Busqueda información marcas epigenéticas de la base de datos en Chlamydomonas:

5mC, 6mA, H3K27ac, H3K27me3, H3K36me3, H3K4m3, H3K4me2, H3K9me3, nucleosomes, RNAPolII, PSR1 transcription factor

MARCAS ACTIVADORAS MARCAS REPRESORAS

**METILACIÓN**

5mC - niveles de metilación de Chlamydomonas en lo referido a la marca 5mC son relativamente bajos (0,75%), ocurriendo principalmente en contextos CpG. Se encuentra por lo general en el cuerpo de los genes y se correlaciona con la **represión** transcripcional. Así, el nivel relativamente bajo de 5mC combinado con su inusual enriquecimiento en exones sugiere diferentes funciones para 5mC en Chlamydomonas en comparación con las plantas superiores y animales, en los cuales esta es sobre todo una marca de silenciamiento génico localizada en las regiones promotoras de los genes. No obstante, la función de esta marca epigenética no está totalmente caracterizada en este organismo. (TFM Ana)

6mA - 6mA, en su contexto mayoritario de dinucleótidos ApT, representa entre un 0,4-0,8% del total de adeninas de su genoma nuclear, uno de los niveles más elevados observados en organismos eucariotas. En Chlamydomonas, 6mA es una marca enriquecida en torno a los TSS de más de 14.000 genes, la mayoría de los cuales se transcriben activamente. Por el contrario, los genes silenciados tienen niveles más bajos de 6mA alrededor de su TSS. Parece pues que 6mA es una marca de **activación** génica en este organismo. No obstante, la función de esta marca epigenética no está totalmente caracterizada en este organismo. (TFM Ana). Genome-wide profiling reveals a bimodal distribution of 6mA enriched around TSS; 6mA marks active genes in Chlamydomonas; A periodic pattern of 6mA at base resolution correlates with nucleosome positioning; 6mA exclusively marks DNA linkers between adjacent nucleosomes around TSS (Fu 2015).

**HISTONAS**

H3K27ac – **active** enhancer (Ngan 2015)

H3K27me3 – marca **represiva**, hay una hipermetilación del ADN la cromatina se condensa, adquiere una configuración cerrada (heterocromatina) impidiendo el acceso de la maquinaria de transcripción del ADN e impidiendo, por tanto, la expresión de los genes (TFM Alicia)

H3K36me3 - The distribution of H3K36me3 on the C. reinhardtii genome is divergent from both vertebrates and in land plants, where H3K36me3 spans broad regions along actively transcribed genes. Distinct from the pattern found in Arabidopsis, this marker is largely confined to **active** promoters in C. reinhardtii (Ngan 2015)

H3K4me3 – marca **permisiva**, junto con estados de baja metilación del ADN, esa región de la cromatina cambia su estructura dando lugar a una cromatina menos condensada y abierta, la eucromatina, asociada con procesos de expresión de genes (TFM Alicia)

H3K4me2 - has been correlated with transcriptionally competent/**active** genes (van Dijk 2005)

H3K9me3 - marca **represiva**, hay una hipermetilación del ADN la cromatina se condensa, adquiere una configuración cerrada (heterocromatina) impidiendo el acceso de la maquinaria de transcripción del ADN e impidiendo, por tanto, la expresión de los genes (TFM Alicia). Is associated with repressed heterochromatin in vertebrates, but nearly universally (96% of H3K9me3 regions) co-localizes with active marks H3K4me3 or H3K27ac in C. reinhardtii. Although a general transcription-associated and promoter-centric distribution of H3K9me3 was observed in Arabidopsis26, the co-occurrence of H3K9me3 with active marks and mutual exclusion with repressive mark H3K27me3 observed in C. reinhardtii may be restricted to algae or could represent a previously unappreciated general plant- specific histone signature (Ngan 2015).

**OTROS**

Nucleosomes

RNApolII

PSR1 transcription factor - pivotal switch that triggers cytosolic lipid accumulation. Dissection of the PSR1-induced lipid profiles corroborates its role in coordinating multiple lipid-inducing stress responses (Ngan 2015).