

Integración de datos multi-ómicos para la identificación de genes clave y rutas metabólicas involucradas en la metamorfosis de peces planos.

XORNADA USUARIOS INFRAESTRUTURA
CESGA 2023

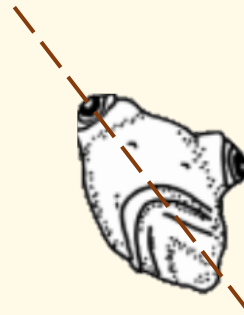
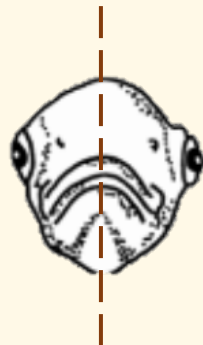
Laura Guerrero Peña



INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS



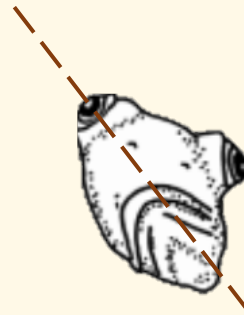
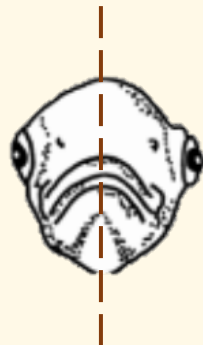
Remodelación metamórfica en peces planos



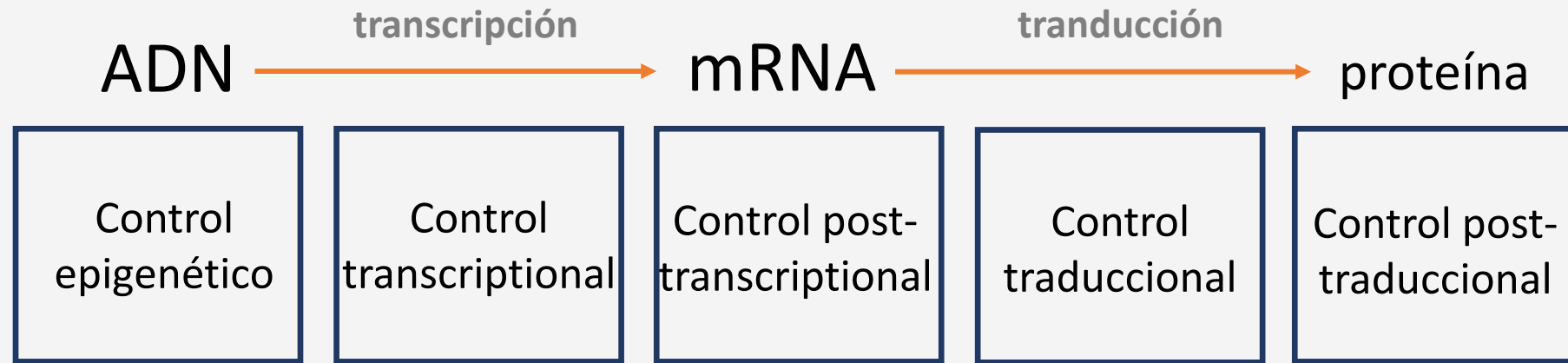
Remodelación metamórfica en peces planos

Video no disponible

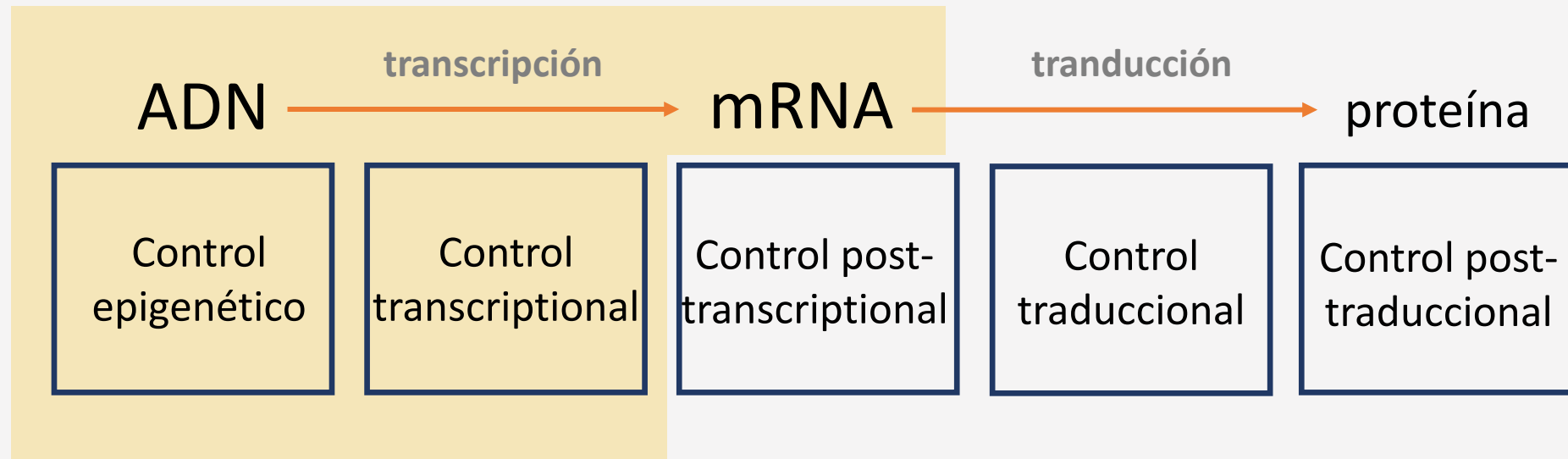
Remodelación metamórfica en peces planos



Niveles de regulación de la expresión génica



Niveles de regulación de la expresión génica



Regulación expresión génica: metamorfosis



Regulación expresión génica: metamorfosis



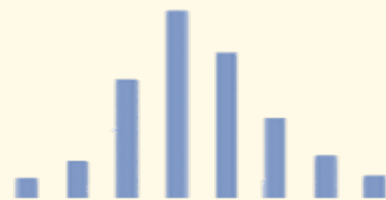
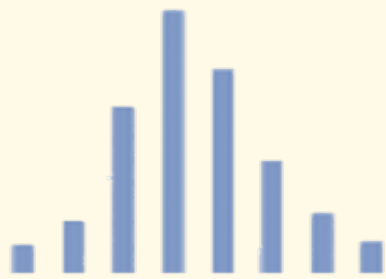
Cantidad ARN ↑



Regulación expresión génica: metamorfosis



Cantidad ARN ↑



Regulación expresión génica: metamorfosis



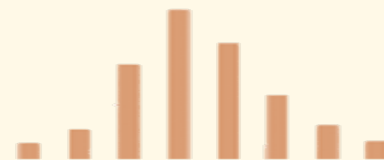
Cantidad ARN ↑



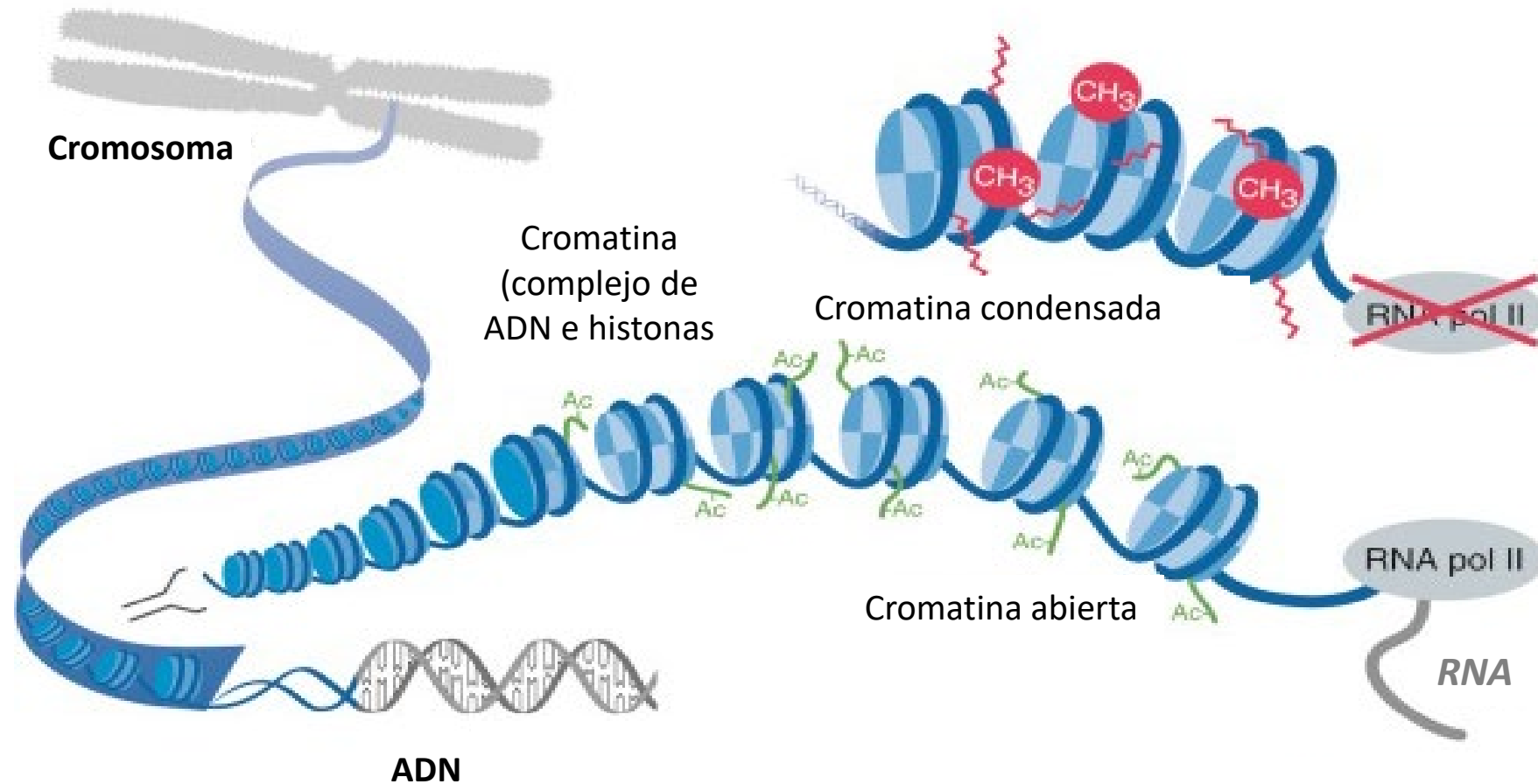
Regulación expresión génica: metamorfosis



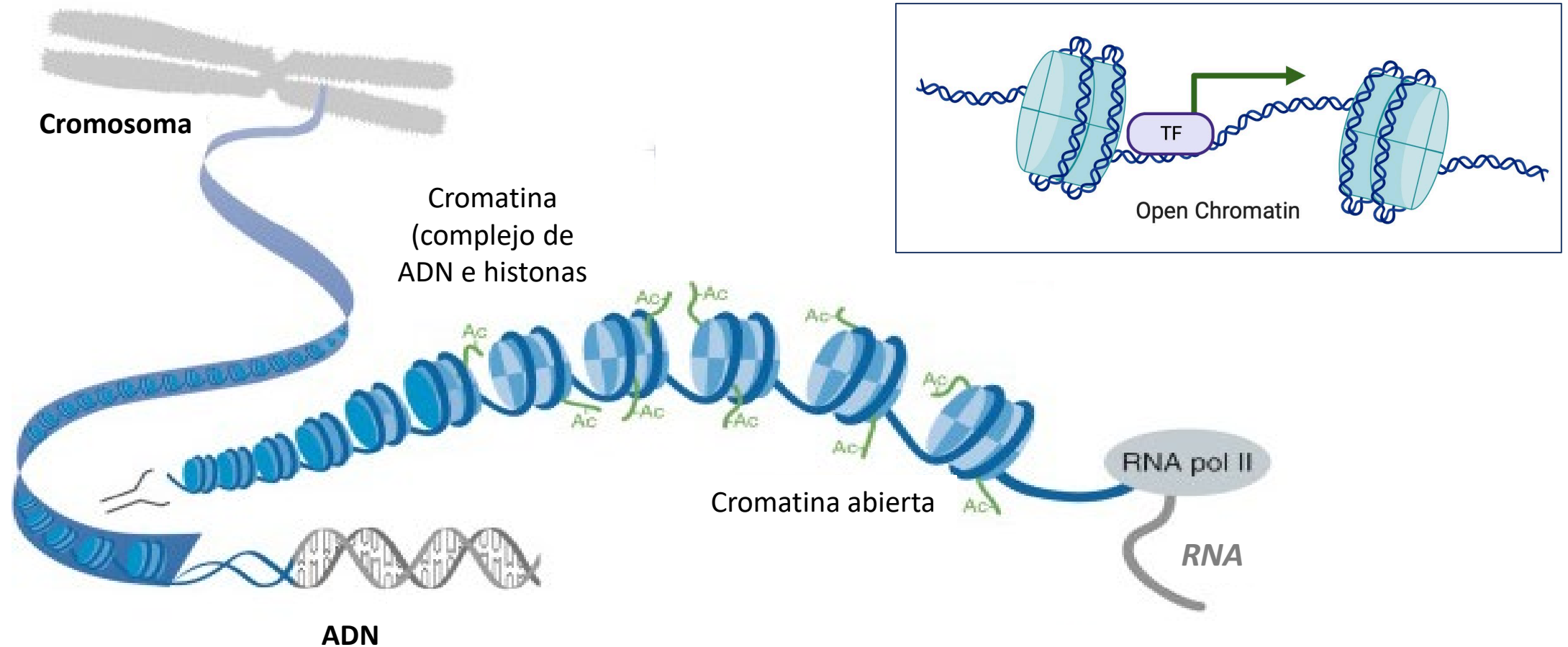
Cantidad ARN ↑



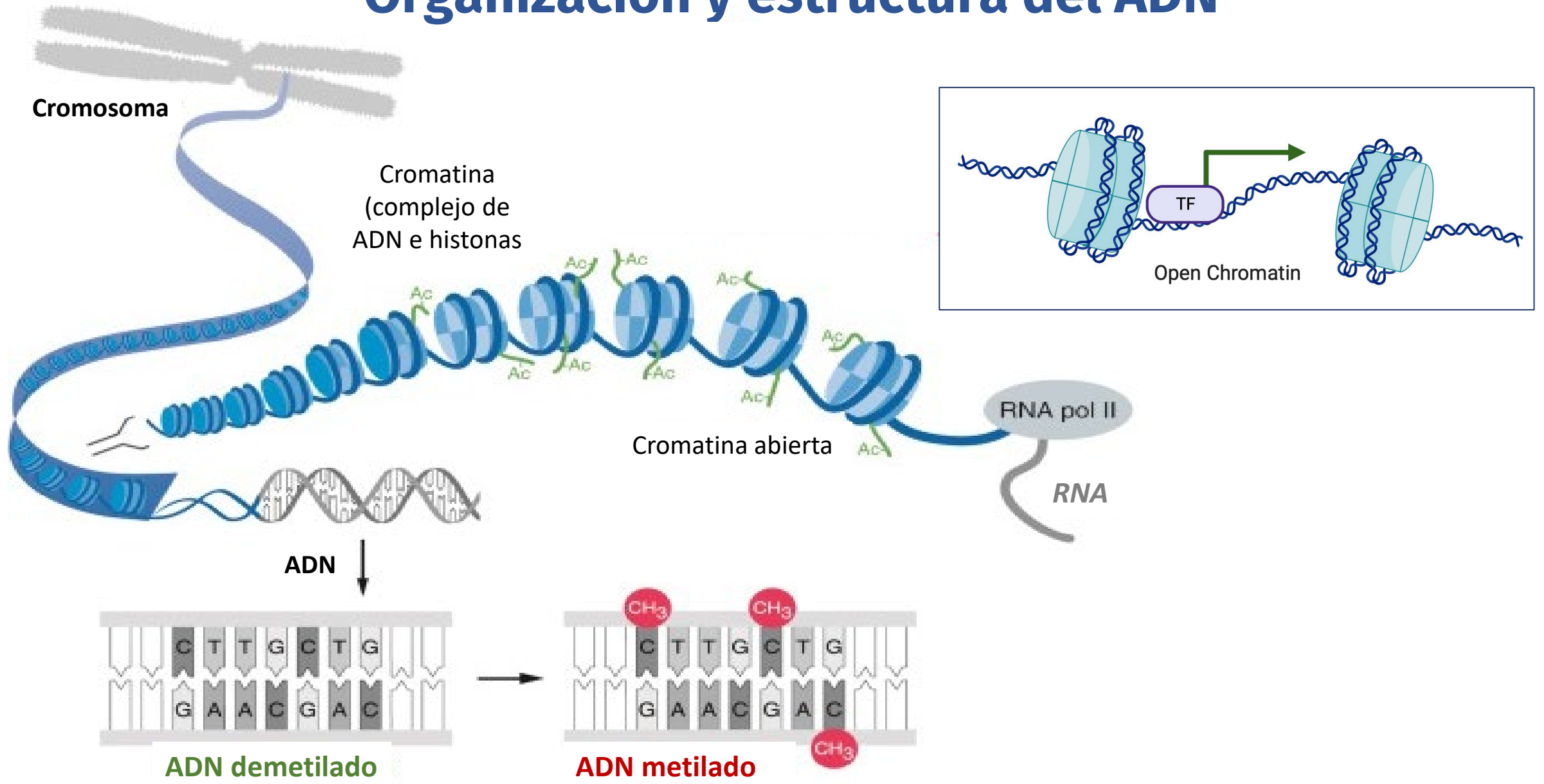
Organización y estructura del ADN



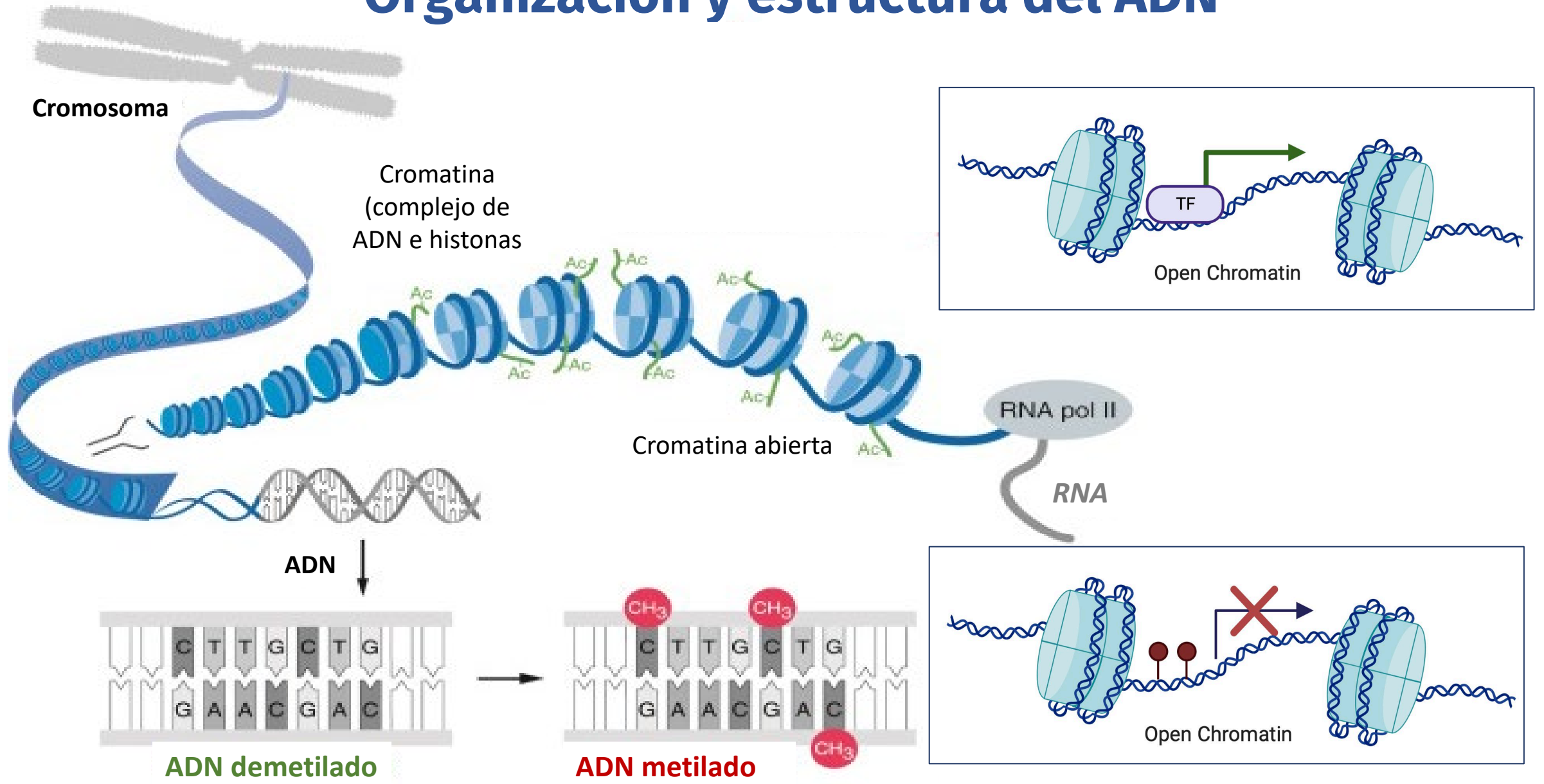
Organización y estructura del ADN



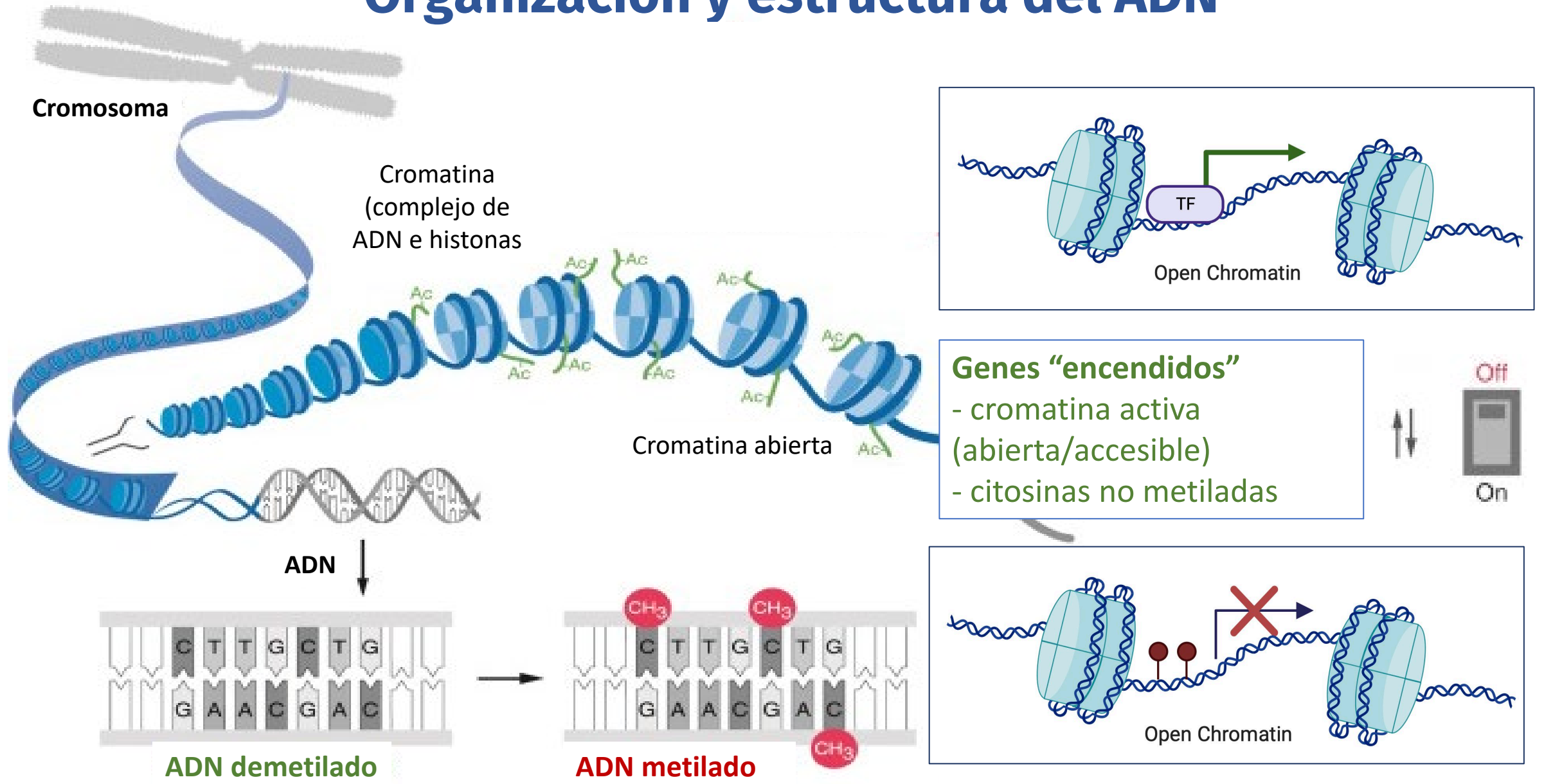
Organización y estructura del ADN



Organización y estructura del ADN



Organización y estructura del ADN



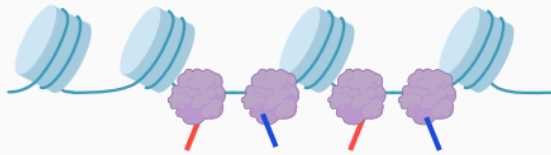
Técnicas ómicas

Técnicas ómicas

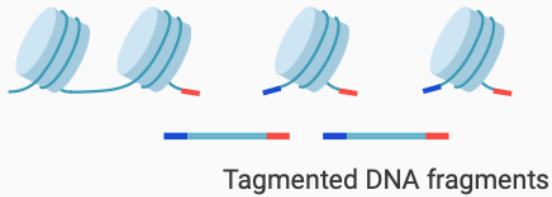
ATAC-seq

Conformación de cromatina

① Unión de Tn5 a cromatina abierta



② Fragmentación



③ Secuenciación y alineamiento

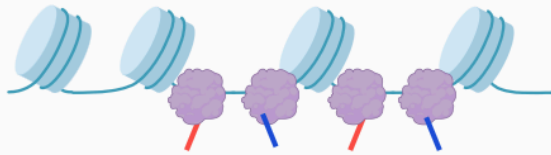


Técnicas ómicas

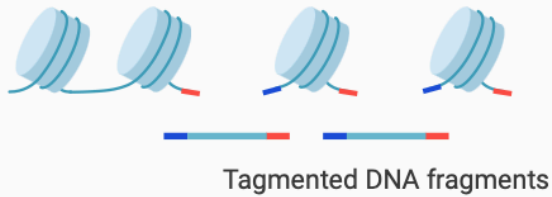
ATAC-seq

Conformación de cromatina

1 Unión de Tn5 a cromatina abierta



2 Fragmentación



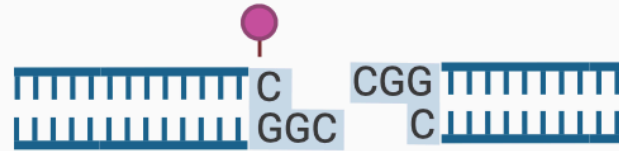
3 Secuenciación y alineamiento



RRBS-seq

Metilación del ADN

1 MspI Digestion



2 Conversión por bisulfito



3 Secuenciación y alineamiento

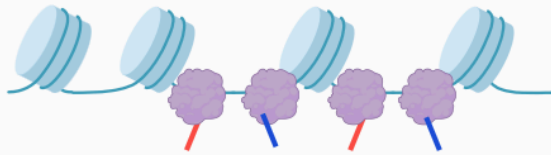


Técnicas ómicas

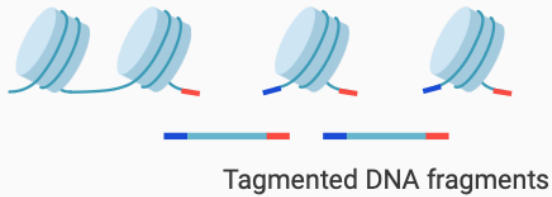
ATAC-seq

Conformación de cromatina

1 Unión de Tn5 a cromatina abierta



2 Fragmentación



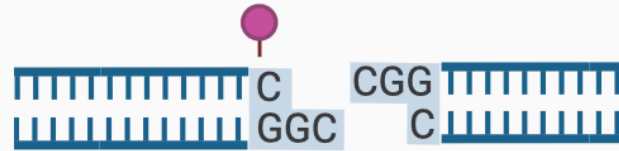
3 Secuenciación y alineamiento



RRBS-seq

Metilación del ADN

1 MspI Digestion



2 Conversión por bisulfito



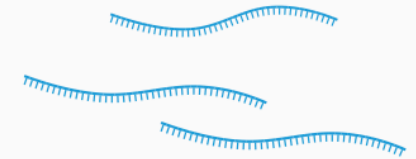
3 Secuenciación y alineamiento



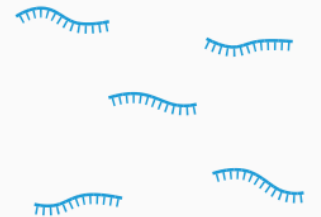
RNA-seq

Expresión génica

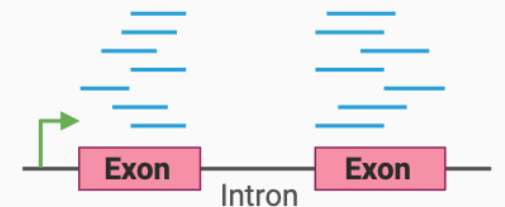
1 Extracción de ARNm



2 Fragmentación

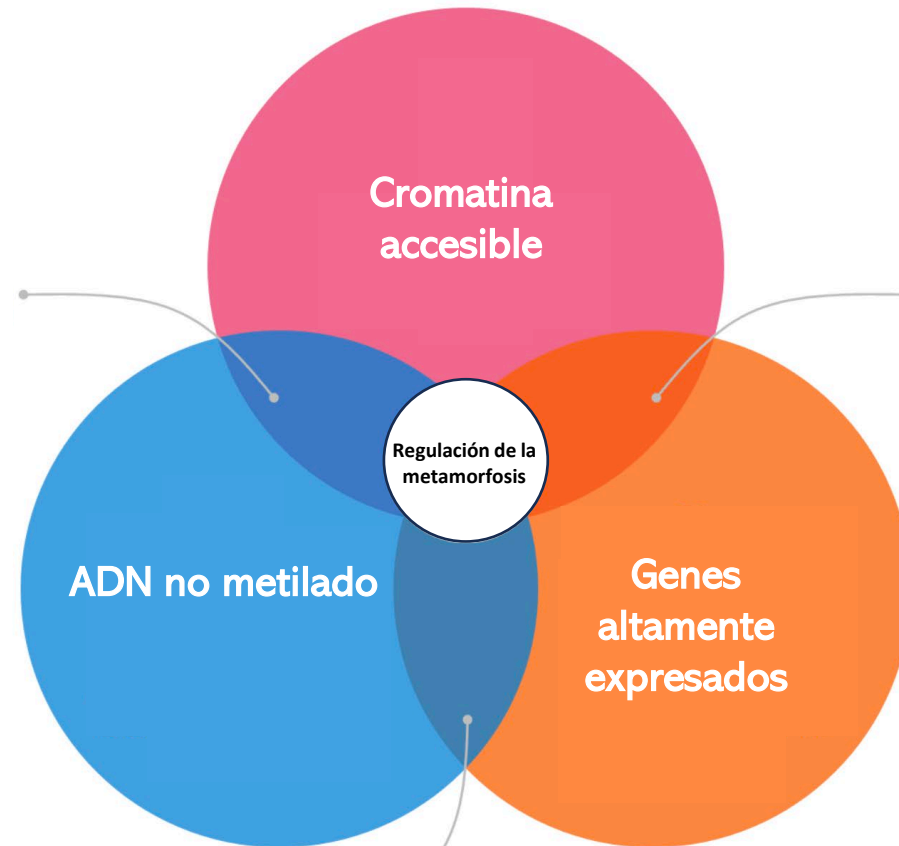


3 Secuenciación y alineamiento



Integración de las distintas ómicas

ADN ACTIVO
ADN accesible a factores de transcripción y por tanto susceptible de ser transcrito



Regulación por apertura de cromatina

Genes regulados mediante cambios en la conformación de la cromatina

Regulación por metilación
Genes regulados mediante metilación del ADN

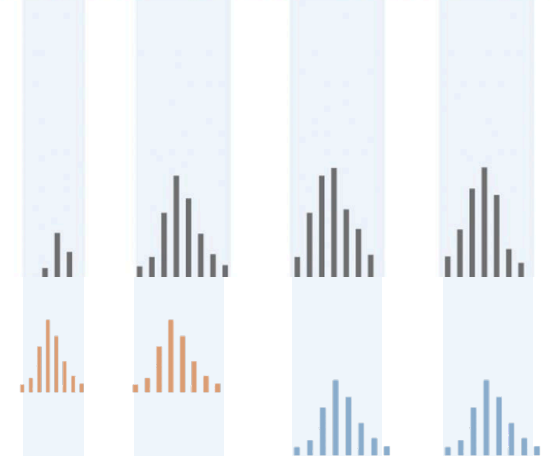
Mapa global del genoma de rodaballo durante la metamorfosis



Apertura cromatina

Metilación

Expresión génica



ACUABIOTEC LAB



Integración de datos multi-ómicos para la identificación de genes clave y rutas metabólicas involucradas en la metamorfosis de peces planos.

XORNADA USUARIOS INFRAESTRUTURA
CESGA 2023

Laura Guerrero Peña



INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS

