

Asignatura: Aplicaciones y Discusiones en Desarrollo Animal (2 ECTS)

Profesorado:

José Carlos Reyes (Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa – CSIC, UNIA)

José Antonio Guerrero Martínez (Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa – CSIC, UNIA)

Iván Gómez-Mestre (Estación Biológica de Doñana – CSIC, UNIA)

Christoph Liedtke (Estación Biológica de Doñana – CSIC, UNIA)

Unidades:

Taller 1 Jose Carlos Reyes y José Antonio Guerrero Martínez (1 semana - 8 horas):

- El epigenoma durante el desarrollo y la diferenciación en animales. Promotores y enhancers, elementos regulatorios del genoma. Dominios en la cromatina: aisladores, dominios asociados topológicamente (TADs) y otros compartimentos funcionales en el genoma. (2 horas)
- Técnicas computacionales para el estudio de promotores y enhancers: chromatin-RNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seq, DNase-seq, footprinting genómicos. (1 hora)
- Discusión y reproducción de los resultados de identificación de enhancers y promotores obtenidos a partir de datos de ATAC-seq y de ChIP-seq en el artículo: "TGFβ Promotes Widespread Enhancer Chromatin Opening and Operates on Genome Regulatory Domains". (Guerrero Martínez et al., Nature Communication. 11:6196, 2020) (5 horas).

Taller 2 Christoph Liedtke e Ivan Gómez Mestre (1 semana - 8 horas):

- Introducción y discusión de conceptos fundamentales en Eco-Evo-Devo: alteraciones en el desarrollo inducidas ambientalmente y su papel en evolución. (2 horas)
- Ensamblado y anotación de transcriptomas de novo en especies no modelo. [De Novo Assembly and Annotation of the Larval Transcriptome of Two Spadefoot Toads Widely Divergent in Developmental Rate. Liedtke HC, Garrido JG, Esteve-Codina A, Gut M, Alioto T, Gomez-Mestre I. G3 (Bethesda). 2019 Aug 8;9(8):2647-2655. doi: 10.1534/g3.119.400389.] (2 horas)
- Análisis de expresión génica diferencial (DEG) mediante RNA-Seq en respuesta a estímulos ambientales: mapeo sobre transcriptoma, normalización y cuantificación. Pathway enrichment analysis. (2 horas)
- Comparación de cambios en la expresión génica: análisis jerárquico y análisis de redes para identificación de módulos funcionales (Weighted Gene Co-expression Network Analysis, WGCNA). Comparación entre especies mediante identificación de genes ortólogos. [Cross-species transcriptomics uncovers genes underlying genetic accommodation of developmental plasticity in spadefoot toads. Liedtke HC, Harney E, Gomez-Mestre I. Mol Ecol. 2021 May;30(10):2220-2234. doi: 10.1111/mec.15883. Epub 2021 Apr 2. PMID: 33730392.] (2 horas).

Evaluación:

Se realizará según el trabajo diario y las sesiones prácticas.