
Novel Genomic Regions associated to specific complex chromatin marks

Investigadores:

- **Angel-Carlos Román.** [Instituto Cajal - CSIC](#) [1]. Departamento *Systems Circuits Group*.

Idioma Sin definir

Objetivos:

- Detección computacional de regiones genómicas con patrones complejos en su cromatina asociada.
- Análisis de su conservación (secuencia y vecindad) intra- e inter-especies.
- Análisis biológico de su función usando modelos transgénicos in vivo.

Metodología:

Los datos genómicos se descargarán de navegadores genómicos de uso libre como UCSC Genome Browser y Ensembl, en texto plano.

Estos datos se parsearán usando un lenguaje de scripts como Perl, y se analizarán globalmente usando un programa estadístico como R o MatLab. Se ejecutarán diversos algoritmos de tipo clustering, PCA, k-fold, bootstrapping, fuzzy logic.

La conservación de las secuencias candidatas será analizada usando algoritmos de uso libre como Blast o MEME.

Al final, tendremos unos candidatos fiables de regiones genómicas nuevas que serán testeadas experimentalmente.

Publicaciones y congresos:

- Roman AC, Benitez DA, Carvajal-Gonzalez JM & Fernandez-Salguero PM (2008) Genome-wide B1 retrotransposon binds the transcription factors dioxin receptor and Slug and regulates gene expression in vivo. *Proc Natl Acad Sci USA* 105, 1632-7.
- Román AC, González-Rico FJ, Moltó E, Hernando H, Neto A, Vicente C, Ballestar E, Gómez-Skarmeta JL, Vavrova J, White RJ, Montoliú L & Fernández-Salguero PM (2011) Transcription factors Dioxin Receptor and Slug trigger the insulator activity of SINE B1 retrotransposons via RNA Polymerase switch. *Genome Res.* Feb 3, PMID: 21324874.
- Roman AC*, Gonzalez-Rico FJ & Fernández-Salguero PM* (2011) B1-SINE retrotransposons: Establishing Genomic Insulatory Networks. *Mob Genet Elem* 1, 1, 1-5.

URL del envío: <https://web.computaex.es/proyectos/novel-genomic-regions-associated-specific-complex-chromatin-marks>

Enlaces

[1] <http://www.cajal.csic.es/>