Trabajo Epigenómica

# Autores:

* Sara Dorado Alfaro
* Diego Mañanes
* Alejandro Martín Muñoz
* Álvaro Huertas García

# Objetivo

En este trabajo el objetivo es analiar y estudiar el estado de cromatina asignado a dos modificaciones de la histona 3 (H3), la trimetilación en la lisina 4 (H3K4me3) y la acetilación de la lisina 27 (H3K27ac).

# Antecedentes

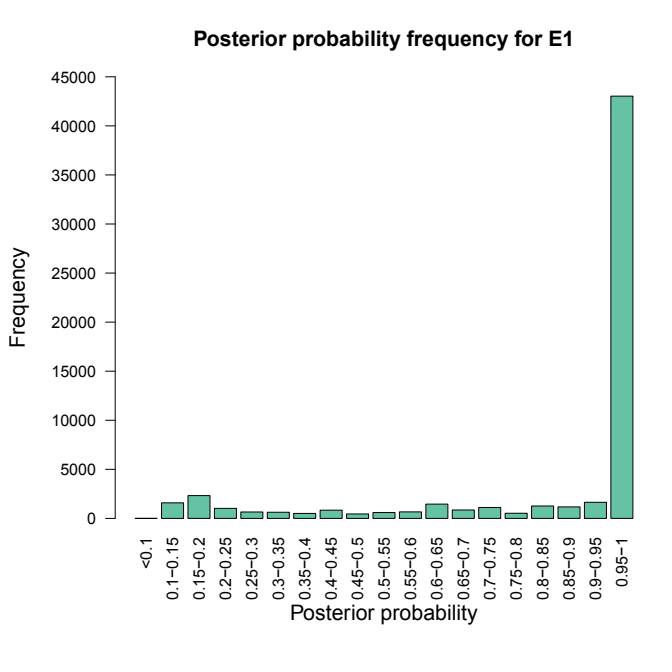
En este trabajo el material de partida son los segmentos de cromatina asignados a uno de los 11 estados calculados por ChromHMM, como se realizó en la práctica del día 27 de febrero en el aula. El software ChromHMM emplea modelos ocultos de Markov (“Hidden Markov Model, HMM) para calcular distintos estados de cromatina cada uno de ellos caracterizado por la combinación de distintas marcas epigenéticas (Ernst and Kellis, 2017). En nuestro caso, el estado de estudio es el estado 1, en adelante E1, se caracteriza por la combinación de la trimetilación en la lisina 4 (H3K4me3) y la acetilación de la lisina 27 (H3K27ac) de la histona 3.

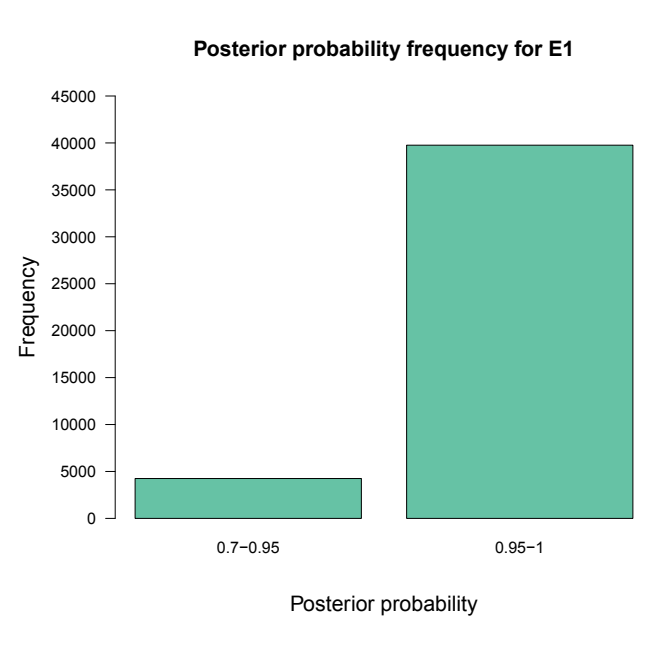
# Análisis

### Paso 1: Obtener los segmentos que tengan el mismo estado en los dos replicados de monocitos.

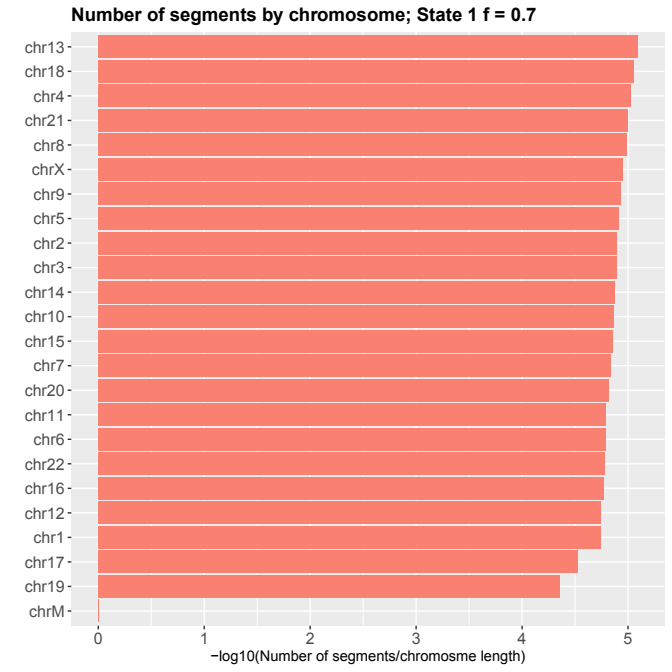
La cromatina empleada en este trabajo procede de dos réplicas biológicas de monocitos CD14+ CD16- de humano. El primer paso de nuestro trabajo es generar los archivos de partida del estudio, para ello se procede a calcular el número de segmentos de 200 pb que solapan en ambos replicados biológicos. Este paso es fundamental para asegurar que los estados asignados a cada segmento son correctos. Igualmente, para mayor seguridad, se emplean los archivos de la carpeta “POSTERIOR” para generar el archivo de la intersección de segmentos entre las dos réplicas.

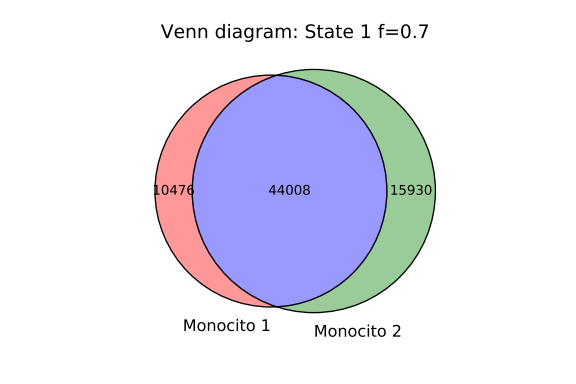
En los archivhos de la carpeta “POSTERIOR” encontramos un documento por cromosoma en el que cada línea corresponde a un segmento de 200 pb y en el que cada columna indica la probabilidad posterior de ese segmento a pertenecer a cada uno de los 11 estados. De este modo, se estableció como umbral de selección de segmentos el valor de probabilidad posterior 0.7, extrayéndose únicamente los segmentos que igualan o superan ese umbral para E1 en ambas réplicas biológicas.

  
Figura 1- Distribución de los segmentos del estado 1 en función de la probabilidad posterior

  
Figura 2- Segmentos seleccionados para el análisis (44008)

A continuación, se extraen los segmentos solapantes de los ficheros generados en el paso anterior para cada réplica de monocito. Para ello se emplea el comando “- intersect” de la herramienta “bedtools v2.29.1” sin ninguna flag adicional puesto que los segmentos en ambas réplicas biológicas tienen 200 pb de longitud y sólo pueden coincidir en su totalidad. A continuación se muestran algunos resulados de este primer paso:

  
Figura 3- Número de segmentos por cromosoma tras normalizar por el tamaño de cada cromosoma. Resultado obtenido tras la intersección de los segmentos solapantes en ambas réplicas biológicas de monocito.

  
Figura 4: Diagrama de Venn que muestra el número de segmentos solapantes entre ambas réplicas biológicas, tras la intersección de los segmentos con una probabilidad superior o igual a 0.7 de ser asignados al E1.

## Paso 2: Anotar los segmentos. Como mínimo, se deberá dar el porcentaje de segmentos que solapan con protein-coding genes en estado.

Una vez se han extraído los segmentos comunes entre ambas réplicas biológicas de monocito con una probabilidad de ser asignados al E1 mayor o igual a 0.7, se procede a caracterizar estos segmentos mediante su anotación. Se emplean los siguientes paquetes de R:

* annotatr (<https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/annotatr.html>)
* ChIPseeker (<https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/ChIPseeker.html>)

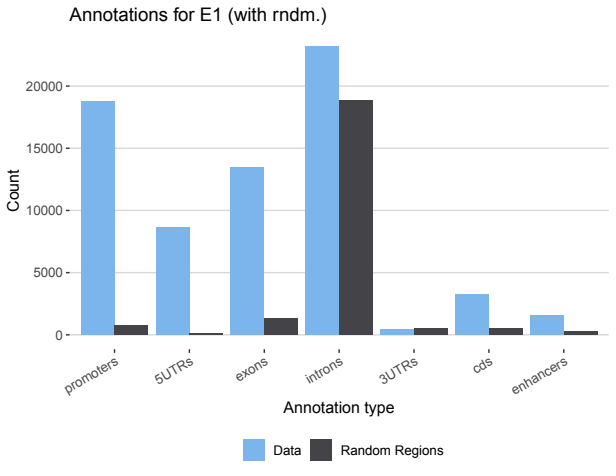
Igualmente, se emplean herramientas de anotación y caracterización funcional disponibles en la web:

* GREAT: Genomic Regions Enrichment of Annotations Tool (<http://great.stanford.edu/public/html/splash.php>)
* PANTHER Classification Analysis (<http://www.pantherdb.org/>)

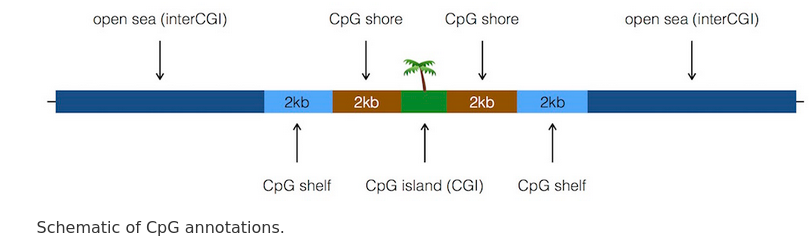
El cálculo del número de segmenos que solapan con genes codificantes para proteínas se calculó mediante la anotación de los segmentos que pertenecían a CDS mediante el paquete “annotatr”. Se emplea este paquete porque dispone de la función “summarize\_annotations”, que muestra un resumen de las anotaciones presentes en tus datos:



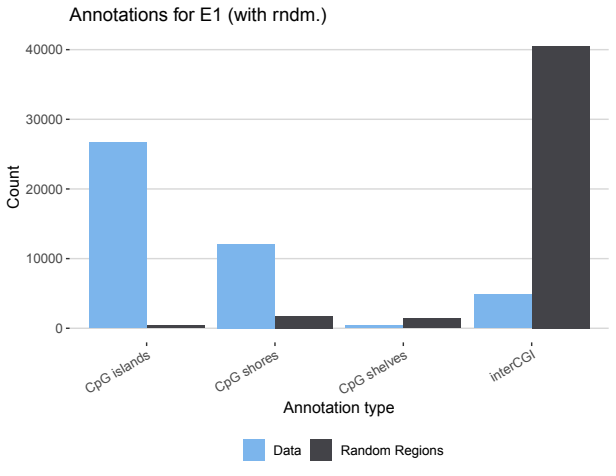
Con las anotaciones obtenidas comprobamos que un 7% de los segmentos se asocian con regiones codificantes para proteínas (CDS). Es importante señalar que se estableció como mínimo un solapamiento de 100 pb entre los segmentos de 200 pb y las coordenadas del genoma anotado para asignar la anotación al segmento. Se estableció este valor dado que los exonies tienen un tamaño alrededor de 120 pb y los intrones un tamaño de 2 kb en regiones genómicas que contienen un 30-40% de GC y una longitud media de 500 pares de bases en las regiones con más de 50% de GC (Alberts, 2016). A pesar de que las regiones 5’-UTR y 3’-UTR pueden tener desde 60-80 pb a 4 kb (Chatterjee and Pal, 2009) y podrían no anotarse si tuvieran menos de 100 pb, se prioriza la anotación de exones, intrones, CDS y promotores frente a estas regiones.

  
Figura 5- Comparación de la anotación en nuestros datos con datos generados aleatoriamente

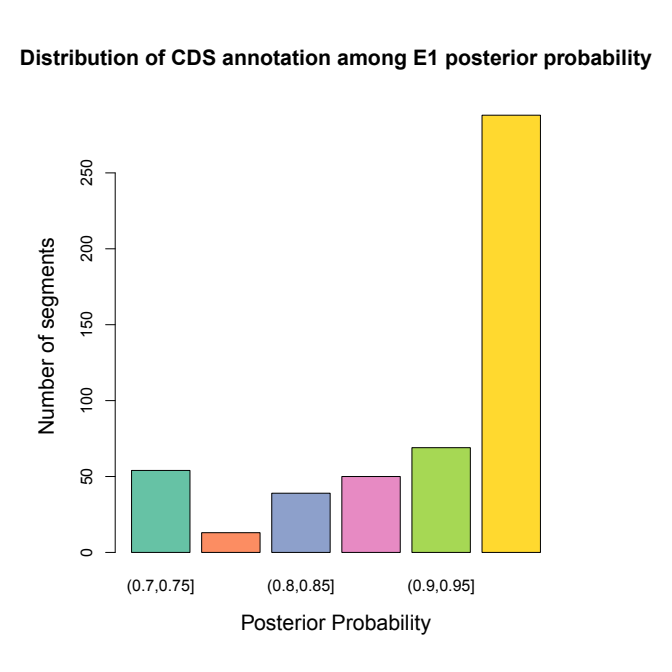
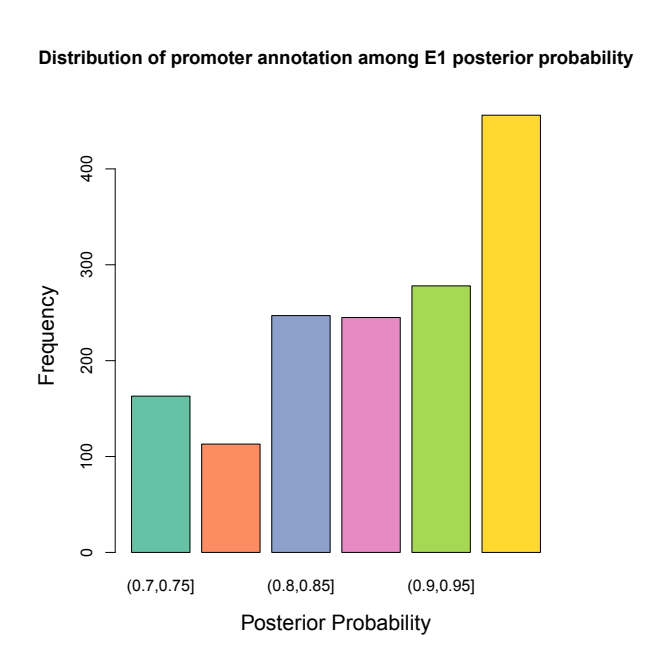
Entre los resultados obtneidos de la anotación, comprobamos que las 3 anotaciones más abundantes son las islas CpG, los intrones y los promotores. Para comprobar si esta anotación está enriquecida en nuestros segmentos con respecto el genoma, se generaron fragmentos aleatorios del mismo tamaño que los de estudio y se anotaron. En la Figura 5 podemos comprobar como las anotaciones de promotor, exones, CDS, regiones 5’UTR se encuentran claramente enriquecidas en nuestros datos. Igualmente, se ve algo de enriquecimiento en los enhancers, en menor medida, en los intrones y nada en las regiones 3’UTR. Con respecto a los intrones, vemos que la presencia por azar de intrones en la anotación es muy elevada, y además corresponden al 50% del genoma del ser humano (Lamolle and Musto, 2018) por lo que su anotación tiene sentido que sea abundante. En conclusión, estas anotaciones demuestran que los segmentos del estado 1 están relacionados con la transcripción, situándose en promotores, enhancers, regiones 5’UTR y regiones codificantes.



Asimismo, las islas CpG son regiones del genoma con un alto contenido en GC suscpetibles de ser metiladas para regular epigenéticamente el estado de condensación de la cromatina. Estos elementos genómicos se sitúan especialmente en los promotores. En la Figura 6 se observa claramente un enriquecimiento de nuestros segmentos en las islas CpG y ls regiones colindantes a ellas. La anotacione “interCGI” hace referencia al resto de anotaciones diferentes a islas CpG, y se puede compobrar que éste es menor en nuestro datos. De nuevo, los resultados señalan que el estado 1 se relaciona con la transcripción, promoviéndola.

  
Figura 6- Comparación de la anotación de islas CpG de nuestros datos con datos generados aleatoriamente

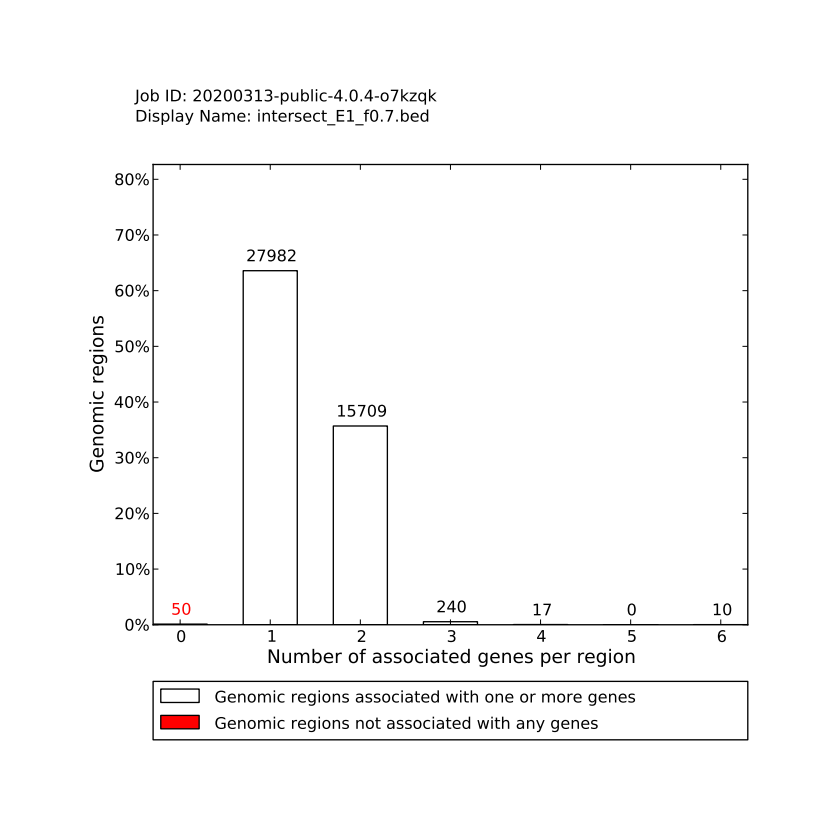
Igualmente, se estudió la distribución de la anotación en función de la probabilidad posterior.



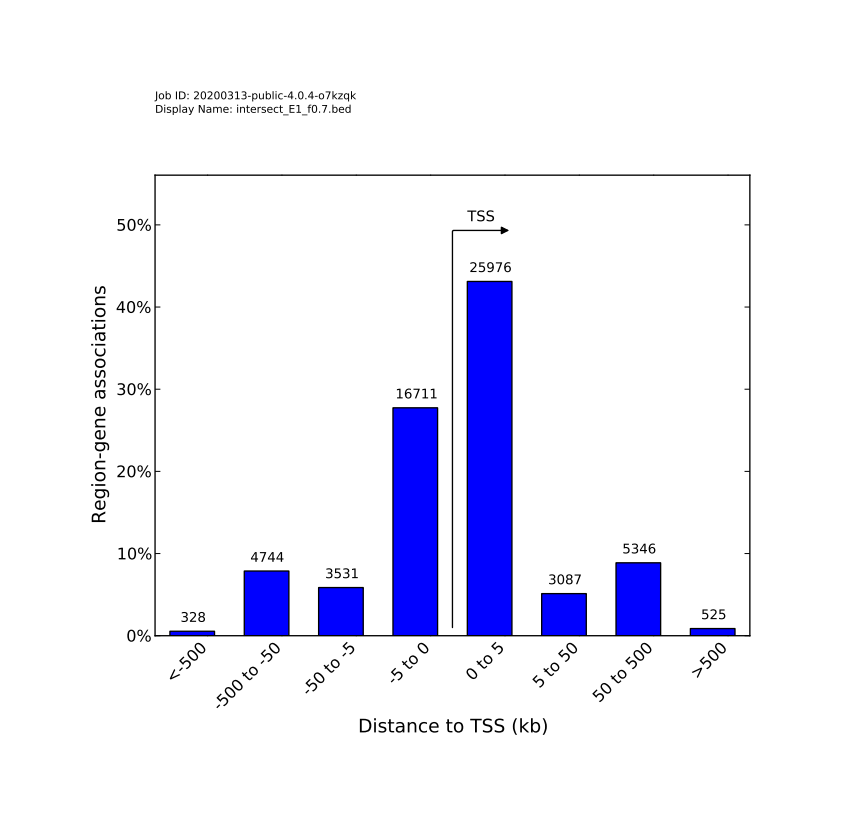
Por ejemplo, en las imágenes anteriores observamos que la mayoría de segmentos anotados proceden de la región con una probabilidad posterior 0.95 o superior. Esto apoya la seguridad de las anotaciones, puesto que los segmentos que más se asocian co el estado 1 son aquellos que más relacionados se encuentran con estos términos. Igualmente, se observa que recuperar los segmentos con una probabilidad posterior superior o igual a 0.7 nos permite ampliar el número de anotaciones de estos términos.

Asimismo, la herramienta web GREAT v4.0.4 nos permite anotar los segmentos con los términos GO de localización celular, función molecular, proceso biológico y fenotipos humanos. GREAT se encarga de realizar la anotación de los segmentos mediante cálculos estadśiticos generados por la asociación de regiones genómicas (segmentos) con genes cercanos. La asociación tiene dos pasos, en primer lugar se asocia cada gen a un dominio regulador y, posteriormente, cada segmento es asociado con los genes que pertenecen al dominio regulador con el que solapa.

A continuación, se muestran los resultados de la anotació de los segmentos de E1 seleccionados empleando los parámetros de solapamiento por defecto en GREAT (región basal más extensión de 5 kb aguas arriba, 1 kb aguas abajo y 1000 kb para regiones distales):

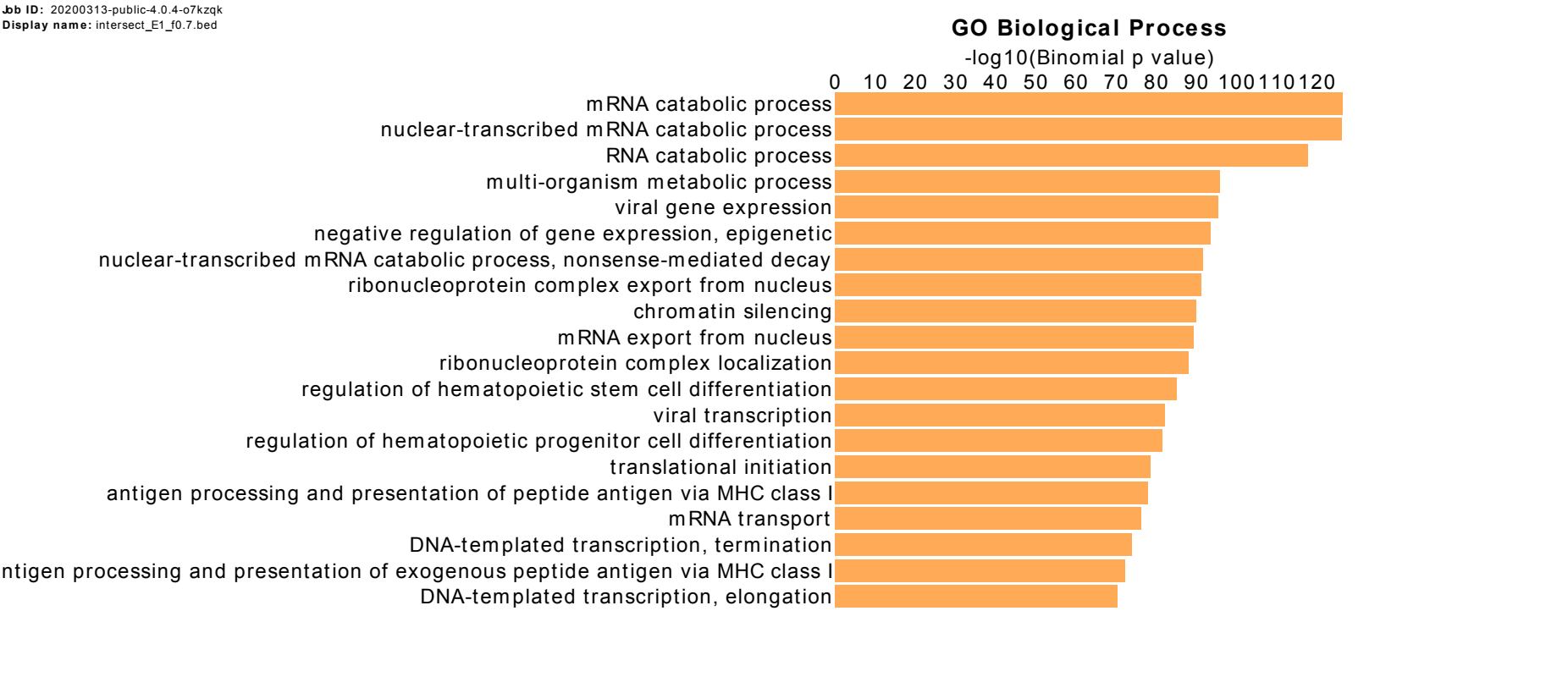
  
Figura 7: Diagrama de barras que muestra el número de segmentos de E1 asociados a genes

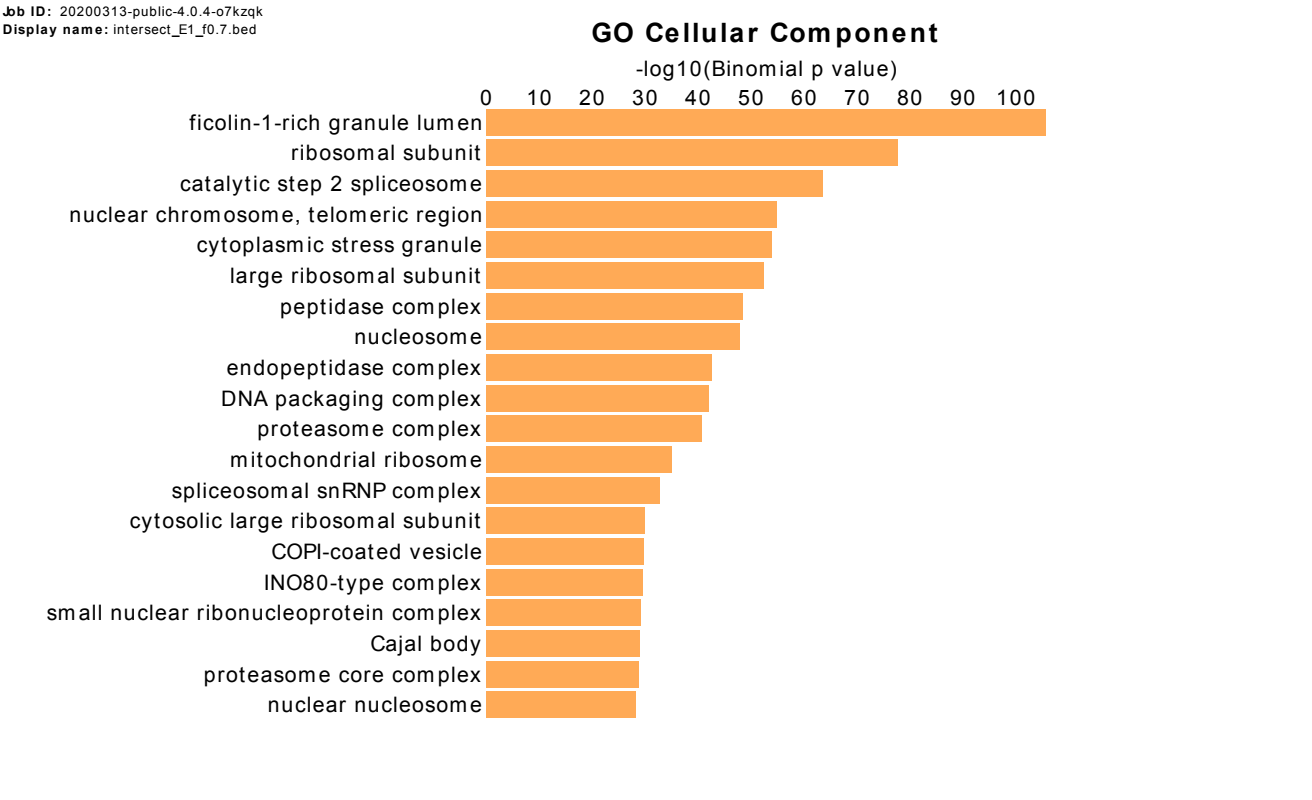
Como se observa en la Figura 3, tan solo 50 (0.1%) de los 44008 segementos del E1 no se encuentran relacionados con ningún gen. Con el paquete “annotatr” se estudia con mayor detalle con qué tipo de elemento se asocian los 43958 segmentos restantes, que solapan con 10931 genes de los 18,549 genes que dispone GREAT.

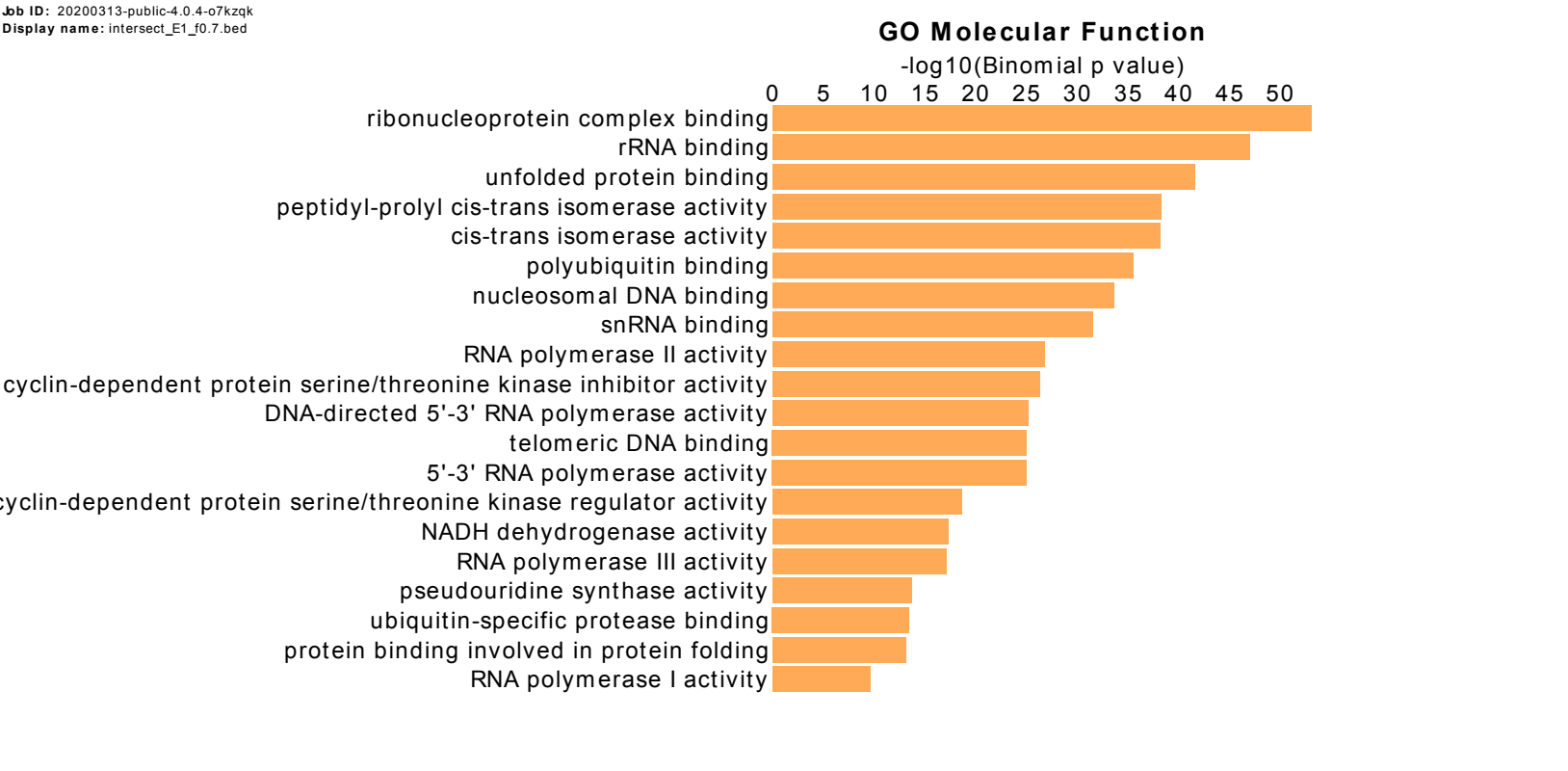
  
Figura 8: Distancia en kilobases de los segmentos de E1 anotados con respecto al sitio de inicio de la transcripción (Transcription Start Site, TSS).

En la figura anterior (Figura 6) observamos que la mayoría de los segmentos anotados se sitúan cerca o muy cerca del sitio de inicio de la transcripción (TSS). A pesar de que la longitud y la secuencia de los promotores humanos es variable, los elementos más importantes (denominados en inglés como “cores”) se sitúan en un rango cercano al TSS, ~100 pb aguas arriba y ~100 pb aguas abajo (Landolin et al., 2010). En consecuencia, los resultados obtenidos nos indican que nuestras marcas de interés (H3K4me3+H3K27Ac) se encuentran relacionadas con los promotores.

Igualmente, los resultados de las anotaciones GO validan que los segmentos de E1 estudiados pertenecen a células del sistema inmune relacionadas con la defensa frente a patógenos, y que se encuentran relacionados con la transcripción y la regulación epigenética de la cromatina. Por ejemplo, en la Figura 5 observamos que entre los términos GO sobre procesos biológicos asociados a nuestros segementos de interés, encontramos términos relacionados con el procesamiento del RNA y la transcripción (mRNA catabolic process, RNA catabolic process, elongation, negative regulation of gene expression epigenetic, …) al igual que términos relacionados con el sistema inmune (regulation of hematopoietic stem cell differentiation, regulation of hematopoietic progenitor cell differentiation…). En el paso 4 de este trabajo se observarán algunos genes relacionados con estos términos GO en el UCSC genome browser.

  
Figura 9: Top 20 anotaciones GO de procesos biológicos relacionados con los segmentos de E1

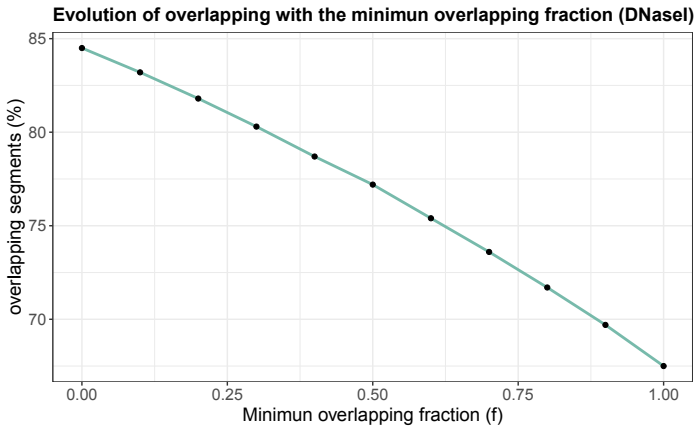
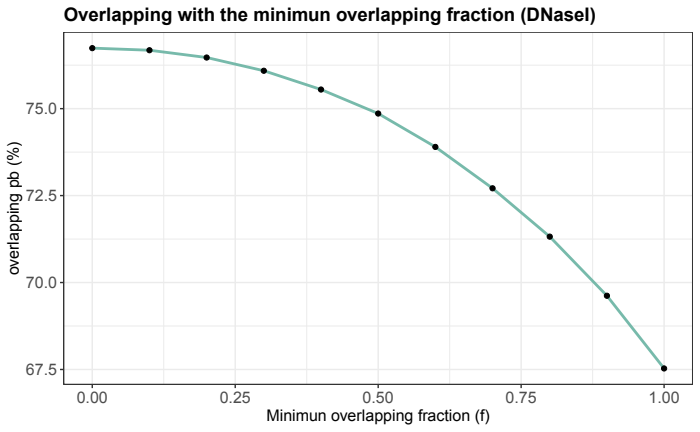
  
Figura 10: Top 20 términos GO de elementos celulares relacionados con los segmentos de E1

  
Figura 11: Top 20 términos GO de función molecular relacionados con los segmentos E1.

### Paso 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.

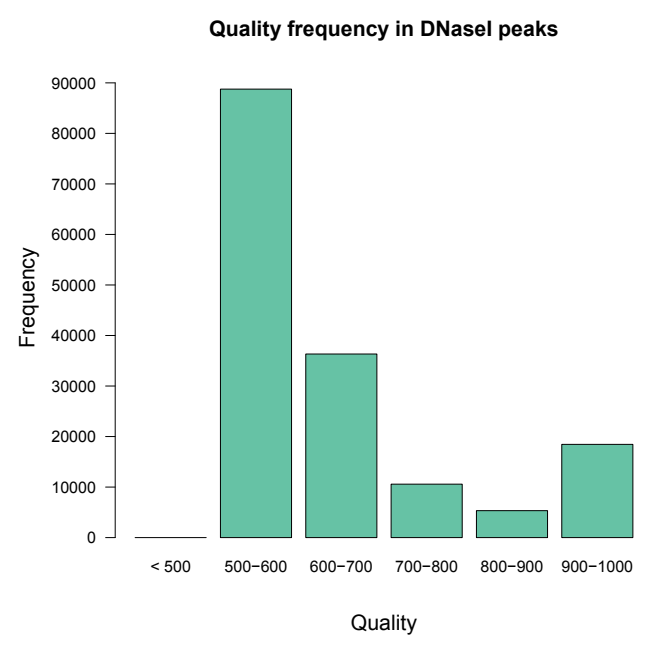
En primer lugar, es importante indicar que la DNaseI es una endonucleasa capaz de romper el enlace fosfodiéster entre dos nucléotidos, tanto en DNA monocatenario como bicatenario en las regiones accesibles de la cromatina. Esta enzima se emplea en la técnica DNase I-seq para identificar regiones hipersensibles a DNase I (“DNase I Hypersensitive Site”, DHS) a lo largo del genoma. Las regiones genómicas donde actúa la Dnase I son consideradas marcadores de regiones reguladoras de DNA, regiones de inicio de transcripción, enhancers y silenciadores. En otras palabras, las regiones genómicas secuenciadas en un experimento de Dnase I-seq corresponderían a las regiones genómicas accesibles, donde la maquinaria de transcripción podría llevar a cabo su función (Sullivan et al., 2015).

En nuestro caso empleamos segmentos de DNase I de monocitos CD14+ de la versión del genoma hg19 procedentes de ENCODE. El solapamiento entre nuestros segmentos y los de la DNase I nos permite conocer qué segmentos de E1 se encuentran accesibles a la maquinaria de transcripción. El solapamiento se calcula de forma equivalente a la realizada en el paso 1. Sin embargo, dado que la lognitud de los segmentos procedentes de la DNase I no son uniformes (media 606 pb) y son superiores a los 200 pb de los segmentos del E1, seleccionamos como archivo de referencia el archivo con los segmentos de E1. De este modo, procedemos a buscar aquellos segmentos de E1 que solapan con la DNase I y no al revés. Esto además nos permite aplicar una fracción mínima de solapamiento de 100 pb, de modo que se solo se seleccionen aquellos segmentos de E1 que al menos solapan en 100 pb con segmentos de DNAse I. Este valor se estableció a partir del estudio de la variación del número de segmentos y pares de bases solapantes a medida que aumentamos la fracción solapante.

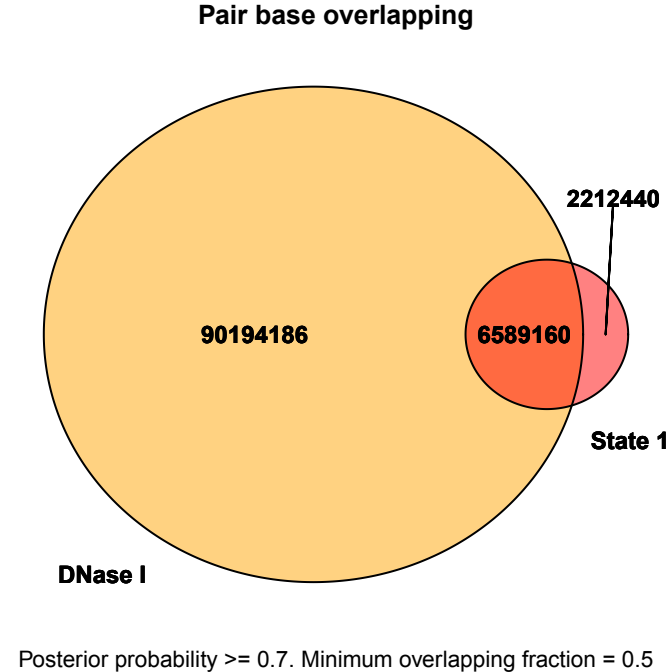


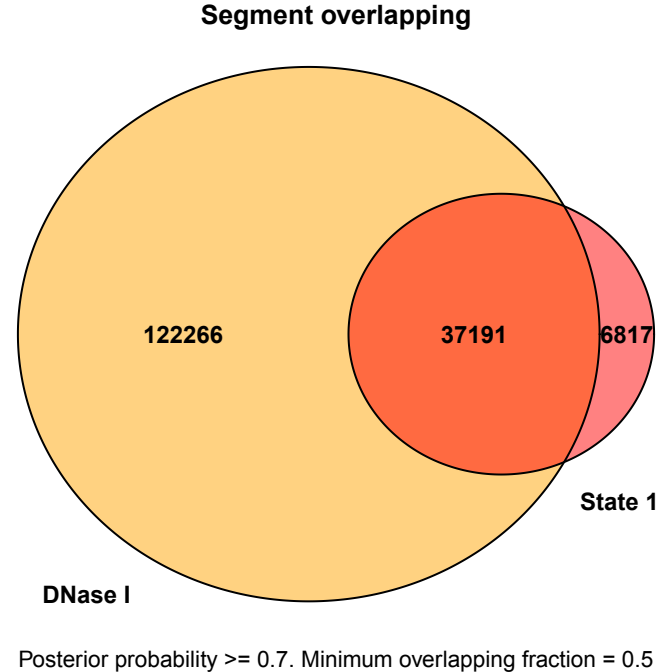
En las dos imágenes anteriores comprobamos que el número de regiones solapantes disminuye a medida que somos más restrictivos con la fracción mínima solapante. Cabe destacar, que el cambio del número de segmentos solapantes es lineal, mientras que el número de pares de bases solapantes disminuye de forma curvilínea, siendo la caída suave al principio y brusca al final. Esto puede explicarse por el hecho de que, a medida que aumentamos la fracción mínima solapante el número de segmentos que dejan de solapar disminuye de forma progresiva y equivalente, pero el número de pares de bases que se pierden con esos segmentos es cada vez mayor, haciendo más brusca la caída. Con estos resultados, consideramos que es adecuado establecer como fracción mínima de solapamiento 0.5, lo que equivale a restringir el solapamiento a 100 pb como mínimo.

Igualmente, antes de proceder a calcular el solapamiento se procedió a estudiar la calidad de los picos presentes en el archivo procedente de ENCODE. En la Figura 12 se comprueba que la todos los picos presentan una calidad superior a 500, encontrándose la mayoría e el rando 500-600. De este modo, ningún pico es eliminado pues la calidad media se sitúa en el rango 100-1000 recomendado por ENCODE.

  
Figura 12- Histrograma de la calidad de las regiones accesibles a la DNase I en monocitos CD14+ procedentes de ENCODE.

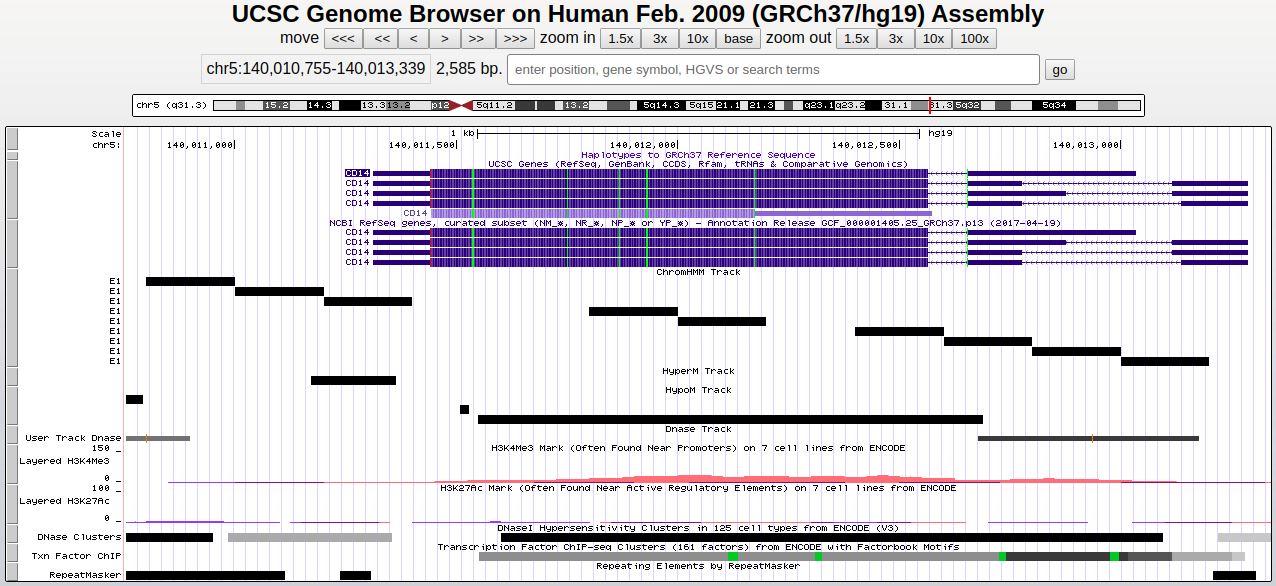
Una vez se han explorado los datos descargados de ENCODE, procedemos a calcular el porcentaje de solapamiento entre nuestros segmentos y los picos de DNase I. El solapamiento en función de los segmentos es de 85% y en función de pares de base de 75%. En cualquiera de los casos, queda claro que nuestros segmentos se encuentran de forma abundante en regiones accesibles de la cromatina, apoyando la hipótesis de que el estado 1 corresponde a regiones transcripcionalmente activas.

  
Figura 13- Diagrama de Venn con el número de pares de bases solapantes entre la DNase I y el E1

  
Figura 14- Diagrama de Venn con el número de segmentos solapantes entre la DNase I y el E1

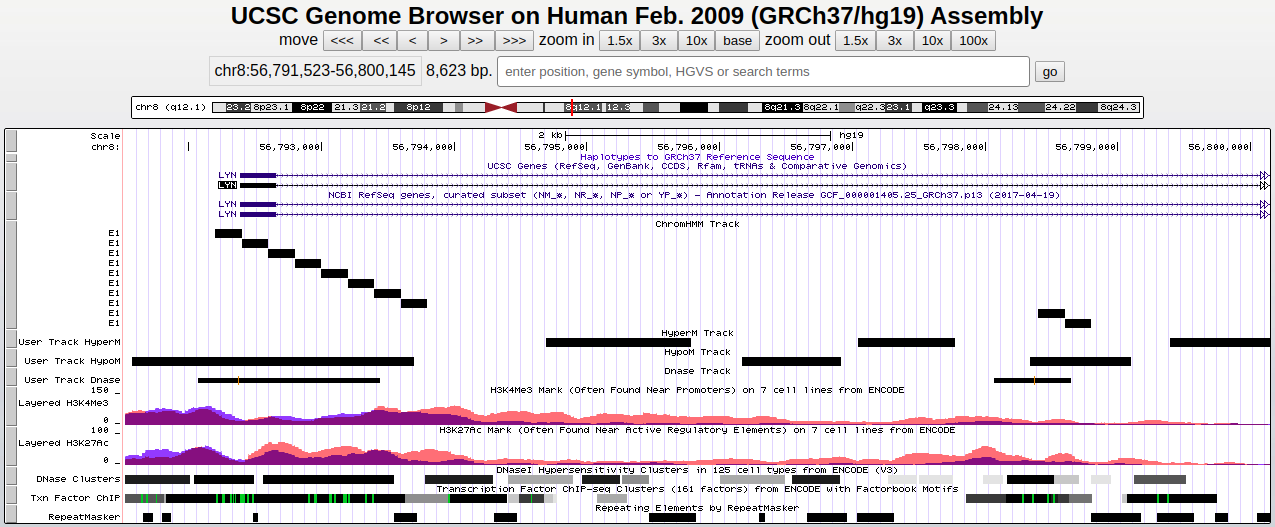
### Paso 4) Visualizar una región del genoma en el UCSC browser

Este paso es muy importante, podremos visualizar y contextualizar nuestros resultados. En el UCSC browser se han seleccionado una serie de genes relacionados con los términos GO mostrados anteriormente y cuya función evidencia la participación en el proceso de transcripción génica, epigenómica y diferenciación celular de las células monocíticas. Los genes seleccionados son: CD14, LYN y EIF2A

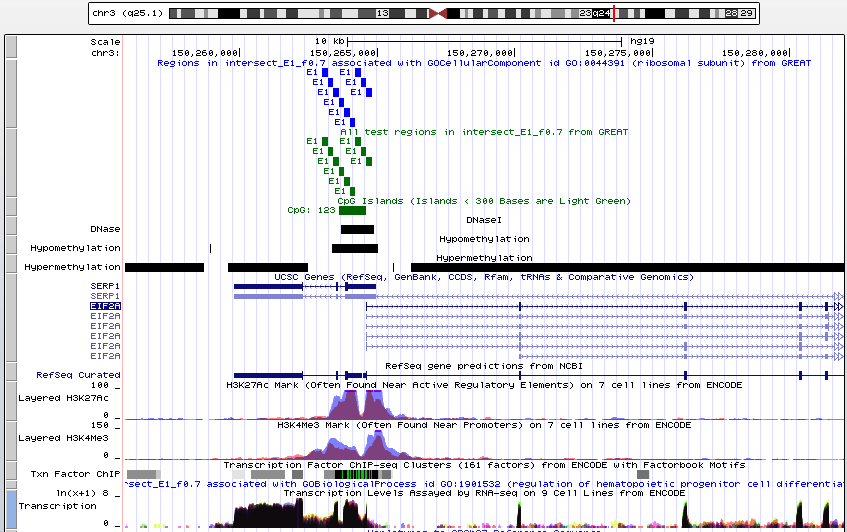
  
Figura 15- Visualización del gen CD14 en UCSC browser.

El gen CD14 codifica una proteína que se localiza de forma específica en la superficie de monocitos/macrógafos participando en el reconocimiento de oligosacáridos procedentes de patógenos. En la Figura 15 se puede observar como los segmentos de E1 se situán en el inicio del gen, ocupando el promotor, la región 5’UTR y algunos exones e intrones. Además, se observa como segmentos de E1 coinciden con las regiones hipometiladas (datos procedentes del paciente C001UY de BLUEPRINT) y las regiones accesibles por la DNase I. Esta visualización nos permite validar que el gen CD14 se expresa en nuestra muestra y que, por tanto, efectivamente se tratan de monocitos. Las regiones hipometiladas, en concreto aquellas situadas en los promotores, se asocian con la regulación positiva de la trasncripción.

El gen LYN contiene la información necesaria para codificar una tirsoina quinasa involucrada en degranulación celular y la diferenciación hematopoyética. Es considerado un proto-oncogen por su participación en el desarrollo celular y, cuyo mal funcionamiento, se asocia a enfermedades como coreocantocitosis o sarcoma. En la Figura 16 se vuelve a comprobar que los segmentos de E1 solapan con la región promotora del gen, con los picos de las marcas H3K4me3 y H3K27Ac de ENCODE y las regiones hipometiladas y accesibles de la DNaseI.

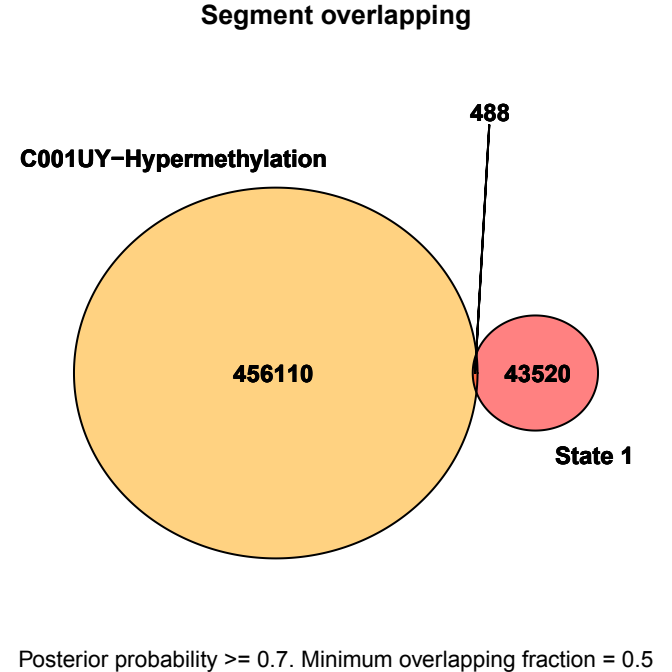
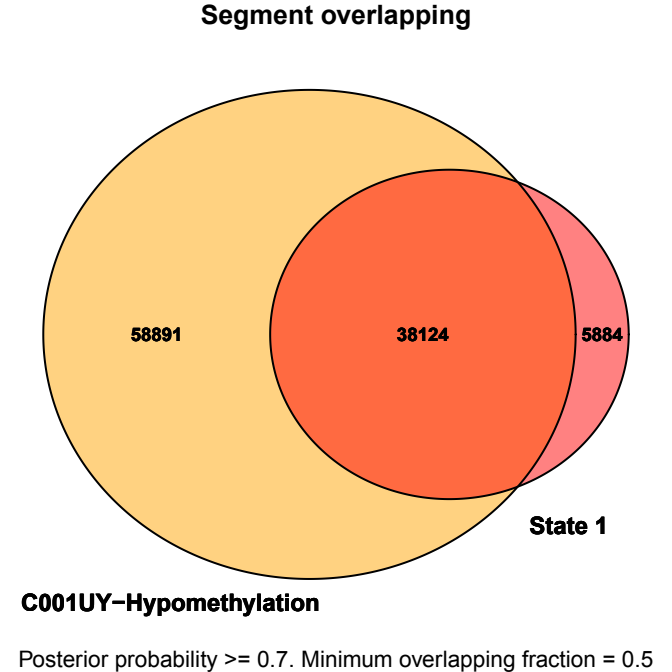
  
Figura 16- Visualización del gen LYN en UCSC browser

Por último, el gen EIF2A codifica para un factor de transcripción iniciador de la transcripción mediante la formación de los complejos de preiniciación 80S sensibles a puromicina y la síntesis de de poly(U) a bajas concentraciones de magnesio celular. En esta Figura 17 se observa lo mismo que en los casos anteriores, pero en este caso observamos como nuestros segmentos coinciden también con el promotor del gen SERP1 relacionado con la síntesis de proteínas. En este ejemplo se observa como nuestros segmentos pueden cubrir dos promotroes a la vez de genes que se trasncriben en direcciones opuestas, lo que facilita la acción de la maquinaria transcripcional a la hora de transcribir dos genes relacionados funcionalmente.

  
Figura 17- Visualización del gen EIF2A y SERP1 en UCSC browser.

### Regiones hiper e hipometiladas

En las dos imágenes a continuación, se observa claramente como los segmentos del estado 1 se relacionan en mayor medida con regiones hipometiladas que con regiones hipermetiladas, 87% y 1%, respectivamente. Las regiones hipometiladas, en concreto las relacionadas con promotores e islas CpG (elementos enriquecidos en nuestros segmentos de E1) se asocian con una regulación positiva de la transcripción. En conclusión, estos resultados apoyan a los obtenidos anteriormente en la afirmación de que el E1 y sus marcas de histonas corresponden a marcas transcripcionalmente activas.



Bibliografía

Ernst, J. and Kellis, M., 2017. Chromatin-state discovery and genome annotation with ChromHMM. *Nature Protocols*, 12(12), pp.2478-2492.

Landolin, J., Johnson, D., Trinklein, N., Aldred, S., Medina, C., Shulha, H., Weng, Z. and Myers, R., 2010. Sequence features that drive human promoter function and tissue specificity. *Genome Research*, 20(7), pp.890-898.

Alberts, B., 2016. *Introducción A La Biología Celular*. Buenos Aires [etc.]: Médica Panamericana.

Chatterjee, S. and Pal, J., 2009. Role of 5′- and 3′-untranslated regions of mRNAs in human diseases. *Biology of the Cell*, 101(5), pp.251-262.

Lamolle, G. and Musto, H., 2018. *Genoma Humano. Aspectos Estructurales*.

Sullivan, A., Bubb, K., Sandstrom, R., Stamatoyannopoulos, J. and Queitsch, C., 2015. DNase I hypersensitivity mapping, genomic footprinting, and transcription factor networks in plants. *Current Plant Biology*, 3-4, pp.40-47.