Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática

**Proyecto Colaborativo de Desarrollo de Software**

# Nombre del proyecto:
Nina Valley Scan

# Responsable principal:
Dra. Alejandra Medina-Rivera

# Breve planteamiento del problema:
Se desarrolló un nuevo método de predición de sitios de pegado de factores transcripcionales (TFBS) que pueda utilizar datos de ChIP-Seq actuales.

Este script está basado en trabajo anterior de Stephen A. Ramsey, el cual se tradujo de Matlab a C++ y R, con el propósito de crear una herramienta basada en tecnología de código abierto.

El método busca identificar fenotipos de valle en datos obtenidos por secuenciación y alineación. El input de datos son los picos obtenidos por *bedtools coverage* en cada base par en formato BED.

El input tiene el formato [Chr] [PeakStart] [PeakEnd] [index] [signal], donde index tiene base 1 y marca cada base par desde el inicio del pico hasta el final (e.g.: **chr12 67720 67925 1 1.5**)

El script correrá un filtro de señal, convolución y analizará el fenotipo de la señal para obtener una “calidad de valle” en forma de número decimal.

# Objetivo del proyecto:

Obtener el valor de valles en 5 diferentes rangos de bases par (e.g.: 40, 80, 120, 150, 200), los cuales deben ser agrupados en dos reportes (rangos grandes, rangos chicos) en formato BED y compatibles con genome browser, que muestren la región por cromosoma de dichos valles.

Las regiones del chromosoma que presenten una “calidad de valle” alta deberían correlacionarse con sitios de pegado de factores transcripcionales (TFBS).

# Datos con los que se cuenta:

**Metodología (v.g. RNA-seq):**
ChIP-Seq
**Plataforma (v.g. Illumina):**
Illumina Genome Analyzer IIx,  Illumina Genome Analyzer II
**Condiciones experimentales (v.g. tejido enfermo, tejido sano):**
H3K27ac ChIP-seq on human endothelial cell of umbilical vein
**Réplicas (v.g. 3 réplicas por condición):**
2 réplicas
**Controles:**
Control ChIP-seq on human endothelial cell of umbilical vein

**Información extra sobre los sets de datos**:
Los siguientes datos de ENCODE se emplean actualmente para pruebas del script:
*Replica*: https://www.encodeproject.org/experiments/ENCSR000ALB/
*Control*: https://www.encodeproject.org/experiments/ENCSR000ALG/

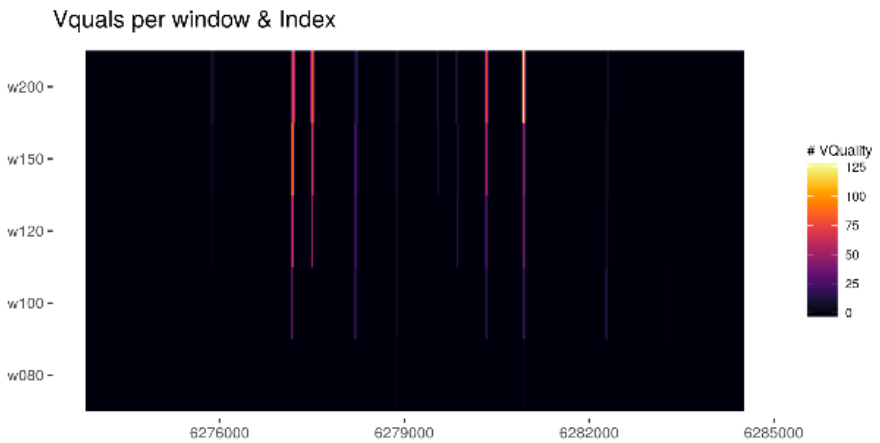
*Tomar un subset de estos datos*, un bloque de *varios picos del Cromosoma 12*, realizando las pruebas en mucho menor tiempo.

**Resultado ideal que debe generar el software:**
(v.g. una gráfica comparando tales variables, un archivo con tales columnas)

- Dos archivos de reporte según el rango usado en el análisis (Small, Big) con las columnas: [*chrom, chromStart, chromEnd, Vlog, Vqual*]

| chrom | chromStart | chromEnd | Vlog | Vqual |
|---|---|---|---|---|
| chr12 | 6274028 | 6274055 | 0 | 1 |
| chr12 | 6274427 | 6274536 | 0.035848 | 4.998394 |
| chr12 | 6275013 | 6275156 | 0.050023 | 4.767338 |
| chr12 | 6275828 | 6275936 | 2.082783 | 38.841927 |
| chr12 | 6277113 | 6277250 | 26.141425 | 140.554396 |
| chr12 | 6277454 | 6277558 | 24.240254 | 132.43 |
| chr12 | 6278155 | 6278260 | 9.548239 | 114.384969 |
| chr12 | 6278809 | 6278936 | 2.314635 | 34.796328 |

- Gráficas de calor de los primeros 10 picos analizados



## Referencias Útiles:

- **Ramsey, 2010**: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20663846
- **Trabajo anterior de Stephen A. Ramsey (Matlab):** http://magnet.systemsbiology.net/hac/
- ENCODE - Bradley Bernstein (Datos Replica): https://www.encodeproject.org/experiments/ENCSR000ALB/
- ENCODE - Bradley Bernstein (Datos Control): https://www.encodeproject.org/experiments/ENCSR000ALG/