

Transcriptómica, Regulación genómica y Epigenómica

Curso 2019-2020

Trabajo en grupo

Cada grupo de trabajo estará compuesto por 5-4 alumnos y se trabajará sobre un tipo de segmentos (estados de cromatina) cuyo material está colgado en moodle en el punto “Trabajo Epigenómica”, y se basa en la práctica llevada a cabo en clase el pasado 27 de Febrero. El trabajo se presentará el día 16 de Marzo. Tendréis 20 minutos de exposición seguido de 5-10 minutos de discusión.

Grupos y estados (según el modelo de 11 estados propuesto):

Active promoter (strong, H3K4me3+H3K27Ac).

Insulator (CTCF).

Transcriptional elongation (H3K36me3).



Polycomb (H3K4me3+H3K27me3).

Enhancer (H3K4me1).

Heterochromatin (H3K9me3)

Tareas:

- 1) Obtener los segmentos que tengan el mismo estado en los dos replicados de monocitos.
- 2) Anotar los segmentos. Como mínimo, se deberá dar el porcentaje de segmentos que solapan con protein-coding genes en dicho cromosoma.
- 3) Descargar los picos de DNase I en monocitos de ENCODE y calcular el porcentaje de solapamiento entre DNaseI-peaks y vuestros segmentos de trabajo. Usad el fichero wgEncodeOpenChromDnaseMonocd14Pk.narrowPeak.gz en:

<http://hgdownload.cse.ucsc.edu/goldenpath/hg19/encodeDCC/wgEncodeOpenChrom>

Dnase/

4) Visualizar (y mostrar) una región del genoma en el UCSC browser donde se vean al menos uno de vuestros segmentos (subid el track generado por ChromHMM) y la DNaseI en todos los tipos celulares de ENCODE de sangre.

5) (OPCIONAL I) Búsqueda de motivos enriquecidos.

6) (OPCIONAL II) Calcular el % de solapamiento con regiones hyper- (Metilación > 0.75) o hypo-metiladas (Metilación < 0.25) en monocitos disponibles en el DCC portal de BLUEPRINT. (<http://dcc.blueprint-epigenome.eu/#/home>) Ficheros BED pertenecientes al donante C001UY.

Software que podéis utilizar (opcional):

Solapamientos: Python, R, bedtools.

Anotación: Ensembl Biomart, Homer, PeakAnalyzer, GREAT, ChromHMM (*****).

GRUPOS DE TRABAJO

Active promoter (strong, H3K4me3+H3K27Ac).

Insulator (CTCF).

Transcriptional elongation (H3K36me3).

Polycomb (H3K4me3+H3K27me3).

Enhancer (H3K4me1).

Heterochromatin (H3K9me3)