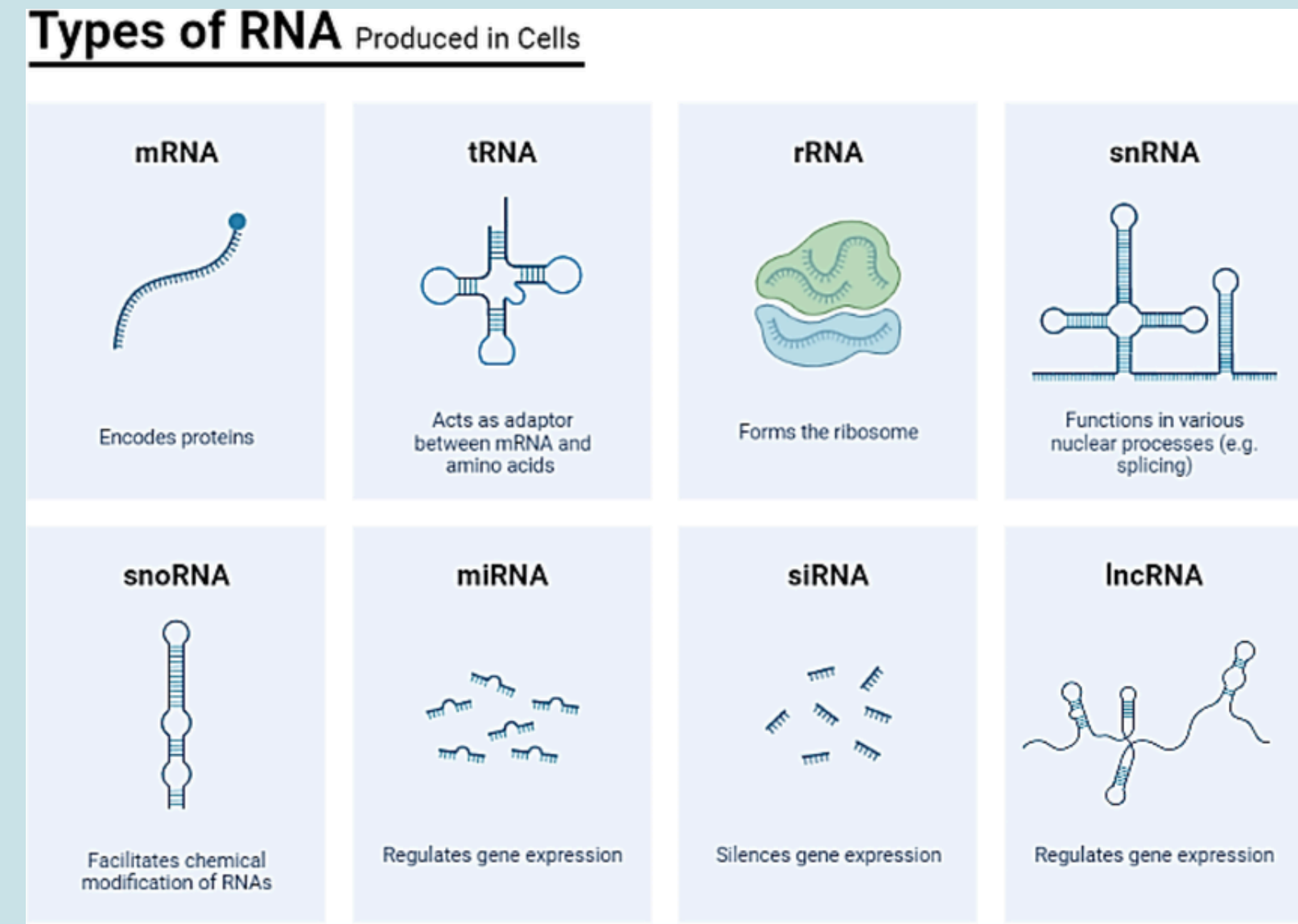
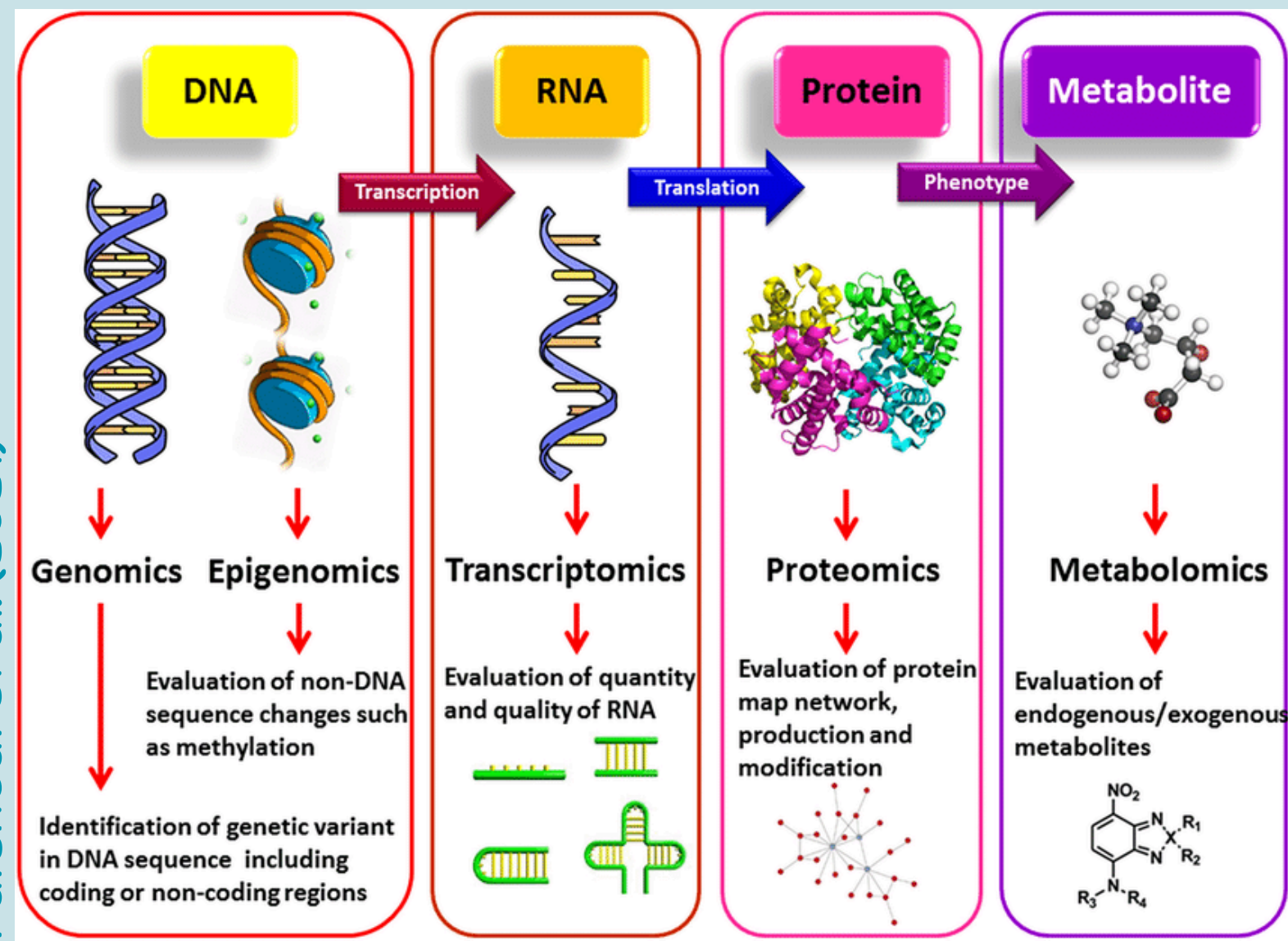
2. Importância e Aplicações

3. Anotação Funcional

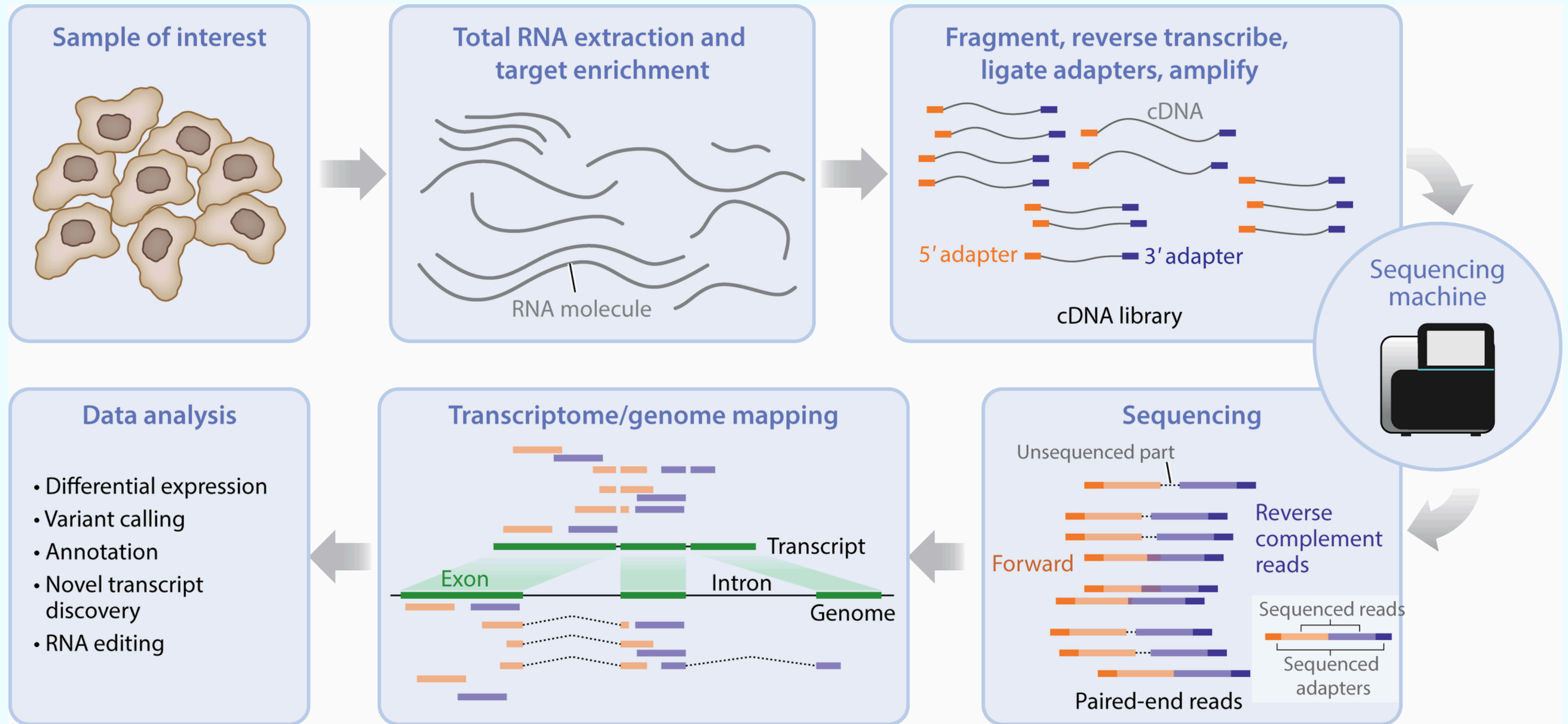
# 1. DEFINIÇÃO

## O QUE É A TRANSCRIPTÔMICA?

- É o conjunto de todas as moléculas transcritas em uma célula, tecido, órgão ou organismo em um determinado momento, sob condições específicas.
- Sua análise se concentra no sequenciamento de moléculas de mRNA e outros RNAs reguladores.
- Está relacionado com a **regulação** da expressão gênica e a **influência de fatores ambientais**



# O QUE É A TRANSCRIPTÔMICA?



# A IMPORTÂNCIA DA TRANSCRIPTÔMICA

Análise, quantificação e comparação da expressão gênica

- Diferentes condições
- Diferentes partes do mesmo organismo
- Diferentes estágios de desenvolvimento



Reconhecimento de genes candidatos à edição gênica



Reconhecimento de introns e exons



Anotação funcional de genomas

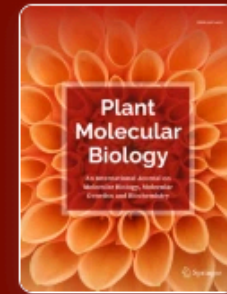
# A IMPORTÂNCIA DA TRANSCRIPTÔMICA

[Home](#) > [Plant Molecular Biology](#) > [Article](#)

## Transcriptome profiling of *Vitis amurensis*, an extremely cold-tolerant Chinese wild *Vitis* species, reveals candidate genes and events that potentially connected to cold stress

Published: 05 September 2014

Volume 86, pages 527–541, (2014) [Cite this article](#)



[Plant Molecular Biology](#)

[Aims and scope](#) →

[Submit manuscript](#) →

[Weirong Xu](#), [Ruimin Li](#), [Ningbo Zhang](#), [Fuli Ma](#), [Yuntong Jiao](#) & [Zhenping Wang](#) ✉

3309 Accesses 79 Citations [Explore all metrics](#) →

Identificação de genes relacionados à resposta ao estresse térmico e tolerância à seca



Available online at [www.sciencedirect.com](http://www.sciencedirect.com)

ScienceDirect



RESEARCH ARTICLE

## Transcriptome profiling reveals insights into the molecular mechanism of drought tolerance in sweetpotato



ZHU Hong, ZHOU Yuan-yuan, ZHAI Hong, HE Shao-zhen, ZHAO Ning, LIU Qing-chang

*Key Laboratory of Sweetpotato Biology and Biotechnology, Ministry of Agriculture/Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/Laboratory of Crop Heterosis and Utilization, Ministry of Education/College of Agronomy & Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100193, P.R.China*

# A IMPORTÂNCIA DA TRANSCRIPTÔMICA

► [Front Vet Sci. 2021 Jul 5;8:677045. doi: 10.3389/fvets.2021.677045](#) 

## Comparative Transcriptome Analyses of the Developmental Stages of *Taenia multiceps*

[Wen-Hui Li](#)<sup>1,\*</sup>, [Yang Yang](#)<sup>2</sup>, [Nian-Zhang Zhang](#)<sup>1</sup>, [Jian-Kui Wang](#)<sup>3</sup>, [Yin-Ju Liu](#)<sup>1</sup>, [Li Li](#)<sup>1</sup>, [Hong-Bin Yan](#)<sup>1</sup>, [Wan-Zhong Jia](#)<sup>1</sup>, [Baoquan Fu](#)<sup>1,4,\*</sup>

► [Author information](#) ► [Article notes](#) ► [Copyright and License information](#)

PMCID: PMC8287169 PMID: [34291101](#)

Genes expressos em diferentes estágios de desenvolvimento do verme *Taenia multiceps*, parasita de humanos e caprinos

Genes expressos em variedades de cana-de-açúcar com perfis distintos de crescimento vegetativo


[Home](#) > [Planta](#) > [Article](#)

## Comparative transcriptomic analysis unveils candidate genes associated with sugarcane growth rate

Original Article | Published: 29 October 2024

Volume 260, article number 128, (2024) [Cite this article](#)

[Download PDF](#) 



 Access provided by Universidade de São Paulo




[Planta](#)

[Aims and scope](#) →

[Submit manuscript](#) →

[Yegeng Fan](#), [Huiwen Zhou](#), [Haifeng Yan](#), [Aomei Li](#), [Lihang Qiu](#), [Zhongfeng Zhou](#), [Yuchi Deng](#), [Rongfa Chen](#)  & [Jianming Wu](#) 

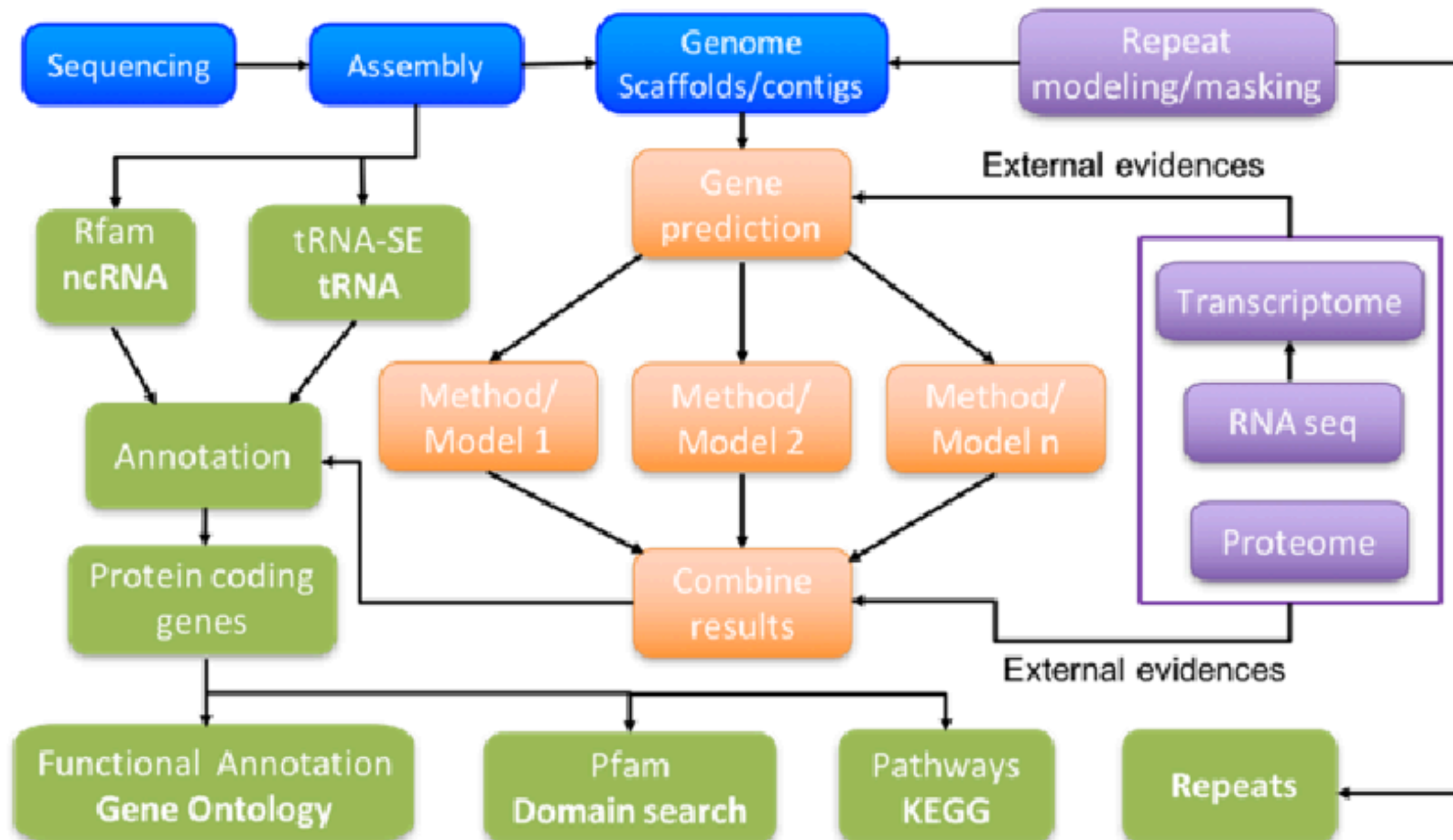
 63 Accesses [Explore all metrics](#) →

[Use our pre-submission checklist](#) →

Avoid common mistakes on your manuscript.



# IMPORTÂNCIA: ANOTAÇÃO FUNCIONAL

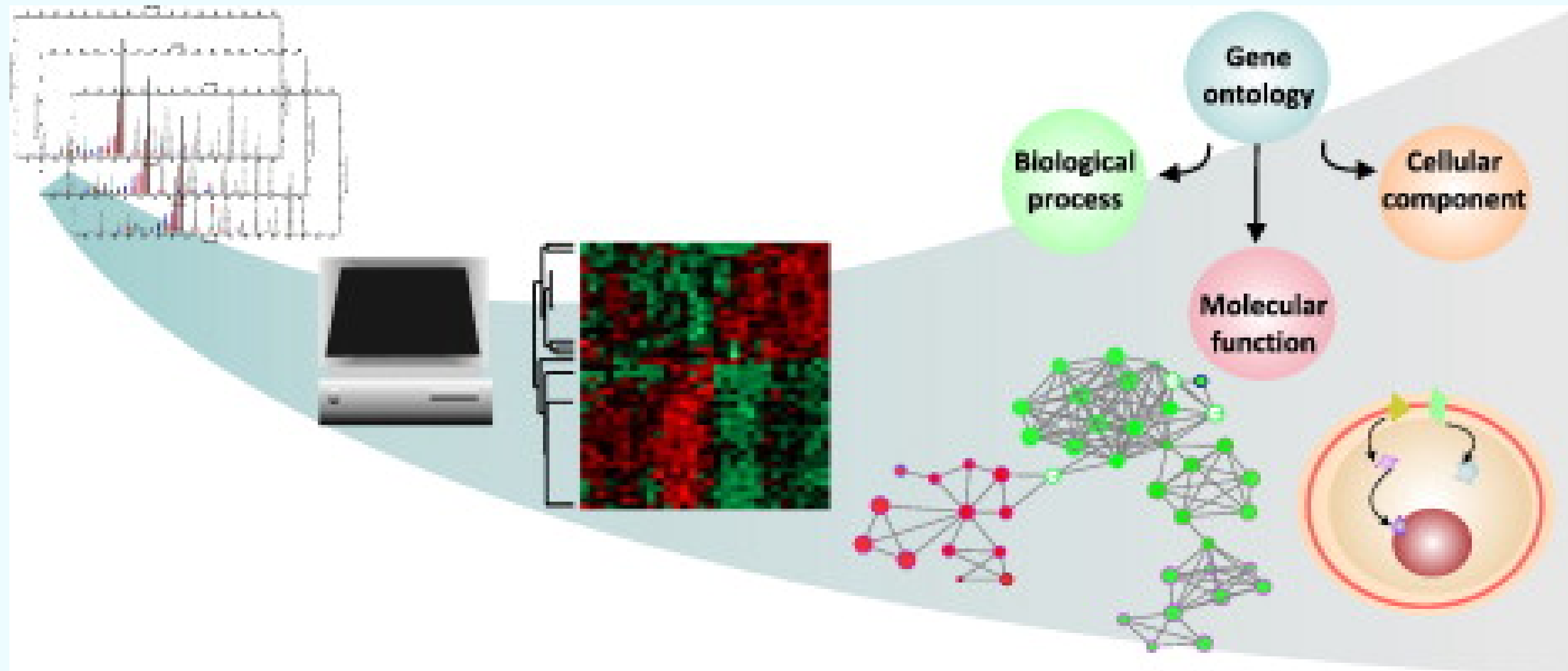


Transcriptômica tem um papel importante como evidência que auxilia predição de genes e anotação dos genomas em geral



# IMPORTÂNCIA: ANOTAÇÃO FUNCIONAL

A expressão gênica sendo distinta sob diferentes condições permite que o transcriptoma elucidie funções de genes que ainda não são bem conhecidos, portanto sendo uma parte fundamental da anotação funcional



Carnielli et al. (2015)

## PRIMEIRA GERAÇÃO

Foram marcos históricos e desempenharam papéis importantes na compreensão dos perfis de expressão gênica

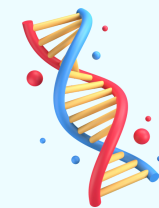


EST – Expressed Sequence Tags

- Sanger e suas limitações em relação à profundidade de cobertura, tempo e custo;
- Fragmentos muito curtos do genoma;
- Aplicações em projetos iniciais de sequenciamento de transcriptoma e descoberta de genes;



SAGE – Serial Analysis of Gene Expression

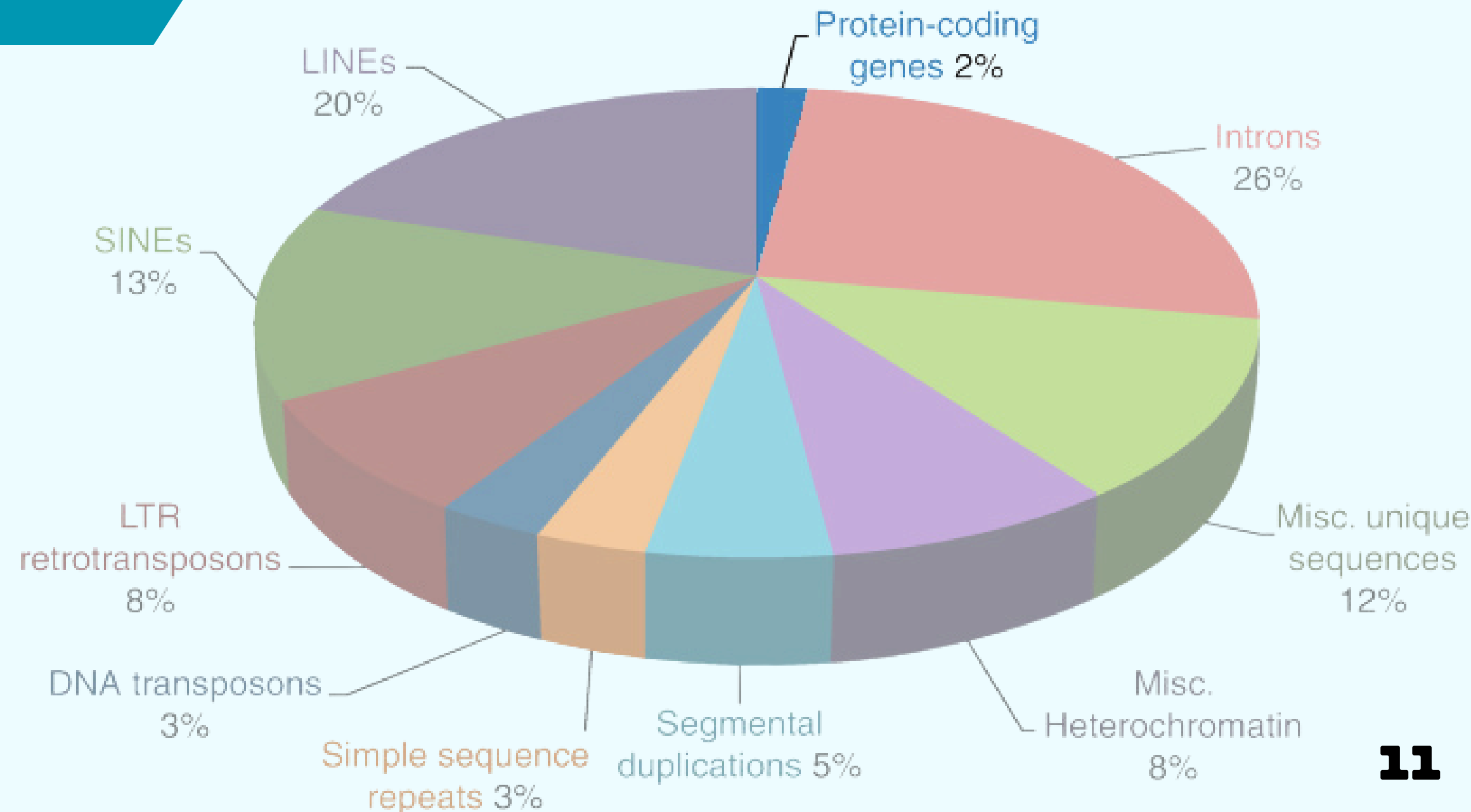


Microarray

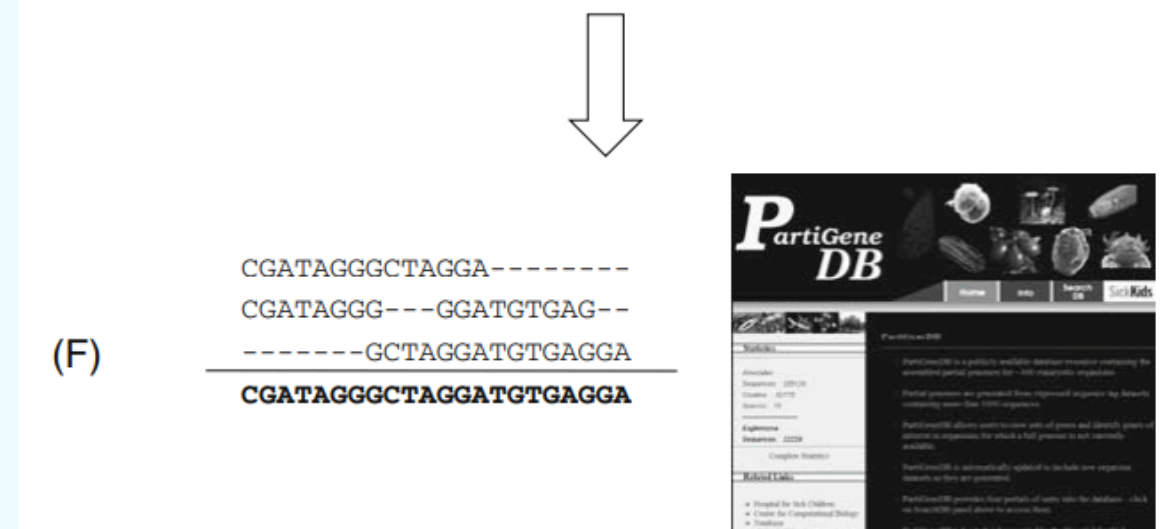
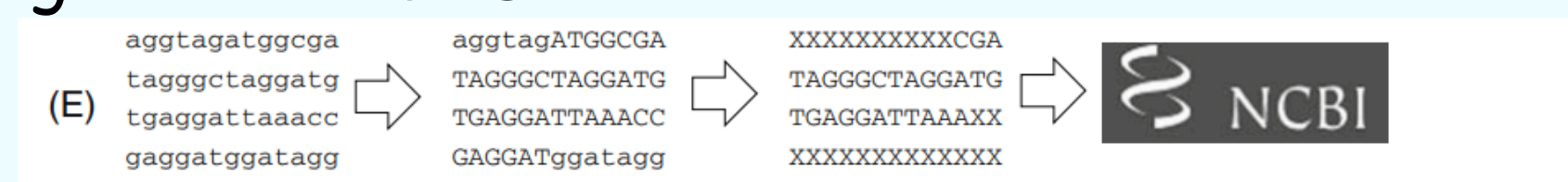
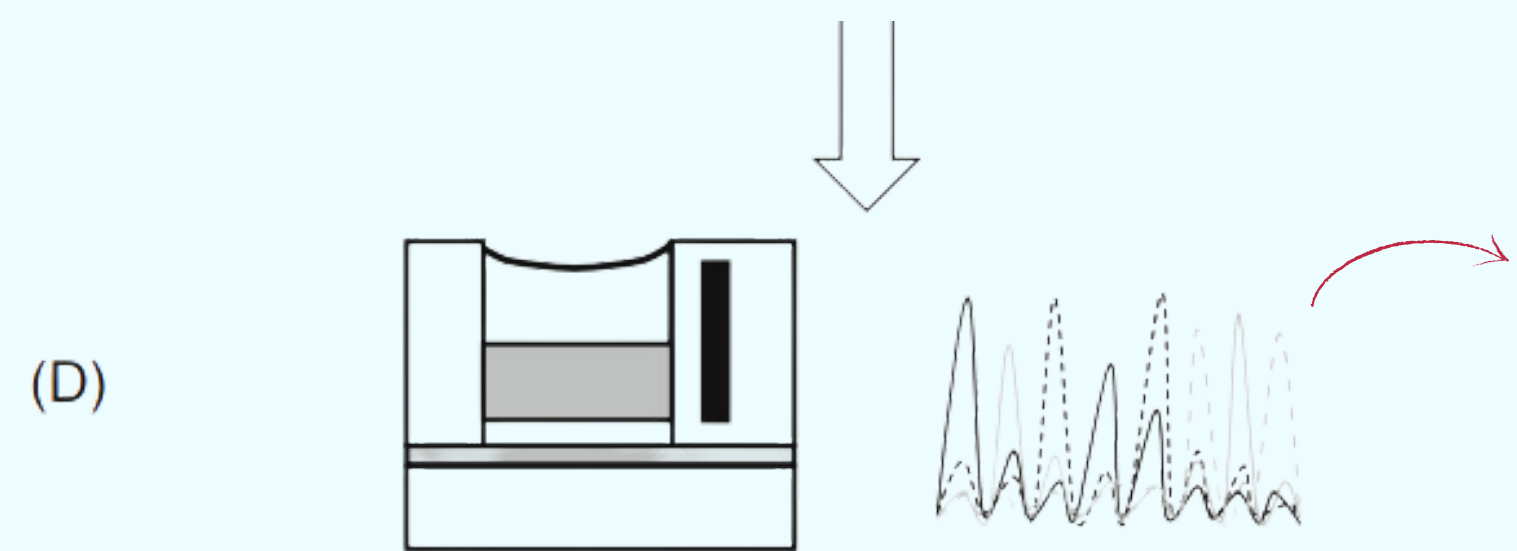
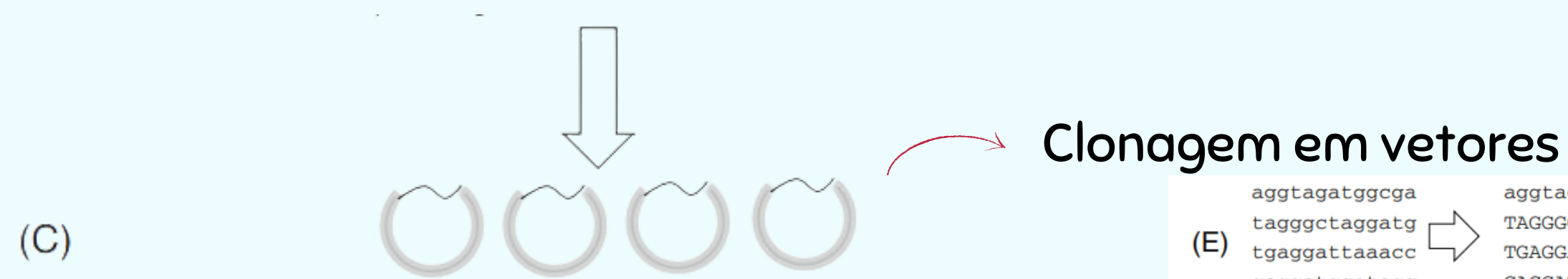
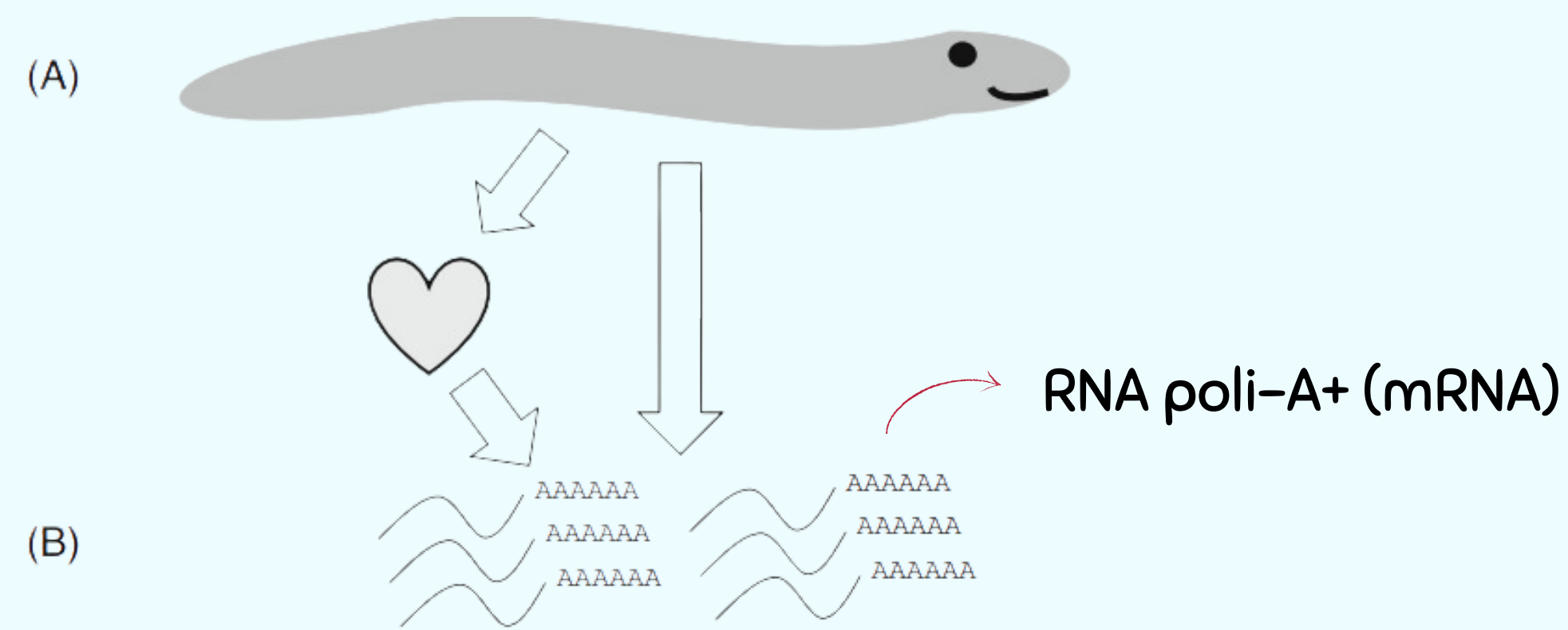
# EXPRESSED SEQUENCE TAGS (ESTS)

- São leituras de passagem única de aproximadamente 200–800 pb gerados a partir de clones de cDNA selecionados aleatoriamente

- Não existem no genoma;
- Início da década de 1980 (Putney et al., 1983);
- Sequências obtidas a partir de porções codificantes do genoma;



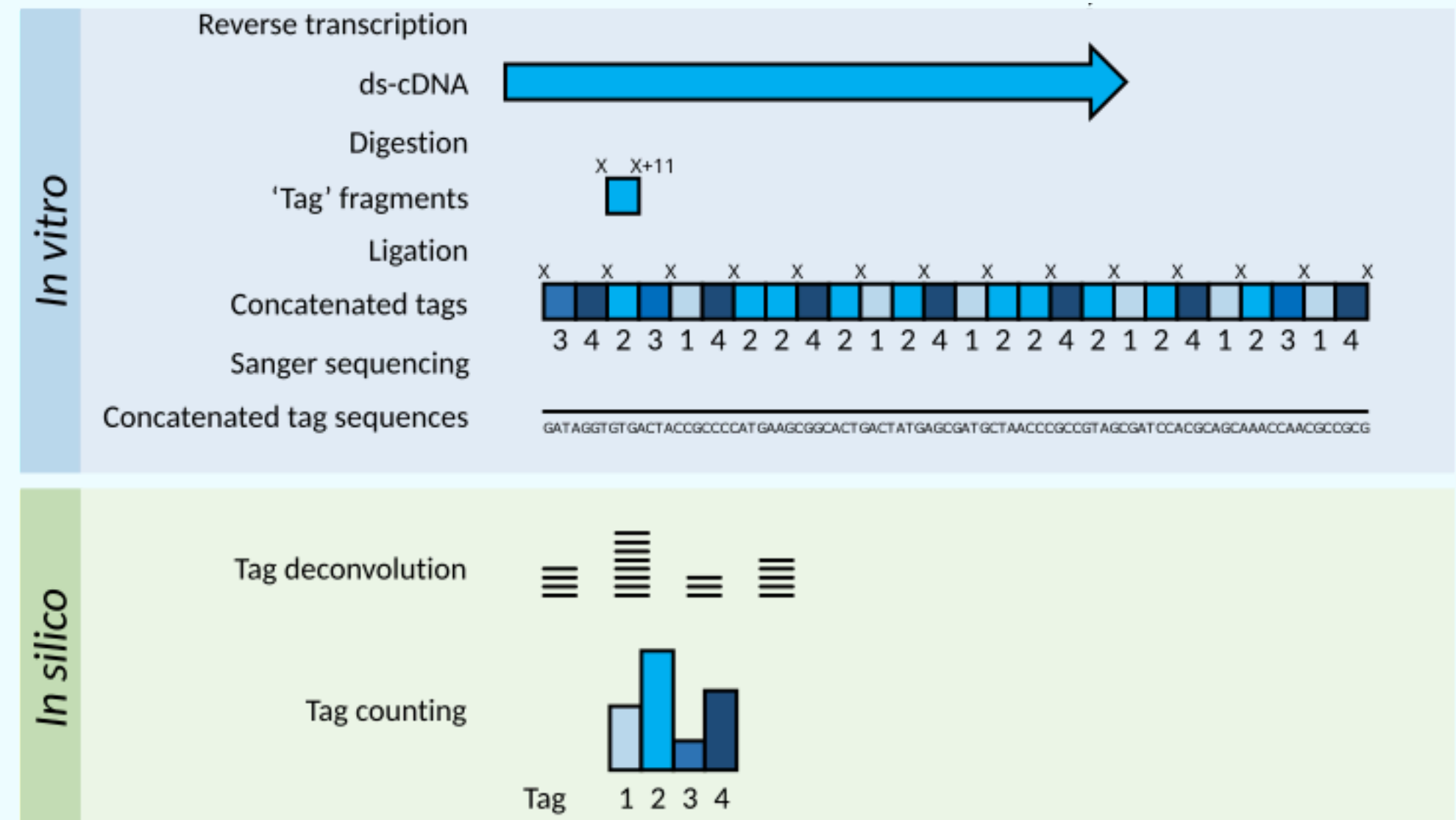
# EXPRESSED SEQUENCE TAGS (ESTS)



# SAGE (SERIAL ANALYSIS OF GENE EXPRESSION)

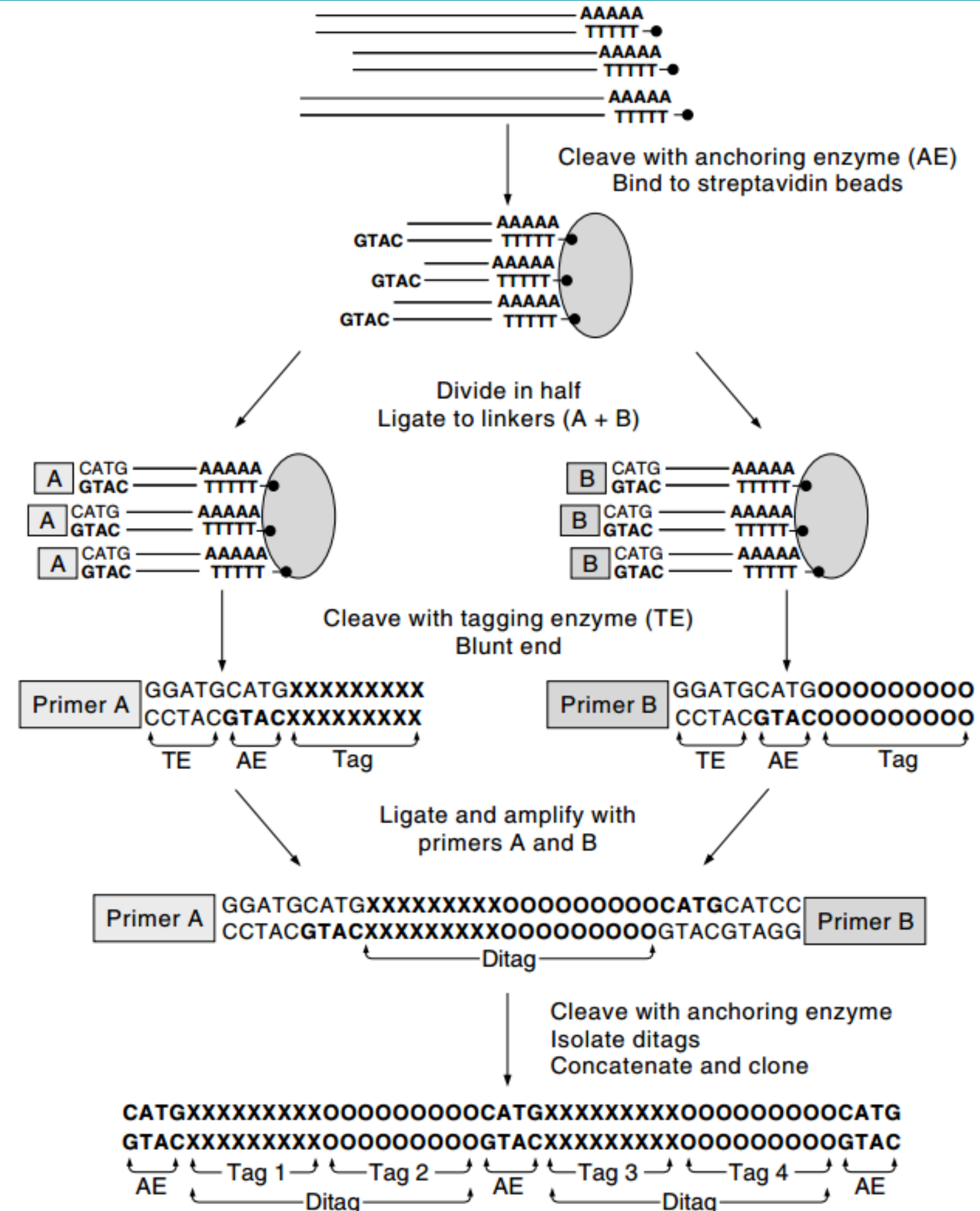
- Se baseia no conceito de que uma pequena sequência de oligonucleotídeos, com cerca de 9 a 10 bases, pode identificar exclusivamente um gene;
- Permite analisar os genes que estão sendo expressos em uma célula em diferentes condições; Comparações de perfis de expressão gênica;
- Análise quantitativa da expressão gênica em amostras específicas;
- Possui uma série de limitações.

Lowe et al., (2017)



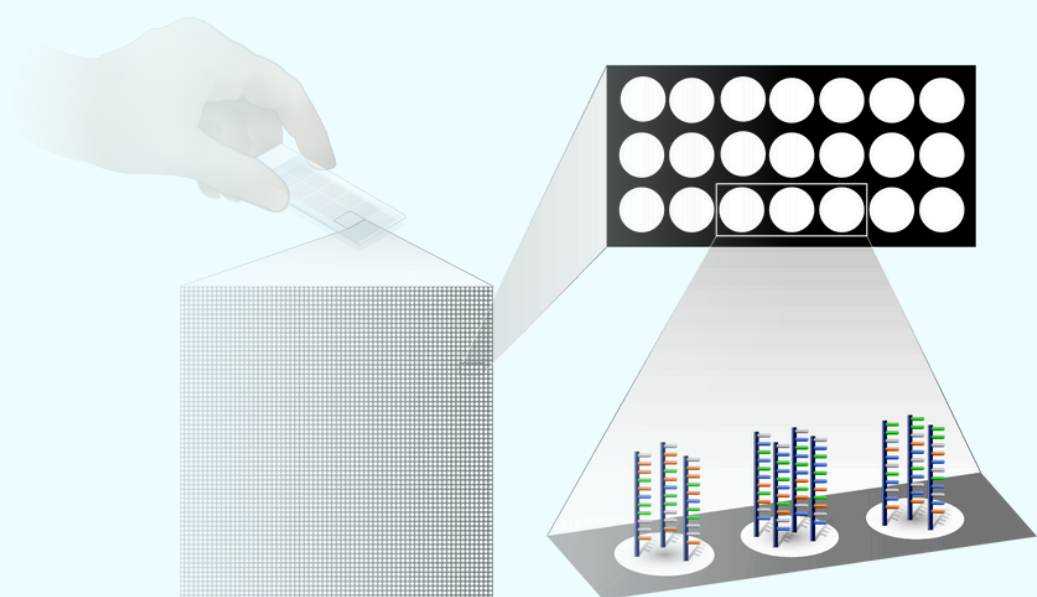
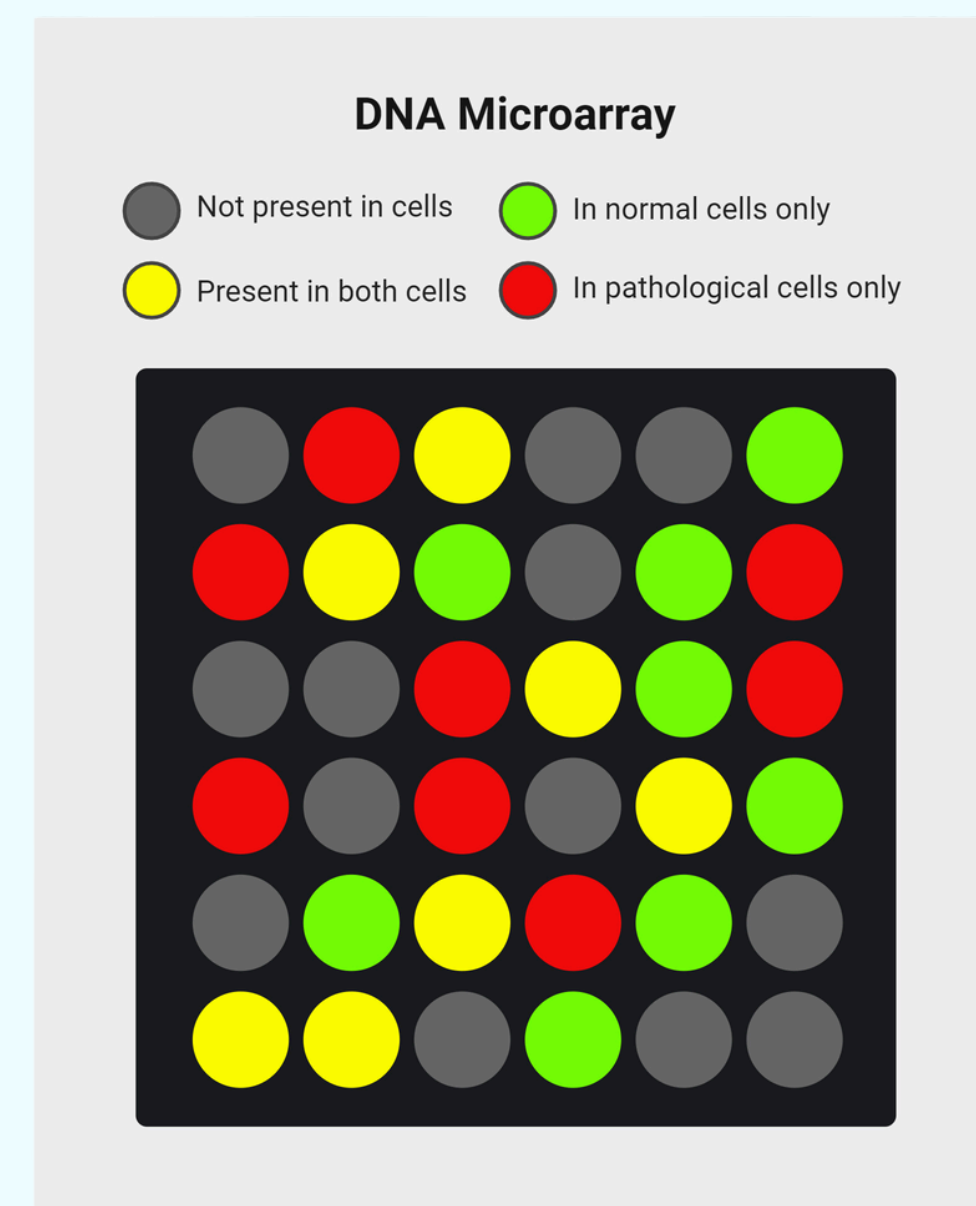
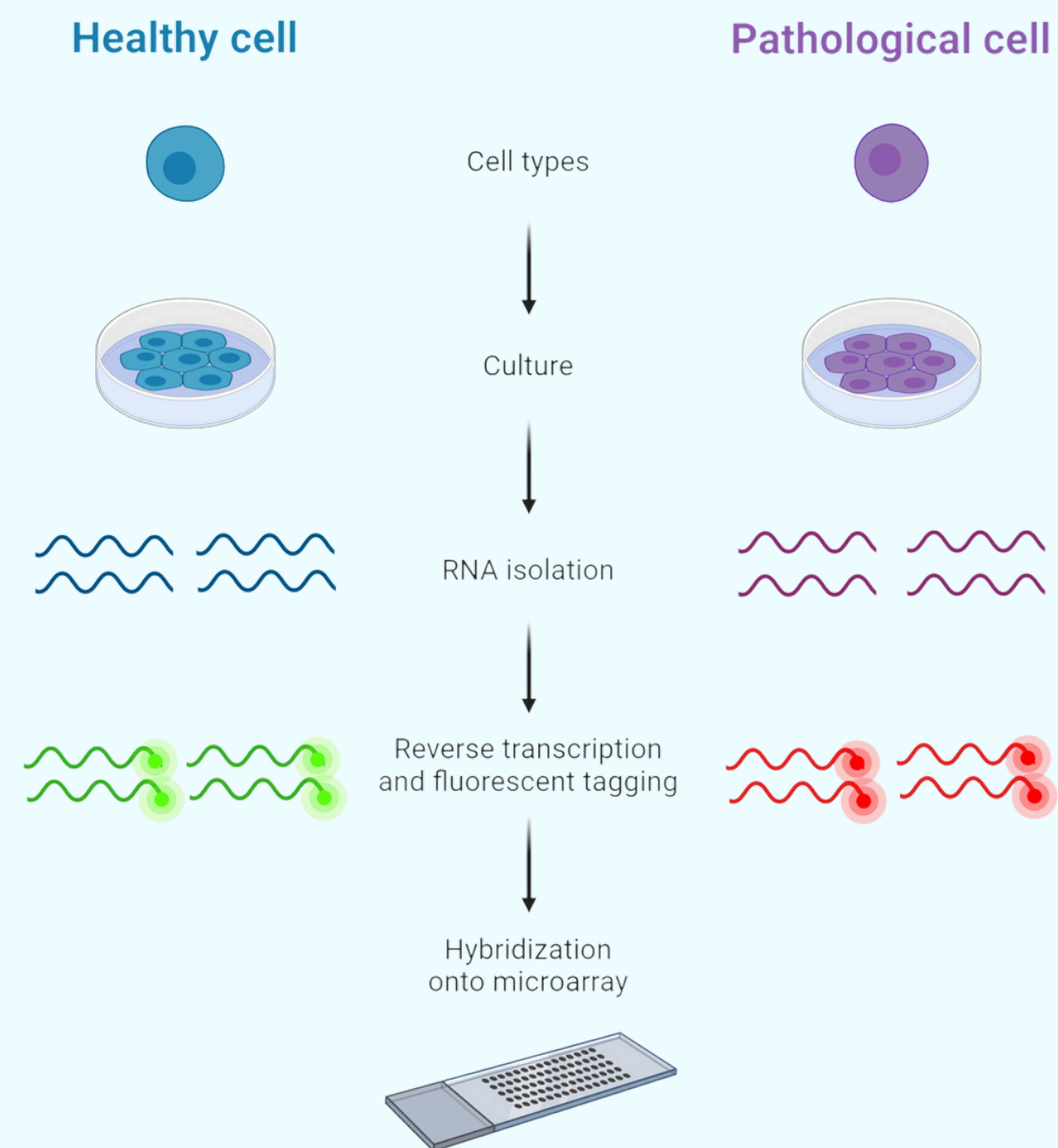
# SAGE

- Isolamento e ancoragem do mRNA;
- Corte com enzima de ancoragem (AE);
- Divisão e ligação aos adaptadores (Linkers);
- Corte com enzima de marcação (TE);
- Ligação e amplificação com primers A e B;
- Ditags e concatenamento;
- Isolamento, concatenamento e clonagem;
- Sequenciamento e análise bioinformática.



# MICROARRAY

- São lâminas de vidro nas quais segmentos de fita-única (sondas) são fixados e imobilizados de forma ordenada e em áreas específicas (célula de sonda);
- Na lâmina, cada célula de sonda contém milhões de cópias de um determinado transcrito, ou um segmento gênico em particular;



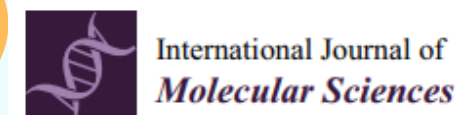
# MICROARRAY

## Diversas aplicações na biologia molecular e medicina

- Muitos estudos foram usados para identificar assinaturas de expressão gênica associadas a diferentes tipos de câncer, como o câncer de mama;
- Investigar a expressão gênica em doenças como Alzheimer e Parkinson;
- Resposta de plantas a estresse abiótico, como seca, salinidade e temperatura extrema;

## Limitações

- Dependência de sondas conhecidas;
- Sensibilidade limitada;
- Ruído e variabilidade;



International Journal of  
*Molecular Sciences*



Review

## Current Achievements and Applications of Transcriptomics in Personalized Cancer Medicine

Stanislaw Supplitt<sup>1,\*</sup>, Pawel Karpinski<sup>1,2</sup> , Maria Sasiadek<sup>1</sup> and Izabela Laczmanska<sup>1</sup>




Received: 2019.08.08  
Accepted: 2019.11.04  
Published: 2020.01.27

MOLECULAR BIOLOGY



e-ISSN 1643-3750  
© Med Sci Monit, 2020; 26: e919249  
DOI: 10.12659/MSM.919249

## Microarray Analysis of Differential Gene Expression in Alzheimer's Disease Identifies Potential Biomarkers with Diagnostic Value

## scientific reports

 Check for updates

## OPEN Blood cancer prediction using leukemia microarray gene data and hybrid logistic vector trees model

Vaibhav Rupapara<sup>1,6</sup>, Furqan Rustam<sup>2,6</sup>, Wajdi Aljedaani<sup>3</sup>, Hina Fatima Shahzad<sup>2</sup>, Ernesto Lee<sup>4</sup>  & Imran Ashraf<sup>5</sup> 

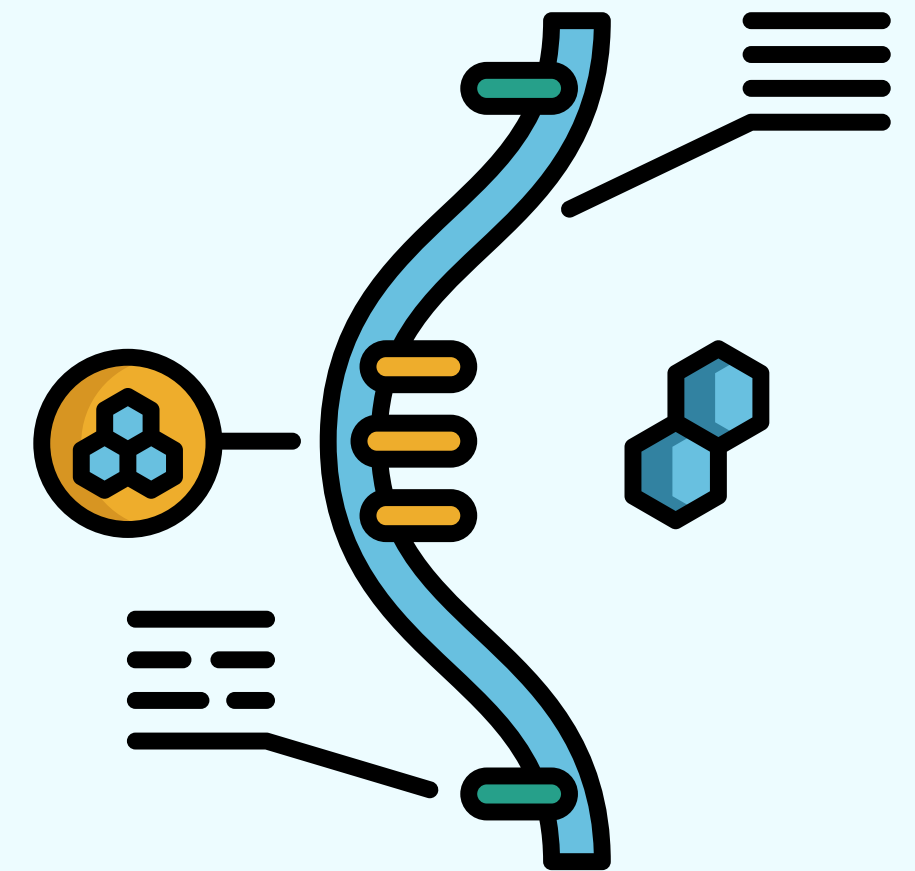


# TECNOLOGIAS E APLICAÇÕES

## SEGUNDA GERAÇÃO

Sequenciamento massivamente paralelo (Illumina). Com isso, o custo do sequenciamento caiu drasticamente, sendo possível fazer estudos transcriptômicos completos, com muito mais profundidade e abrangência;

O RNA-seq possibilitou a identificação de todos os transcritos em uma amostra, permitindo uma visão global de como os genes eram expressos e regulados em diferentes condições, como no desenvolvimento de doenças ou em resposta a tratamentos.



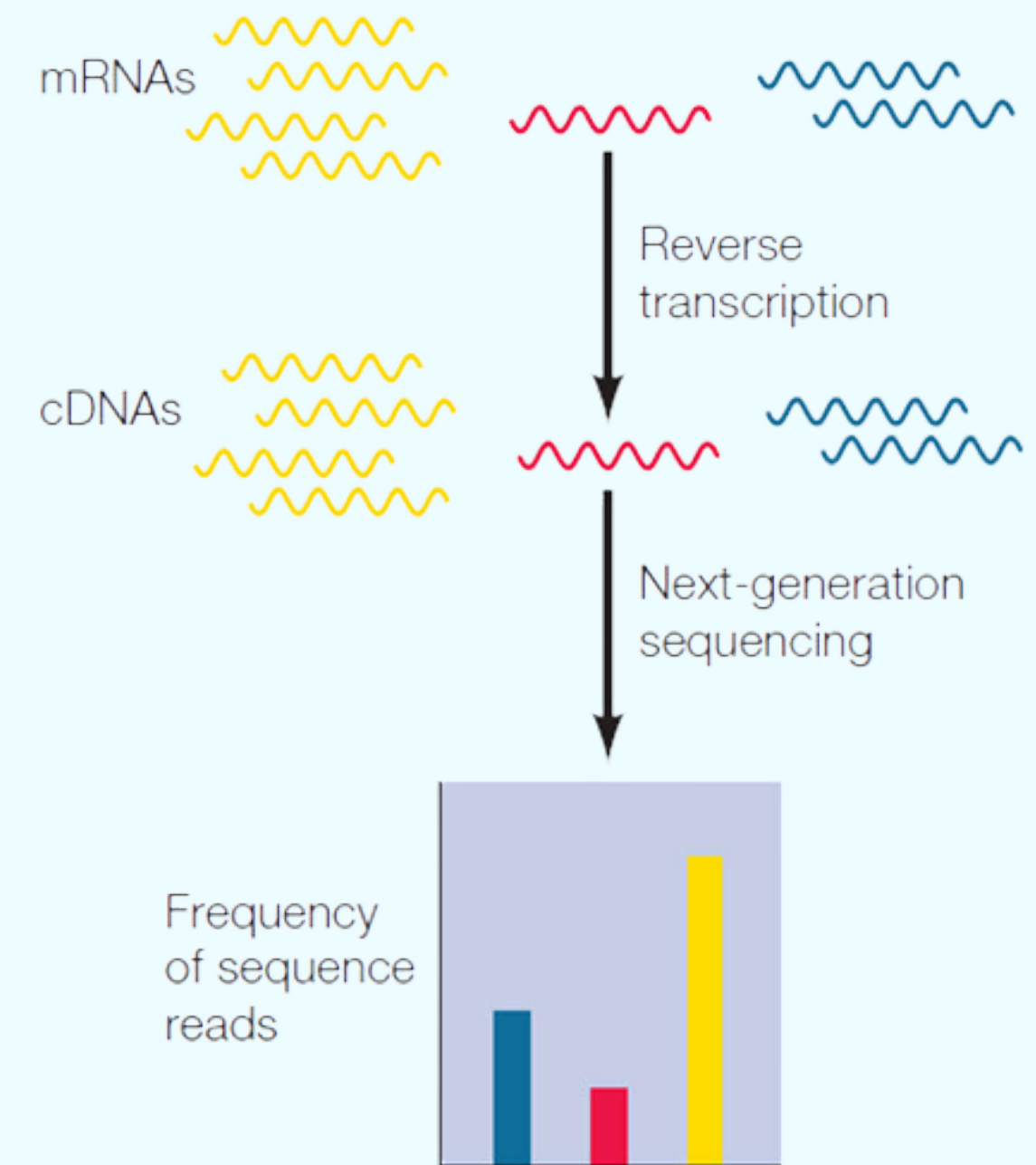
# TECNOLOGIAS E APLICAÇÕES

## RNA-SEQ

- É o processo de sequenciar o RNA de uma amostra biológica;
- Resultados podem ser qualitativos ou quantitativos;
- Detecção de transcritos em baixa abundancia e diferenças sutis em diferentes condições; Não se limita a transcritos conhecidos;

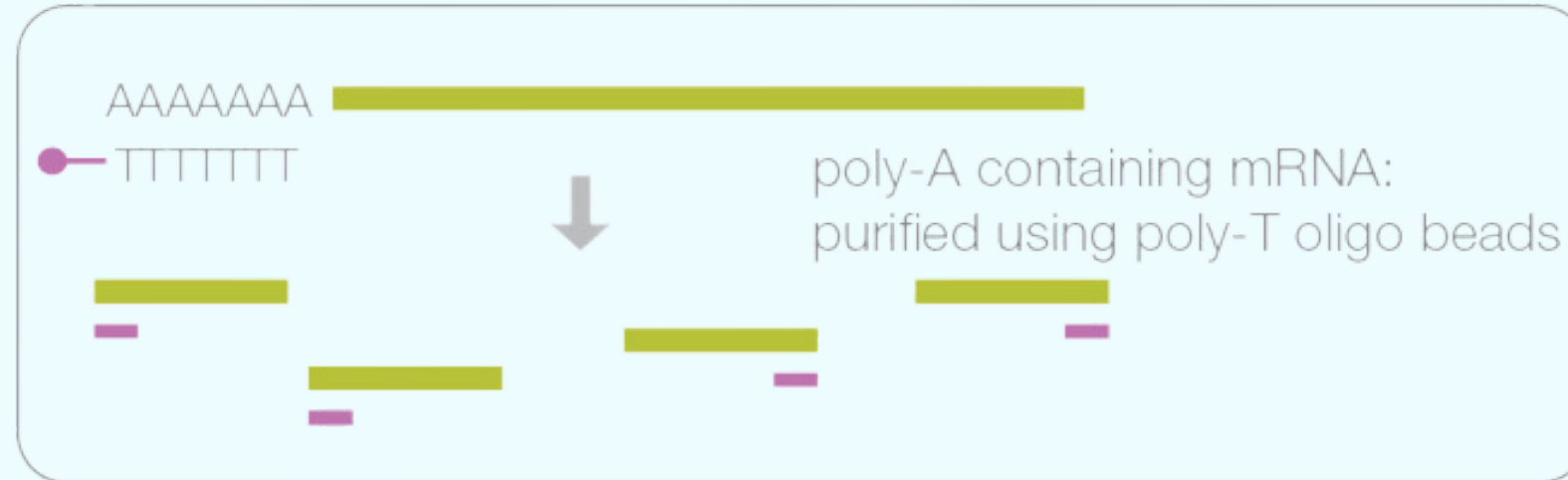
• Impulsionado pelo desenvolvimento das tecnologias high-throughput sequencing (2000s) – NGS

• Primeira descrição em 2006



# RNA-SEQ

Figure 1 Purifying and Fragmenting mRNA



RNA (enriquecimento de mRNA) e síntese de cDNA;

Figure 2 Synthesizing First Strand cDNA



Fragmentos de RNA são convertidos em cDNA de primeira fita com transcriptase reversa e primers aleatórios;

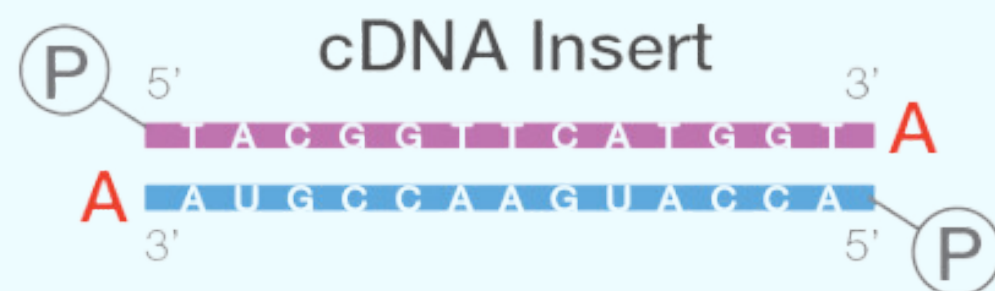
Figure 3 Synthesizing Second Strand cDNA



Síntese utilizando DNA Polymerase I e RNase H

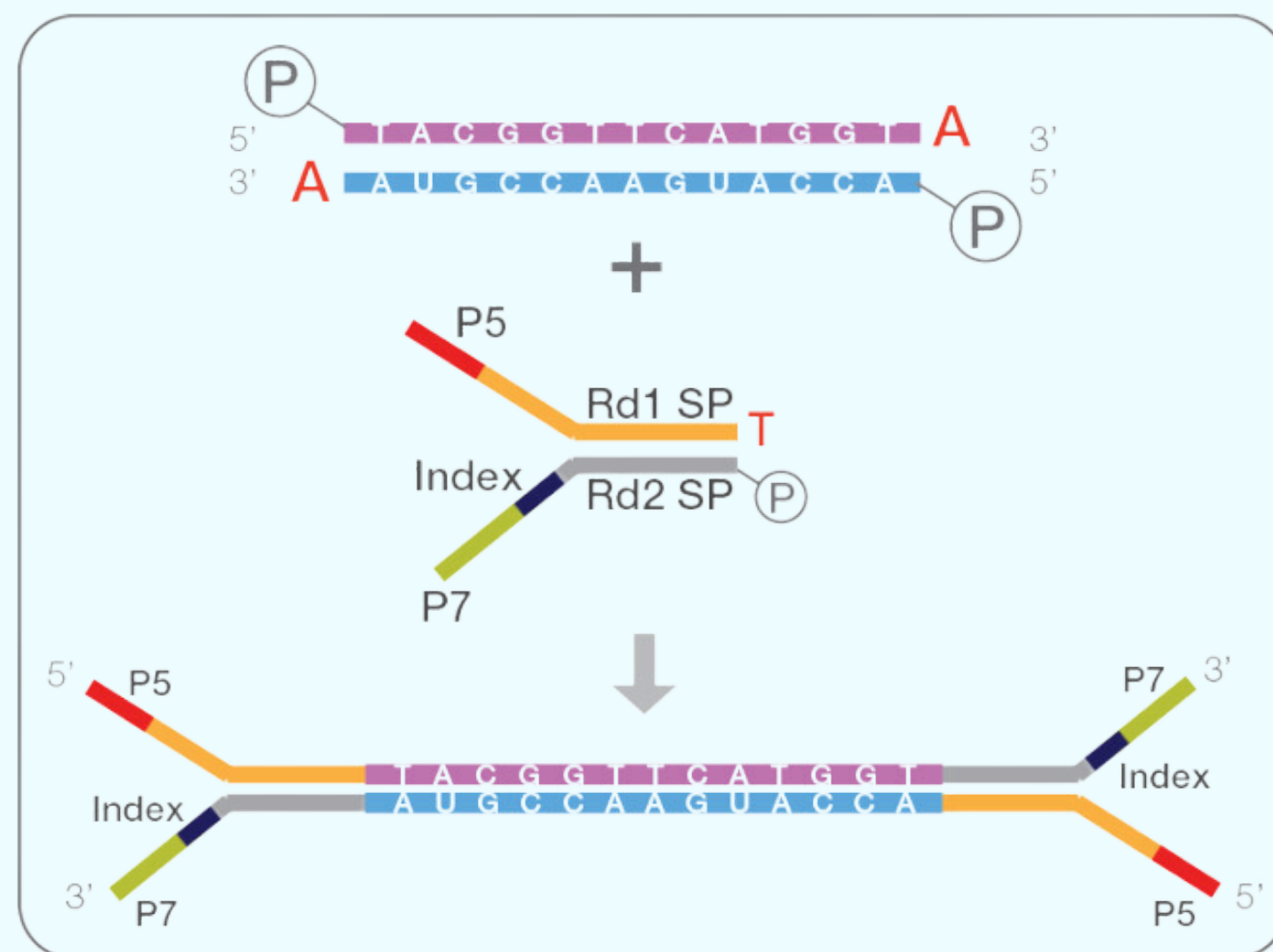
# RNA-SEQ

Figure 4 Adenylating 3' Ends



Um nucleotídeo A é adicionado na extremidade 3' de cada fragmento, impedindo-os de ligarem entre si;

Figure 5 Ligating Adapters

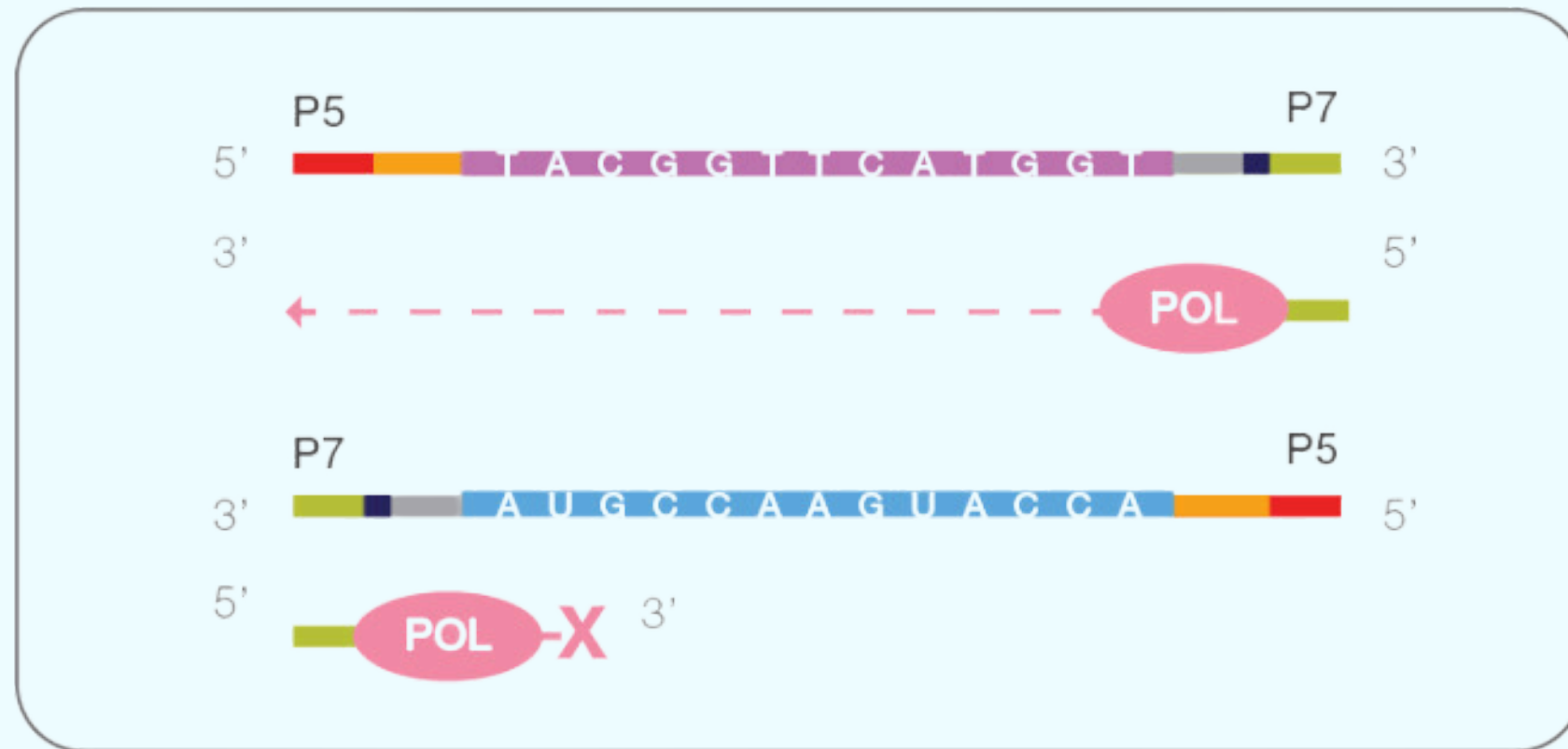


Ligação de adaptadores nas extremidades; Os adaptadores preparam o cDNA para hibridização na flow cell;

Illumina, Inc. (2019). TruSeq Stranded mRNA – Reference Guide

# RNA-SEQ

Figure 6 Enriching DNA Fragments



A segunda fita é extinta durante a amplificação. Os produtos são enriquecidos com PCR e purificados para criar a biblioteca de cDNA final;

Figure 7 LS Final Library



Biblioteca final

# RNA-SEQ: CONTRIBUIÇÕES



Diferenciação das células-tronco embrionárias de camundongos; (Cloonan et al. 2008)



Rastrear mudanças na expressão genética durante o desenvolvimento; (Mortazavi et al., 2008)



Fornecer uma "medição digital" da diferença na expressão genética entre diferentes tecidos; (Mortazavi et al., 2008)

ARTICLE OPEN

Check for updates

Single-cell RNA sequencing reveals cell heterogeneity and transcriptome profile of breast cancer lymph node metastasis

Kun Xu<sup>1,7</sup>, Runtian Wang<sup>1,7</sup>, Hui Xie<sup>2,7</sup>, Longfei Hu<sup>3,7</sup>, Cong Wang<sup>4</sup>, Jiali Xu<sup>1</sup>, Chengjun Zhu<sup>1</sup>, Yiqiu Liu<sup>1</sup>, Fangyan Gao<sup>1</sup>, Xintong Li<sup>1</sup>, Cen Zhu Wang<sup>1</sup>, Jinyi Huang<sup>1</sup>, Wenbin Zhou<sup>2</sup>, Guohua Zhou<sup>5</sup>, Yongqian Shu<sup>1</sup> and Xiaoxiang Guan<sup>1,6</sup>

© The Author(s) 2021

# RNA-SEQ: CONTRIBUIÇÕES



ELSEVIER

Available online at [www.sciencedirect.com](http://www.sciencedirect.com)

**ScienceDirect**

Current Opinion in  
**Insect Science**

## Short term transcriptional responses of P450s to phytochemicals in insects and mites

Marilou Vandenhole, Wannes Dermauw and Thomas Van Leeuwen



Ecological Genetics and Genomics 28 (2023) 100178



ELSEVIER

Contents lists available at [ScienceDirect](http://ScienceDirect)

**Ecological Genetics and Genomics**

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/egg](http://www.elsevier.com/locate/egg)



Unveiling the possible floral visitors and invisible pollination networks from Deep RNA-seq Profile

Bhagya Hathurusinghe<sup>a,b</sup>, D.K.N.G. Pushpakumara<sup>c</sup>, Pradeepa C.G. Bandaranayake<sup>a,\*</sup>



## TERCEIRA GERAÇÃO

- PacBio e o Nanopore permitem o sequenciamento de transcritos inteiros em uma única leitura (Long reads);
  - Vantajoso para resolver transcritos complexos, como isoformas de splicing alternativo e genes que são altamente repetitivos;
- 
- PacBio IsoSeq: leituras de alta precisão e baixa taxa de erros ;
  - Captura de transcritos inteiros de uma célula;
  - Cada molécula de cDNA é circularizada e sequenciada várias vezes para formar leituras CCS;
  - Estudos de expressão diferencial e análise funcional.



## PACBIO: CARACTERIZAÇÃO DE TRANSCRIPTOMAS DE CÂNCER

Wijeratne et al. *BMC Genomics* (2024) 25:122  
<https://doi.org/10.1186/s12864-024-10021-x>

BMC Genomics

RESEARCH

Open Access

### Full-length isoform concatenation sequencing to resolve cancer transcriptome complexity



Saranga Wijeratne<sup>1†</sup>, Maria E. Hernandez Gonzalez<sup>1†</sup>, Kelli Roach<sup>1</sup>, Katherine E. Miller<sup>1,2</sup>, Kathleen M. Schieffer<sup>1,2,3</sup>, James R. Fitch<sup>1</sup>, Jeffrey Leonard<sup>4,5</sup>, Peter White<sup>1,2</sup>, Benjamin J. Ke Catherine E. Cottrell<sup>1,2,3</sup>, Elaine R. Mardis<sup>1,2,5</sup>, Richard K. Wilson<sup>1,2</sup> and Anthony R. Miller<sup>1\*</sup>

Huang et al. *Genome Biology* (2021) 22:44  
<https://doi.org/10.1186/s13059-021-02261-x>

Genome Biology

RESEARCH

Open Access

### Long-read transcriptome sequencing reveals abundant promoter diversity in distinct molecular subtypes of gastric cancer

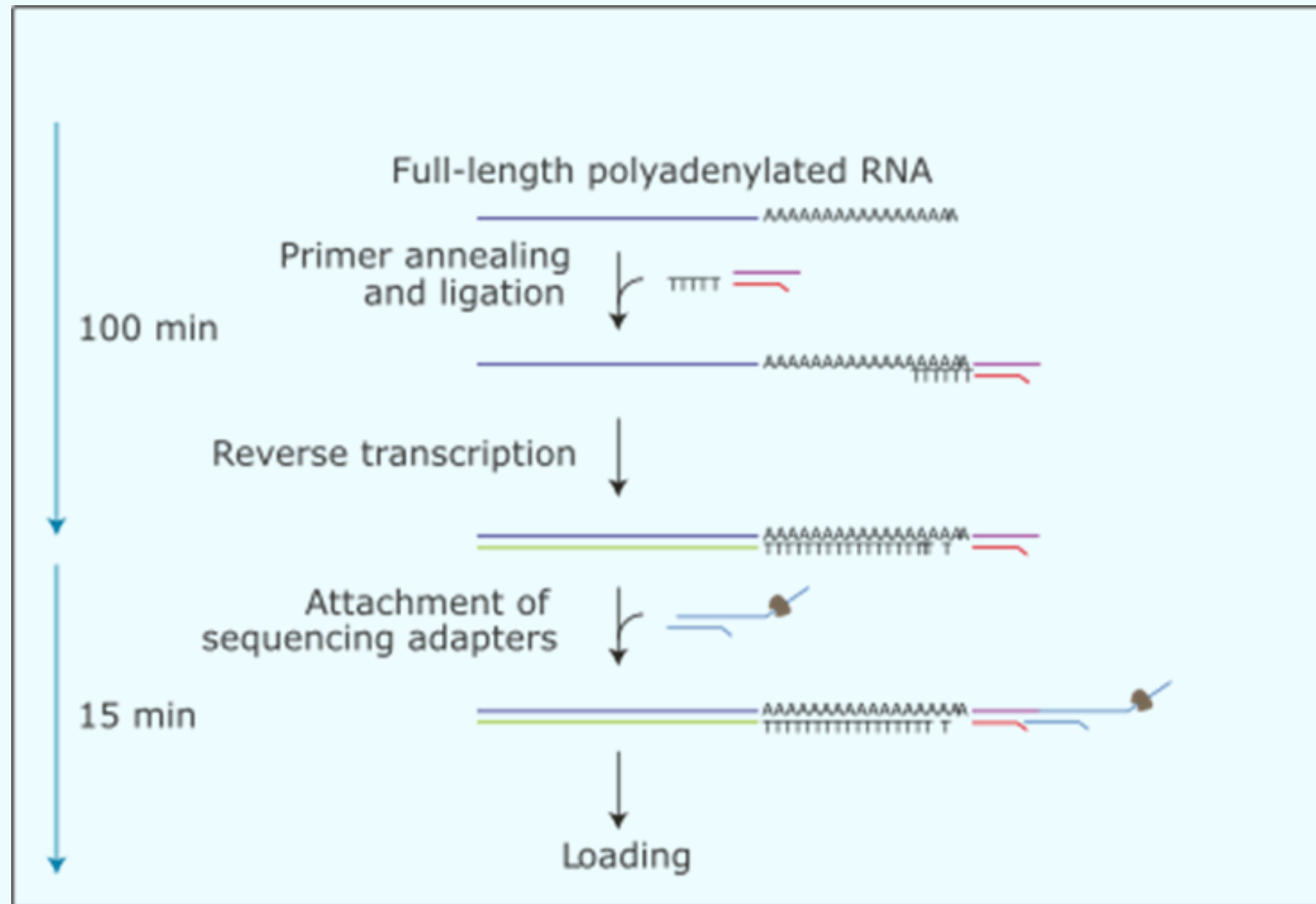


Kie Kyon Huang<sup>1</sup>, Jiawen Huang<sup>1</sup>, Jeanie Kar Leng Wu<sup>1</sup>, Minghui Lee<sup>1</sup>, Su Ting Tay<sup>1</sup>, Vikrant Kumar<sup>1</sup>, Kalpana Ramnarayanan<sup>1</sup>, Nisha Padmanabhan<sup>1</sup>, Chang Xu<sup>1</sup>, Angie Lay Keng Tan<sup>1</sup>, Charlene Chan<sup>2</sup>, Dennis Kappei<sup>2,3</sup>, Jonathan Göke<sup>4</sup> and Patrick Tan<sup>1,2,4,5\*</sup>

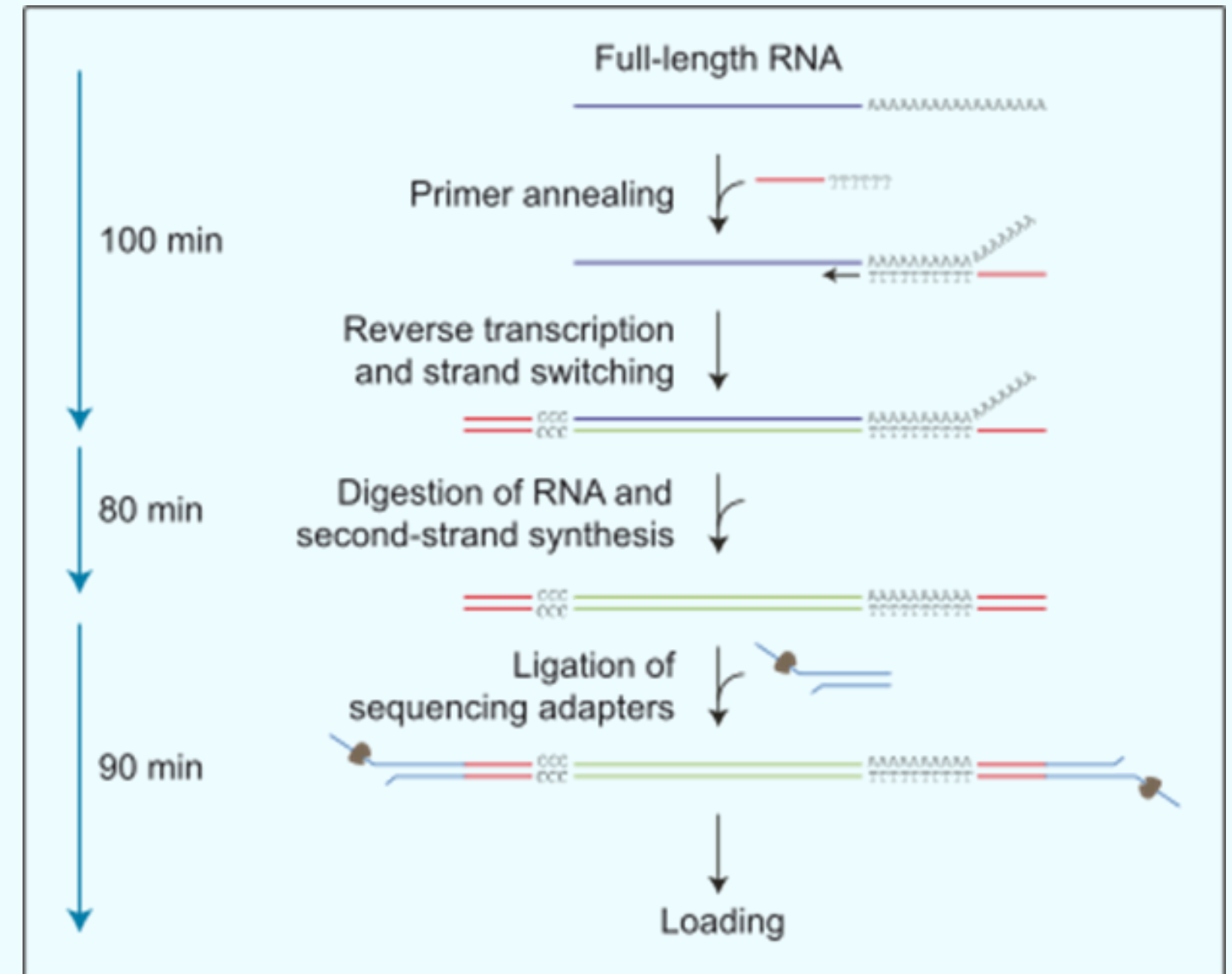
# NANOPORE

## ACESSO AO TRANSCRIPTOMA

### Sequenciamento de RNA Direto

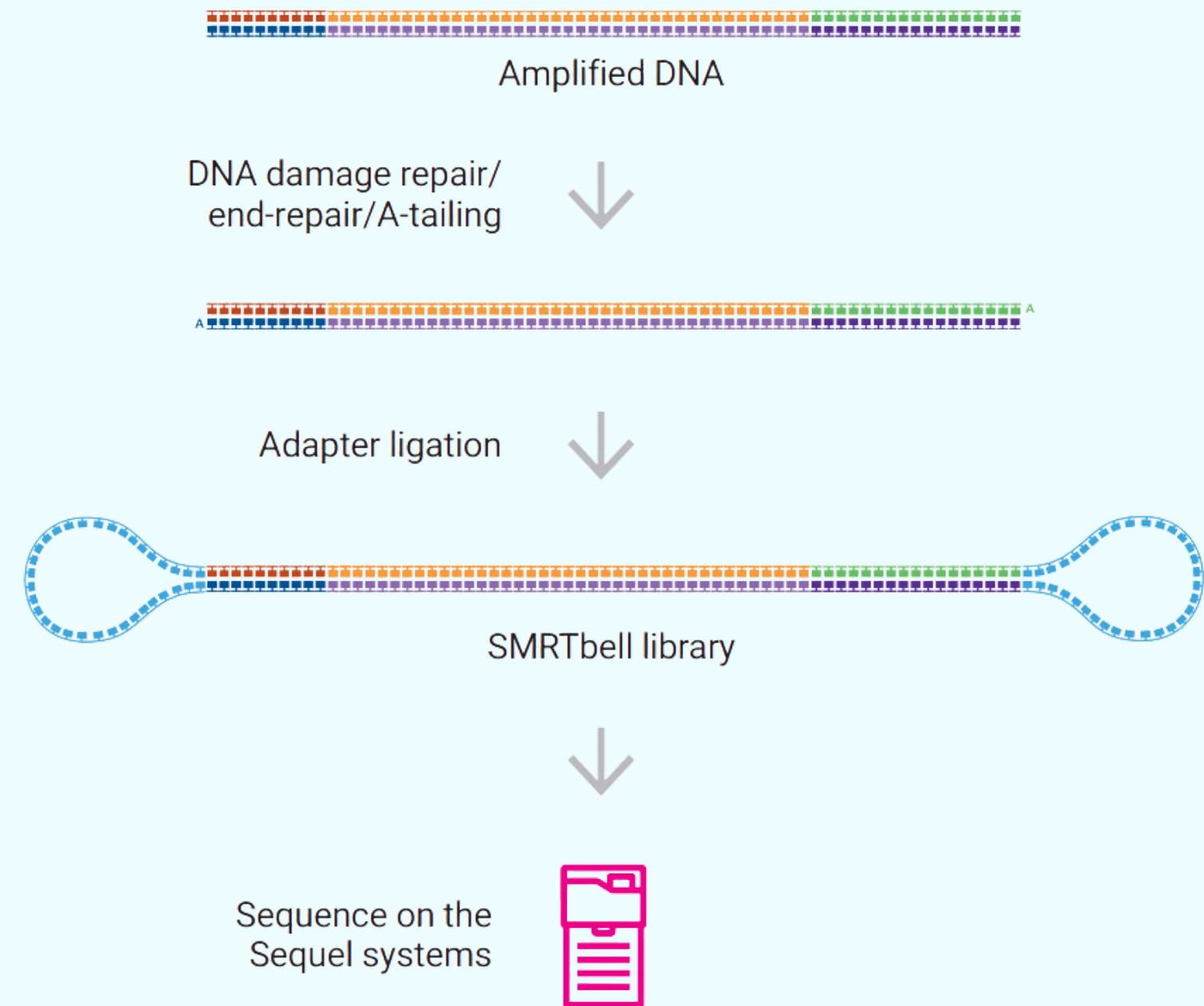
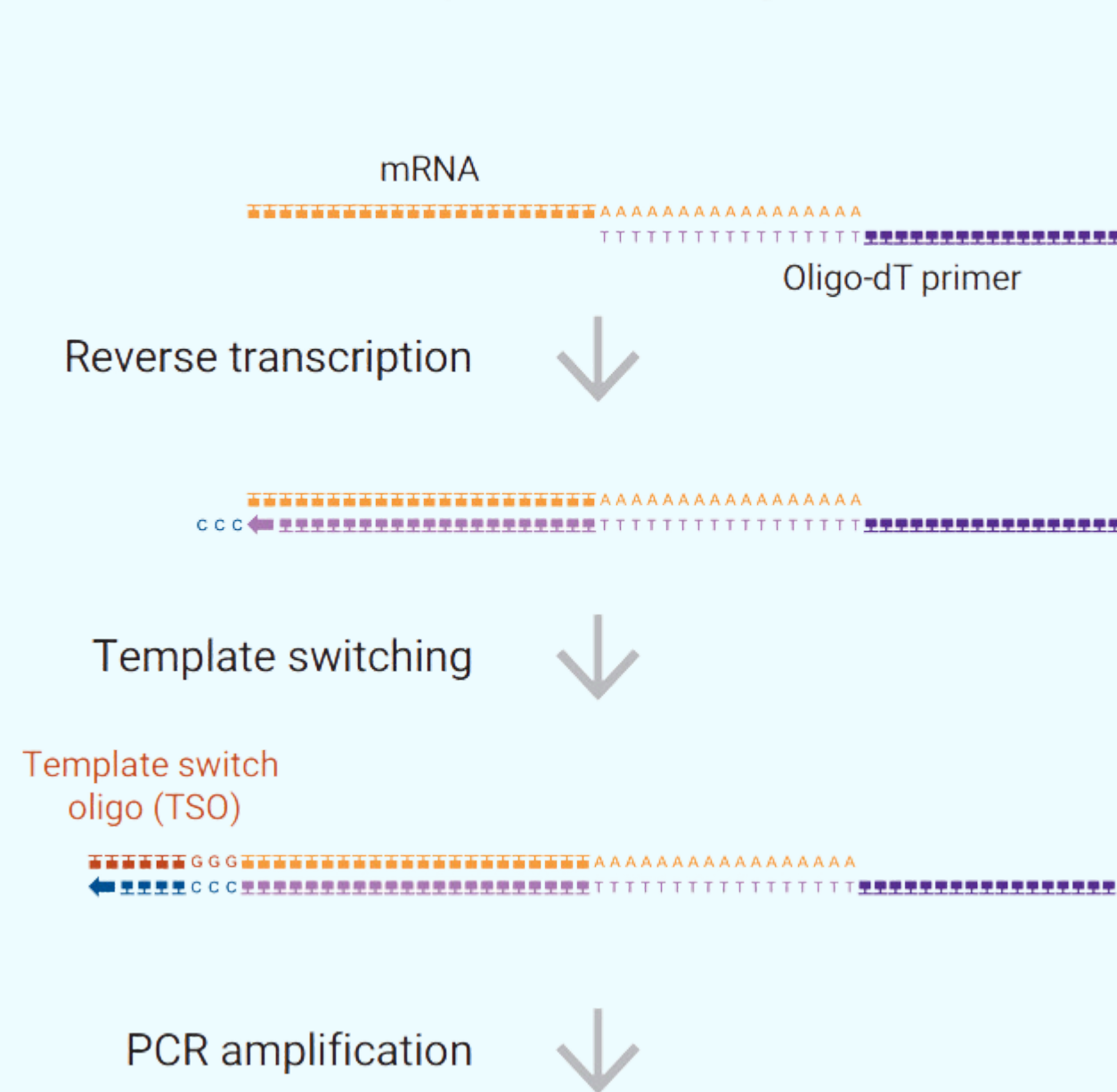


### Sequenciamento de cDNA



## ACESSO AO TRANSCRIPTOMA

### From RNA to full-length transcripts



# MONTAGEM E ANOTAÇÃO FUNCIONAL

Duas possibilidades de montagem:

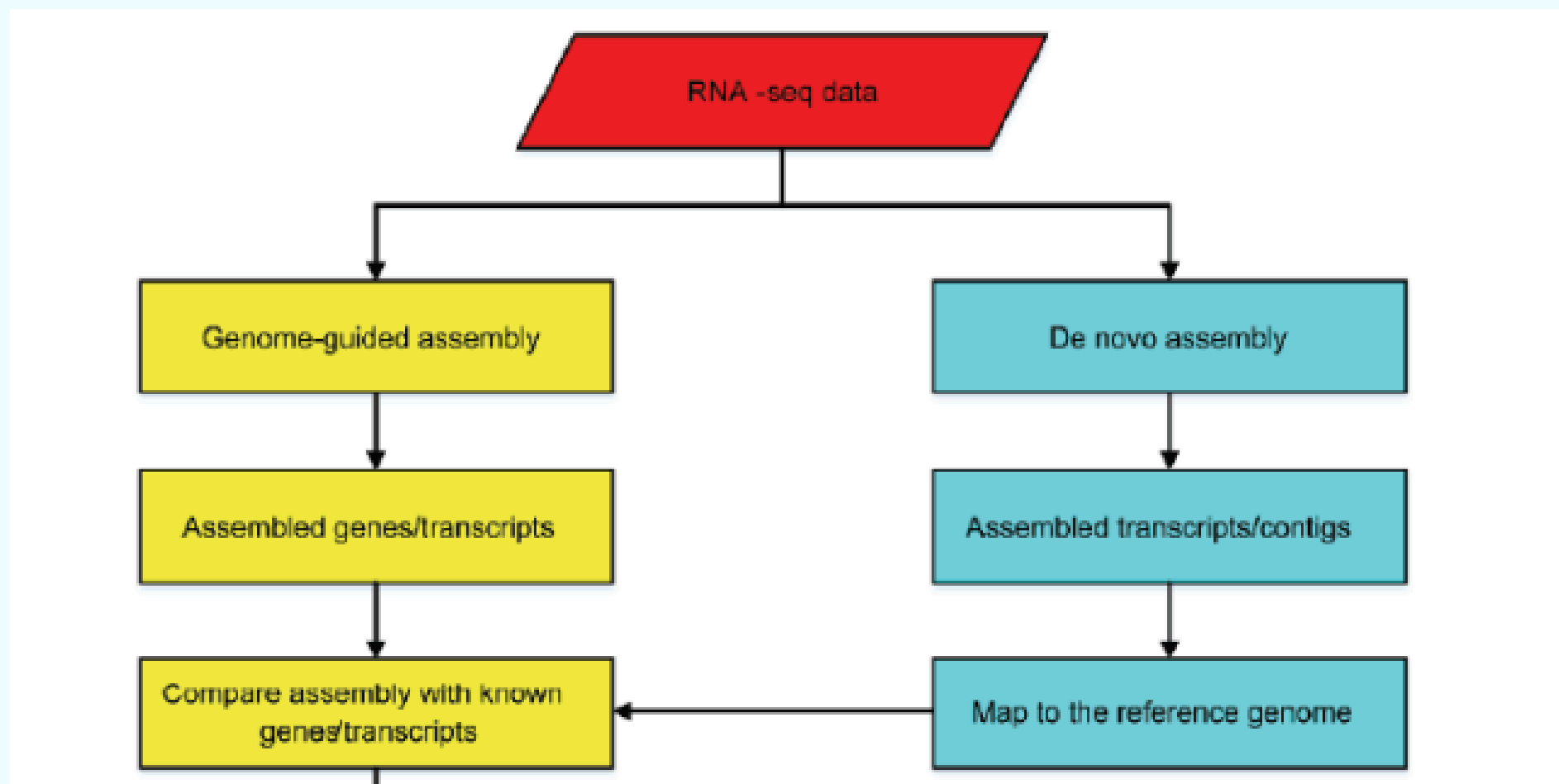
## GUIADA POR UM GENOMA DE REFERÊNCIA

Dependente de um bom genoma de referência

Exige menos capacidade computacional  
Tem uma maior precisão

## DE NOVO

Independente de genomas de referência  
Exige maior capacidade computacional  
(mais demorado e mais custoso)  
Menor precisão e dificuldade com genes repetitivos



# MONTAGEM E ANOTAÇÃO FUNCIONAL

Depois é necessário separar quais genes não estão anotados em bancos de dados e separar transcritos protein-coding dos noncoding utilizando o CPAT

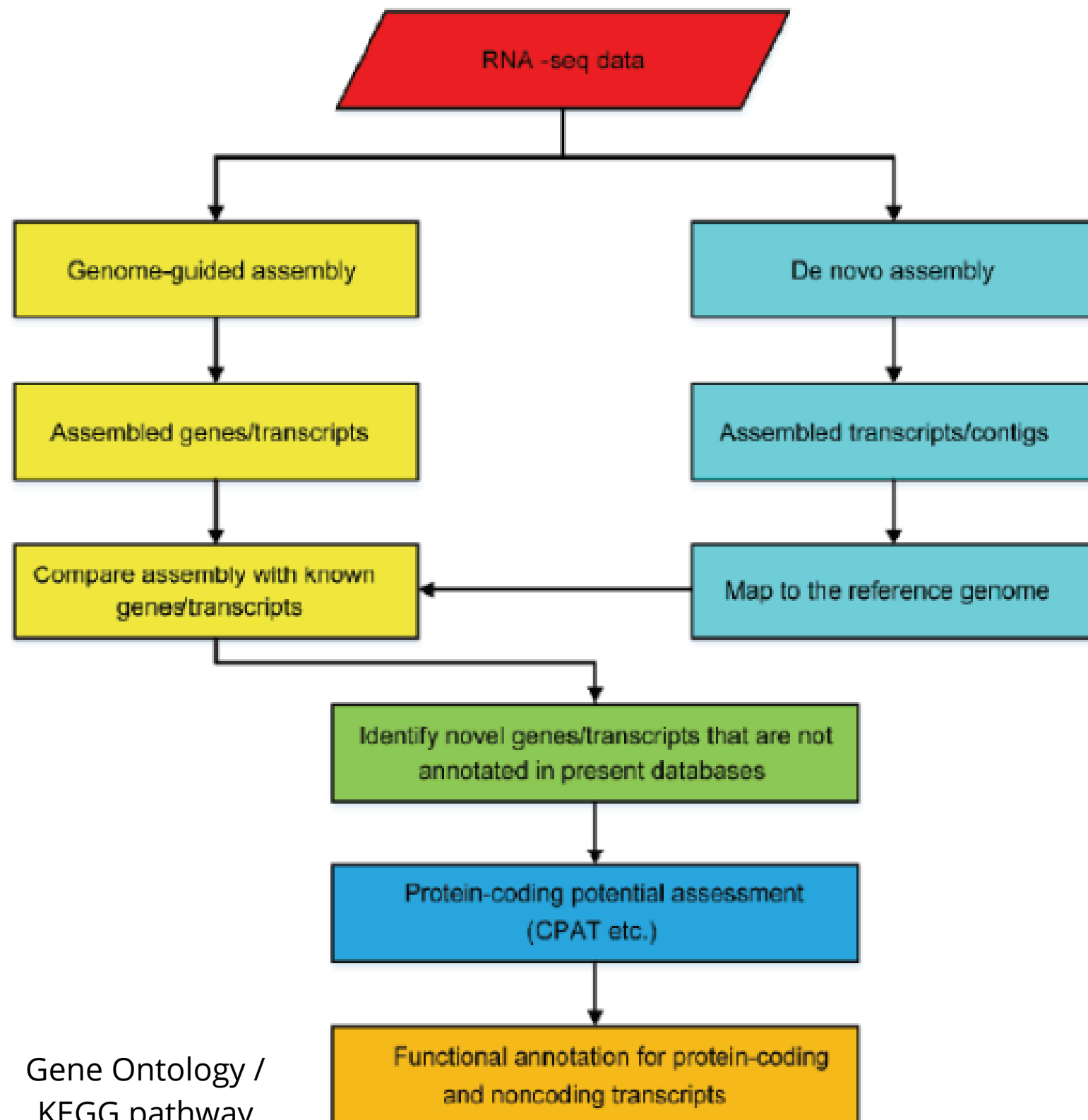
**CPAT: Coding-Potential Assessment Tool using an alignment-free logistic regression model**

[Liguo Wang](#)<sup>1,2,3</sup>, [Hyun Jung Park](#)<sup>2,3</sup>, [Surendra Dasari](#)<sup>1</sup>, [Shengqin Wang](#)<sup>4</sup>, [Jean-Pierre Kocher](#)<sup>1,\*</sup>, [Wei Li](#)<sup>2,3,\*</sup>

► Author information ► Article notes ► Copyright and License information

PMCID: PMC3616698 PMID: [23335781](#)

CPAT separa sequências codificantes de não codificantes analisando padrões de sequências e nucleotídeos que são comuns em transcritos codificantes



Gene Ontology /  
KEGG pathway  
(Blast2GO)

Chen et al. (2017)

# PAN-TRANSCRIPTOMA

1. Conceitos

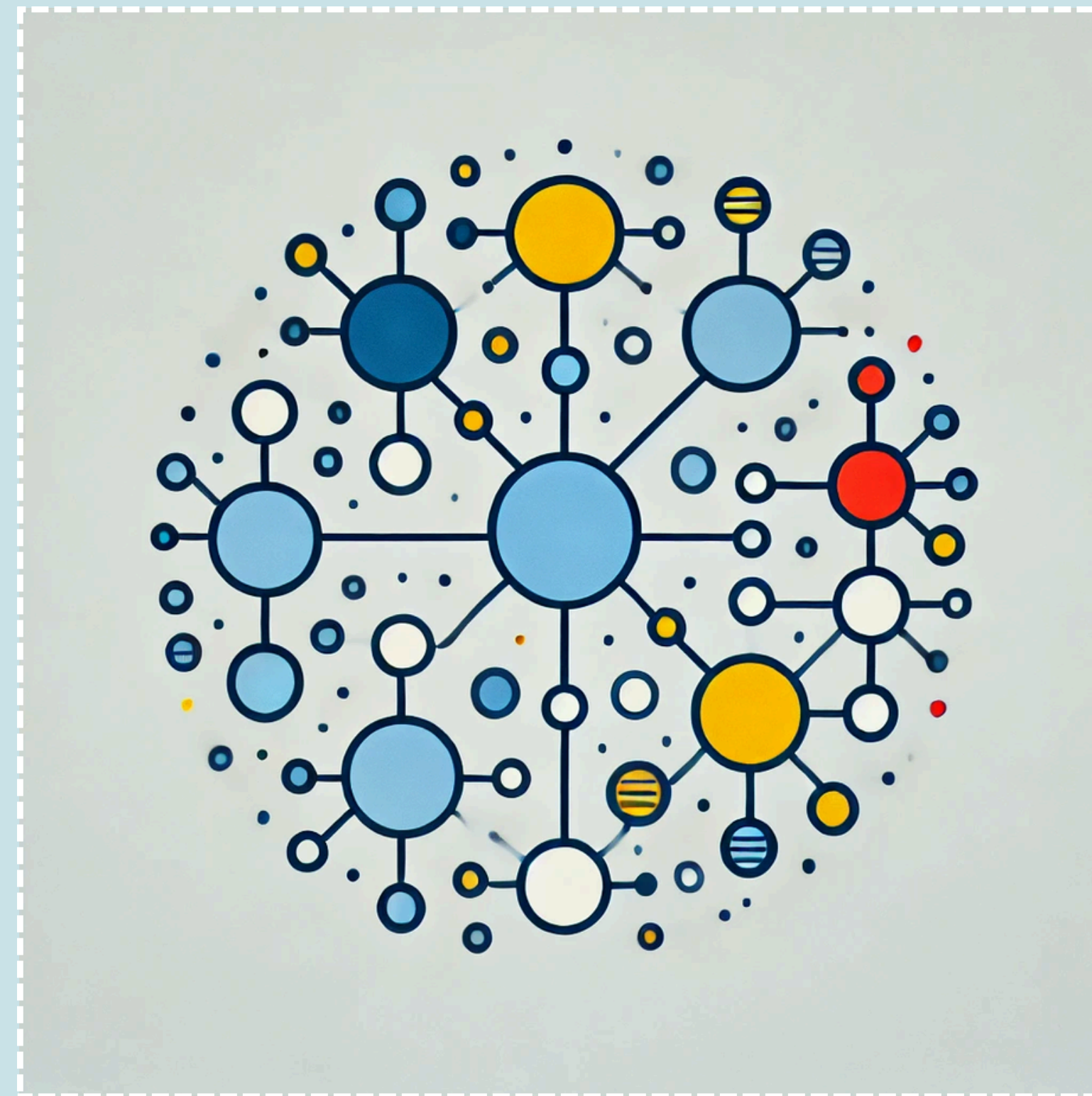
2. Construção

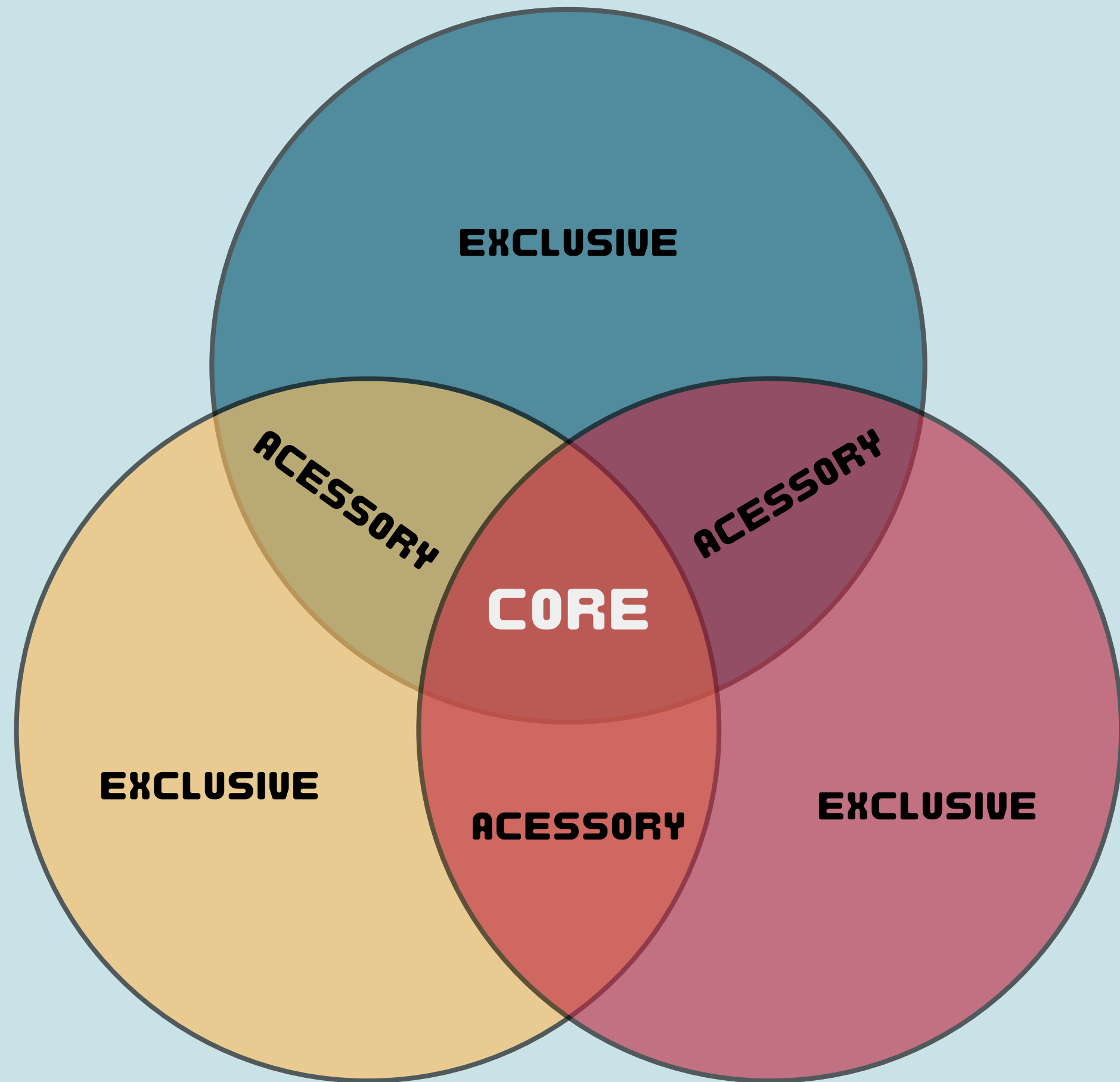
3. Aplicações

# 1. CONCEITOS

## DEFINIÇÃO

- Nível mais abrangente de análise
- Permite realizar comparações
- Um indivíduo pode não representar um grupo inteiro de organismos
- Expressão diferencial





- Centrais
- Acessórios
- Exclusivos



# 2. FERRAMENTAS

## PROCARIOTOS

- WoPPER
- JCoast
- EDGAR
- Trimmomatic
- Roary

## EUCARIOTOS

- AGAPE
- SHOE
- TaxMapper

**Table 18.1** Prokaryotic data analysis softwares

Software name	Prokaryotes/ eukaryotes	Data analysis type	Limitations	References
WoPPER	Prokaryotes	Microarray	Yet, this kind of examination is prescribed just for genomes having in excess of 2000 genes, as on littler genomes the smoothing and stage ventures of WoPPER would be found on couple of information focuses, along these lines yielding noisy measurements.	[24]
JCoast	Prokaryotes	RNA sequencing	The GenDB framework underpins the investigation of eukaryotic information too, yet taking care of the extra data for such undertakings is not executed in JCoast right now.	[25]
EDGAR	Prokaryotes	RNA sequencing	Sometimes, score ratio values (SRV) dispersion does not demonstrate the normal bimodal shape. This is for the most part the case if there is a high variety inside the genomes of a class.	[26]
Trimmomatic	Prokaryotes	RNA sequencing	It is not easy to run lots of commands in a row or to run the same command again.	[27]
Roary	Prokaryotes	RNA sequencing	Laborious to use.	[28]


**Table 18.2** Eukaryotic data analysis softwares

Software name	Prokaryotes/ eukaryotes	Data analysis	Limitations	References
AGAPE	Eukaryotes	RNA sequencing	AGAPE should be adjusted to consider complex gene models and increasingly advanced assembly strategies to explore genomes wealthy in redundant sequences.	[29]
SHOE	Eukaryotes	Microarray	The current investigative requests require in excess of a basic yield of putative transcription factor binding sites.	[30]
TaxMapper	Eukaryotes	RNA sequencing	Tool was not planned for metagenome investigations. It is relied upon to execute well on protein-coding locales, yet because of the protein reference sequences, the ordered and functional task will come up short for noncoding and intronic regions.	[31]

# 3. APLICAÇÕES

Article | [Open access](#) | Published: 22 May 2024

## Pan-transcriptome reveals a large accessory genome contribution to gene expression variation in yeast

[Élodie Caudal](#), [Victor Loegler](#), [Fabien Dutreux](#), [Nikolaos Vakirlis](#), [Élie Teyssonnière](#), [Claudia Caradec](#), [Anne Friedrich](#), [Jing Hou](#)  & [Joseph Schacherer](#) 

*Nature Genetics* **56**, 1278–1287 (2024) | [Cite this article](#)

**10k** Accesses | **3** Citations | **37** Altmetric | [Metrics](#)

JOURNAL ARTICLE

## Pan-transcriptomic analysis reveals alternative splicing control of cold tolerance in rice [Get access >](#)

[Yuanyuan Zhong](#), [Yuhong Luo](#), [Jinliang Sun](#), [Xuemei Qin](#), [Ping Gan](#), [Zuwen Zhou](#), [Yongqing Qian](#), [Rupeng Zhao](#), [Zhiyuan Zhao](#), [Wenguo Cai](#) ... [Show more](#)

*The Plant Cell*, Volume 36, Issue 6, June 2024, Pages 2117–2139,

<https://doi.org/10.1093/plcell/koae039>

**Published:** 12 February 2024 **Article history** ▼

# REDES DE CO-EXPRESSION

1. Conceitos

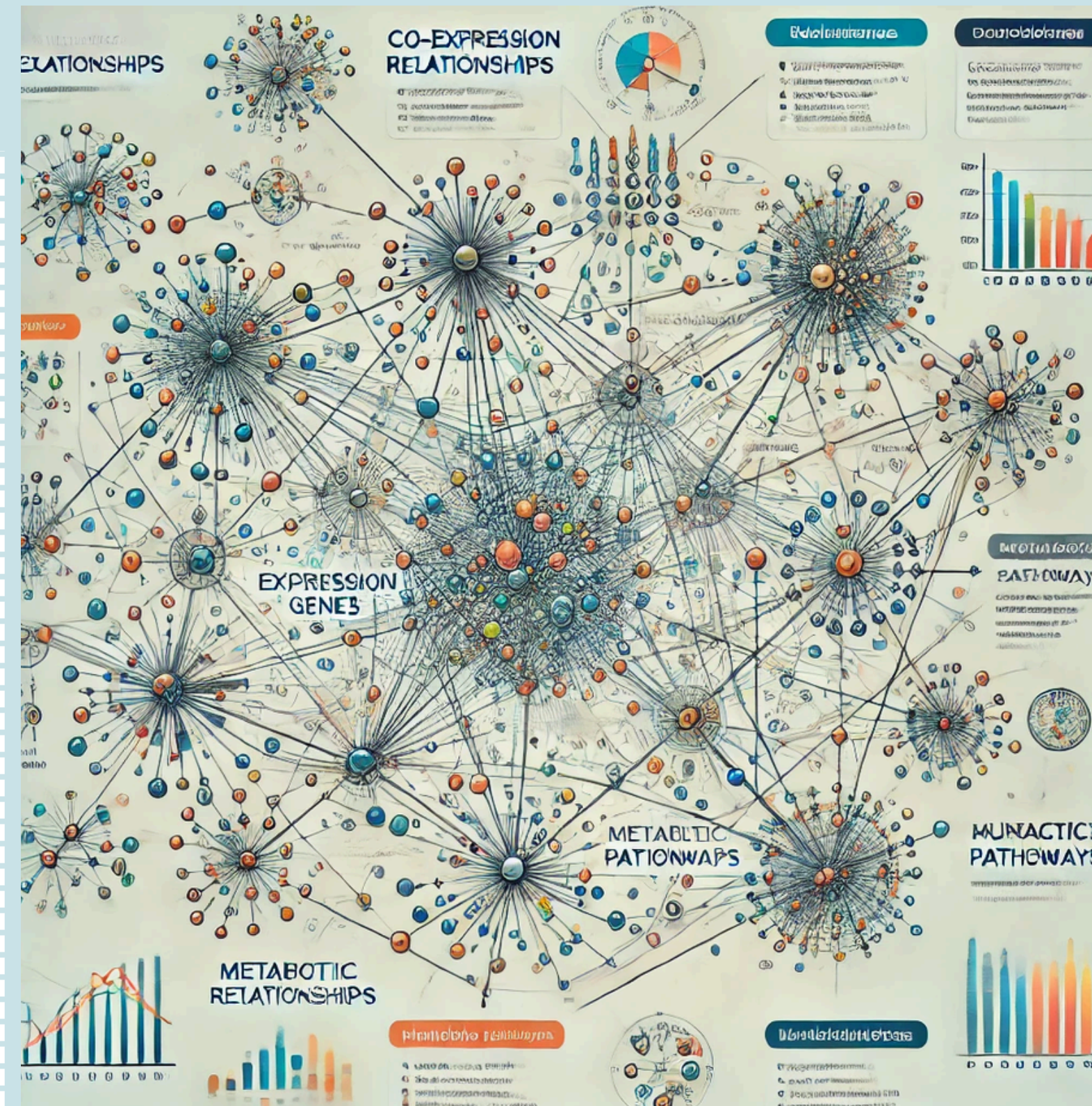
2. Construção

3. Aplicações

# 1. CONCEITOS

## DEFINIÇÃO

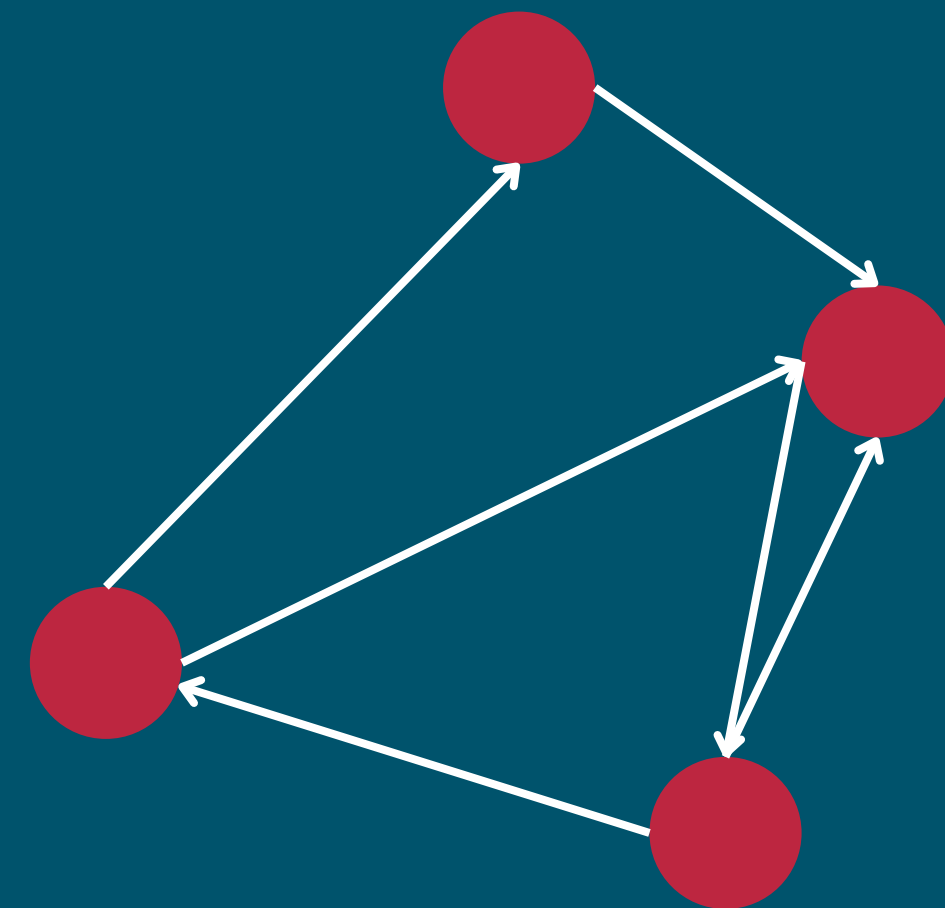
- Dados de transcriptômica em larga escala.
- Representam relações entre genes com base em seus padrões de expressão ao longo de diferentes condições, tecidos ou tipos celulares.
- É definido um score para representar a semelhança no padrão de expressão.
- Reflete genes agrupados de acordo com a coordenação transcricional compartilhada



# 1. CONCEITOS

## DEFINIÇÃO

- Dados de transcriptômica em larga escala.
- Representam relações entre genes com base em seus padrões de expressão ao longo de diferentes condições, tecidos ou tipos celulares.
- É definido um score para representar a semelhança no padrão de expressão.
- Reflete genes agrupados de acordo com a coordenação transcricional compartilhada



Grafo com nós e arestas

# GUILT BY ASSOCIATION

## “Culpabilidade” por Associação

O comportamento semelhante no perfil de expressão pode não ser causada por coincidências, sugerindo uma ligação funcional biológica entre os genes.

- Identificação de relações regulatórias
- Previsão de genes estruturais para vias metabólicas; e
- Transferência de anotação funcional por análise comparativa entre espécies

# 2. CONSTRUÇÃO

Podemos recuperar informações de bancos de dados com coeficientes de correlação precalculados, mas, quando é preciso elaborar suas próprias estratégias para gerar uma rede de co-expressão promissora e abordar uma questão biológica específica, precisamos escolher uma abordagem.



**NÃO USE A MESMA CHAVE PARA TODAS AS FECHADURAS**



# NÃO USE A MESMA CHAVE PARA TODAS AS FECHADURAS

## ABORDAGEM DIRECIONADA

- Um conjunto de genes é selecionado como genes-alvo (literatura).
- Construída sobre genes expressos correlacionados aos genes-alvo.
- Buscar novos membros de vias específicas e para identificar reguladores transcricionais.

## ABORDAGEM SEM DIREÇÃO

- Nenhum gene-alvo é selecionado preferencialmente.
- A rede é gerada com base nas relações de co-expressão entre todos os pares de genes em um conjunto de amostras.
- Base na estrutura topológica da rede através de algoritmos computacionais

BUSCA MAIS  
CONCENTRADA

CENÁRIO GLOBAL DE  
GENES CO-EXPRESSOS

## ABORDAGEM DIRECIONADA

- Um conjunto de genes é selecionado como genes-alvo (literatura).

**REQUER CONHECIMENTO PRÉVIO**

- Buscar novos membros de vias específicas e para identificar reguladores transcricionais.

## ABORDAGEM SEM DIREÇÃO

- Nenhum gene-alvo é selecionado preferencialmente.

- A rede é gerada com base nas

**COMPUTACIONALMENTE INTENSO**

conjunto de amostras.

- Base na estrutura topológica da rede através de algoritmos computacionais.

# ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO DE DADOS TRANSCRIPTÔMICOS

## Independente X Dependente



A abordagem 'independente de condições' fornece uma visão mais robusta, mas pode negligenciar genes que são fortemente co-expressos sob condições específicas.

A abordagem 'dependente de condições' é mais informativa e captura genes que são co-expressos sob certas condições, mas sua eficácia depende da seleção de condições experimentais adequadas.

# ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO DE DADOS TRANSCRIPTÔMICOS

**MAS COMO ESCOLHER?**

# ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO DE DADOS TRANSCRIPTÔMICOS

**MAS COMO ESCOLHER?**

**SEMPRE COLOCAR A QUESTÃO BIOLÓGICA EM  
PRIMEIRO LUGAR**

# SELEÇÃO DE MÉTODOS ESTATÍSTICOS

O PASSO CENTRAL DA ANÁLISE DE CO-EXPRESSÃO É CALCULAR O SCORE DE SIMILARIDADE

Conjuntos de dados disponíveis

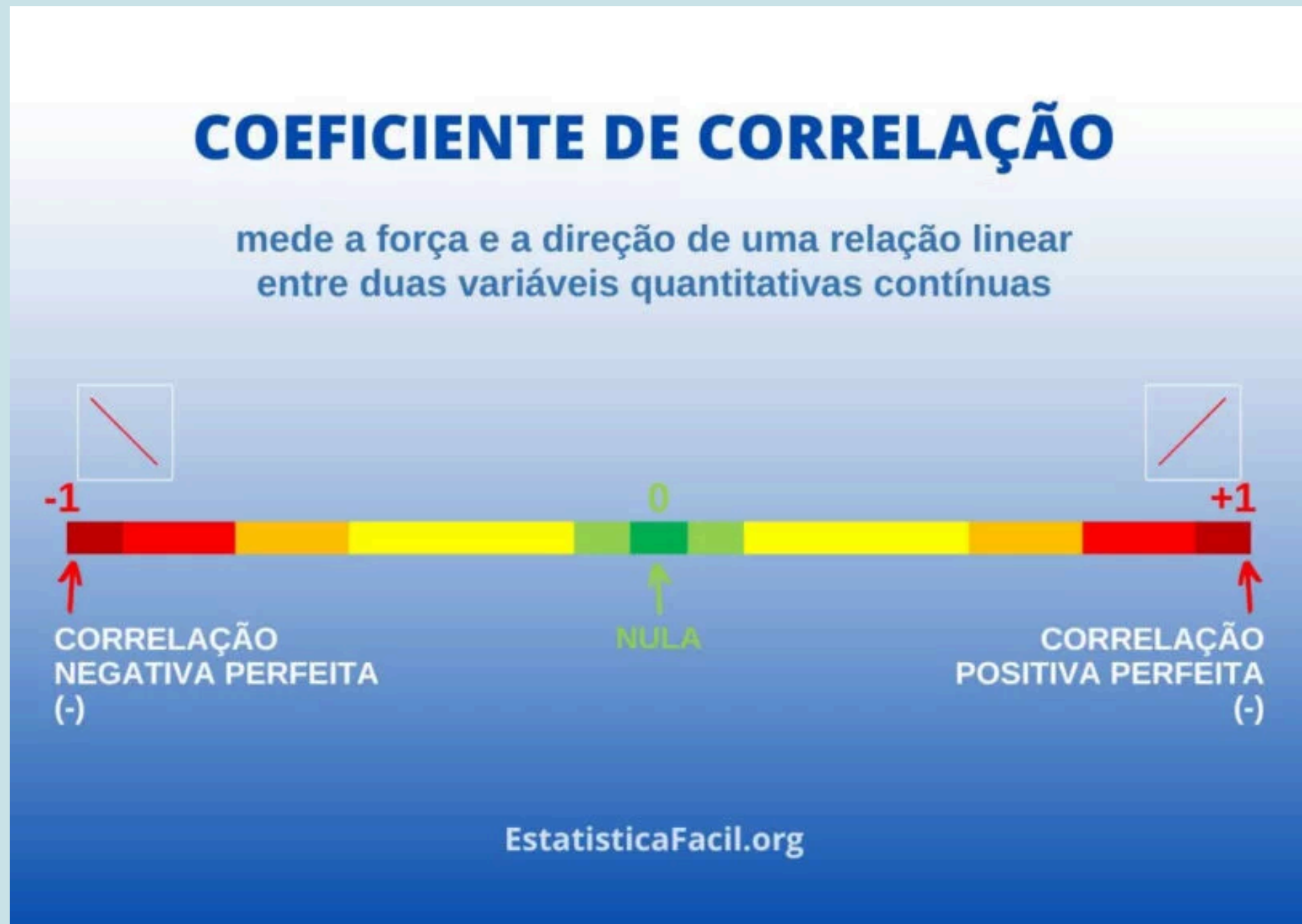


Número de genes

Questão biológica

Tamanho da amostra

## COEFICIENTE DE CORRELAÇÃO DE PEARSON



- Até que ponto as variações em uma variável estão associadas às variações em outra.
- Pode ser positiva, negativa ou inexistente.
- Sensível a valores atípicos (pode resultar em correlações falsas)

## COEFICIENTE DE CORRELAÇÃO DE SPEARMAN

- Até que ponto as variações em uma variável estão associadas às variações em outra.
- Pode ser positiva, negativa ou inexistente.
- Relação entre variáveis ordinais ou não normalmente distribuídas.
- Transforma os valores de expressão em ordens de classificação



## ALGORITMO DE BICLUSTERING QUALITATIVO

- Biclustering eficiente e eficaz.
- Pode ser realizado sem informações prévias, mas requer um grande número de conjuntos de amostras



Species

Tools ▾

Search ▾

Search



Help ▾

Not logged in!

Home



**CoNekT Grasses** is a platform derived from **CoNekT** dedicated to the visualization and analysis of co-expression and co-function networks of grasses.

New ? Check out our CoNekT's features here !



Search

Search



Quickly retrieve genes

Use our [Search](#) function or [BLAST](#) to quickly find genes of interest.



CoNekT Grasses

# Learning from Co-expression Networks: Possibilities and Challenges



Elise A. R. Serin<sup>1</sup>



Harm Nijveen<sup>1,2</sup>



Henk W. M. Hilhorst<sup>1</sup>



Wilco Ligterink<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Wageningen Seed Lab, Laboratory of Plant Physiology, Wageningen University, Wageningen, Netherlands

<sup>2</sup> Laboratory of Bioinformatics, Wageningen University, Wageningen, Netherlands

“Essa abordagem contribuirá ainda mais para a elucidação de importantes processos biológicos e fornecerá uma ferramenta preditiva valiosa para estratégias contemporâneas de melhoramento molecular e engenharia de culturas.”

< BIOINFORMATICS AND GENOMICS

# Analysis of drought and heat stress response genes in rice using co-expression network and differentially expressed gene analyses

Research Article

Bioinformatics

Plant Science

Gaohui Cao\*<sup>1</sup>, Hao Huang\*<sup>1</sup>, Yuejiao Yang<sup>1</sup>, Bin Xie<sup>2</sup>, Lulu Tang<sup>1</sup>✉

Published April 30, 2024

SPRINGER NATURE Link

Find a journal

Publish with us

Track your research

Search

Home > Plant Molecular Biology > Article

## Coexpression network analysis associated with call of rice seedlings for encountering heat stress

Published: 24 August 2013

Volume 84, pages 125–143, (2014) [Cite this article](#)

Download PDF ↓

✓ Access provided by Universidade de São Paulo

Neelam K. Sarkar, Yeon-Ki Kim & Anil Grover ✉

# DESAFIOS E PERSPECTIVAS

1. Anotação Funcional

2. Expressão diferencial

3. Candidatos

# 1. DESAFIOS

## ANOTAÇÃO FUNCIONAL

- Muito dos RNAs não-codificantes ainda não tem funções esclarecidas
- Quando não codifica proteína: como saber se é funcional?
- Genoma humano tem mais de 90% de RNAs não-codificantes, muitos dos quais ainda não foi possível esclarecer se são funcionais biologicamente e qual sua função (dificuldade de entender mecanismos regulatórios).

## Functional transcriptomics in the post-ENCODE era

Jonathan M. Mudge,<sup>1</sup> Adam Frankish, and Jennifer Harrow

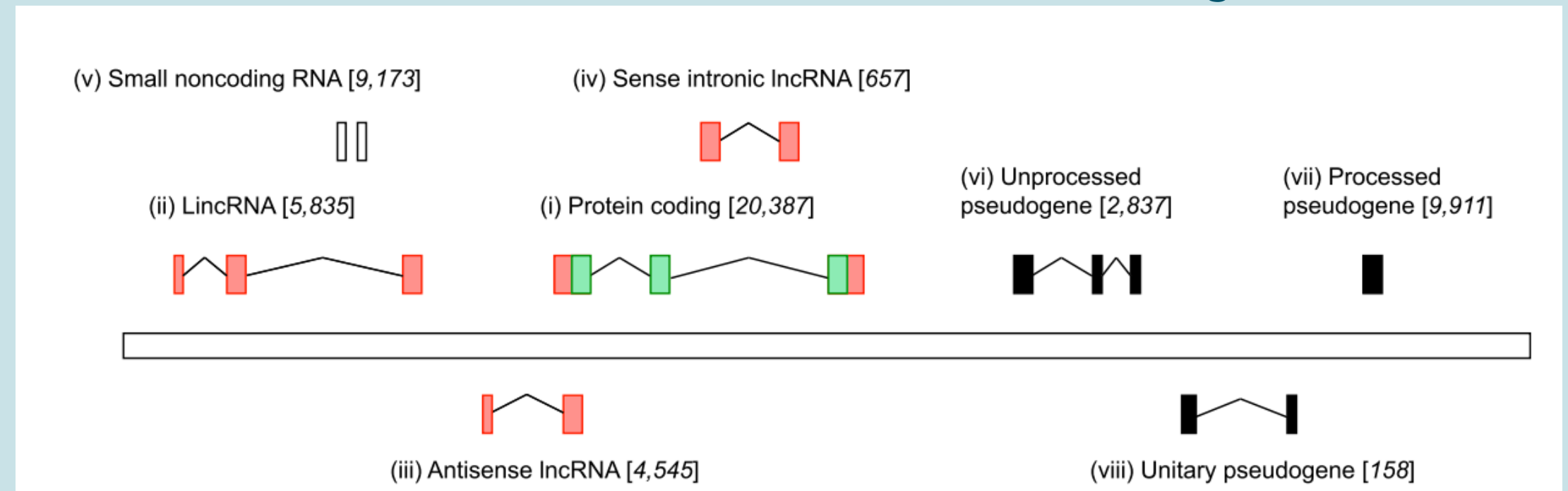
*Department of Informatics, Wellcome Trust Sanger Institute, Hinxton CB10 1SA, United Kingdom*

# 1. DESAFIOS

## ANOTAÇÃO FUNCIONAL

Mudge et al. (2013)

Diferentes tipos de RNA  
no transcriptoma  
humano  
Muitos são lncRNAs



Many lncRNAs, 5'UTRs, and pseudogenes are translated and some are likely to express functional proteins

Zhe Ji, Ruisheng Song, Aviv Regev, Kevin Struhl 

Harvard Medical School, United States; Broad Institute of MIT and Harvard, United States; Howard Hughes Medical Institute, Massachusetts Institute of Technology, United States

# 2. PERSPECTIVAS


## EXPRESSÃO DIFERENCIAL E CANDIDATOS A EDIÇÃO GÊNICA

Home > Planta > Article

### Comparative transcriptomic analysis unveils candidate genes associated with sugarcane growth rate

Original Article | Published: 29 October 2024  
Volume 260, article number 128, (2024) [Cite this article](#)

[Download PDF](#) ↓ Access provided by Universidade de São Paulo



**Planta**  
An International Journal of Plant Biology

[Aims and scope](#) →  
[Submit manuscript](#) →

[Use our pre-submission checklist](#) →  
Avoid common mistakes on your manuscript.

[Yegeng Fan](#), [Huiwen Zhou](#), [Haifeng Yan](#), [Aomei Li](#), [Lihang Qiu](#), [Zhongfeng Zhou](#), [Yuchi Deng](#), [Rongfa Chen](#) ✉ & [Jianming Wu](#) ✉

63 Accesses [Explore all metrics](#) →

JOURNAL ARTICLE

### Transcriptional survey of abiotic stress response in maize (*Zea mays*) in the level of gene co-expression network and differential gene correlation analysis

[Leyla Nazari](#), [Zahra Zinati](#) ✉

*AoB PLANTS*, Volume 16, Issue 1, January 2024, plad087,  
<https://doi.org/10.1093/aobpla/plad087>

**Published:** 22 December 2023 [Article history](#) ▾



**OBRIGADO!**

