

UNIDAD	IZTAPALAPA	DIVISION	CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD	1 / 4
NOMBRE DEL PLAN LICENCIATURA EN BIOLOGIA EXPERIMENTAL				
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE		CRED.	8
2342030	EPIGENETICA		TIPO	OPT.
H. TEOR. 4.0	SERIACION 112 CREDITOS		TRIM. V-XII	
H. PRAC. 0.0				

OBJETIVO (S) :

Objetivo General:

Que al final de la UEA el alumno sea capaz de:

Comprender el concepto de Epigenética y las implicaciones que tiene a nivel de la expresión genética, genómica, así como sus efectos en el cáncer y otras enfermedades.

Objetivos Específicos:

Que al final de la UEA el alumno sea capaz de:

- Describir el núcleo eucariótico y la estructura de la envoltura y matriz nucleares.
- Describir la estructura de la cromatina, las histonas y las modificaciones postraduccionales que sufren durante la vida de la célula.
- Relacionar y correlacionar los diferentes elementos y modificaciones químicas que controlan la expresión genética a nivel epigenético.
- Conocer los efectos que tienen las modificaciones epigenéticas en la enfermedad y el cáncer.

CONTENIDO SINTETICO:

1. Matriz Nuclear.
 - 1.1 Estructura.
 - 1.2 Regiones de Unión con la Matriz. (Matrix Attachment Regions) (MARs).
2. Estructura de la Cromatina.
 - 2.1 Nucleosomas.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344


EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342030

EPIGENETICA

2.2 Hebra de 11(cuentas), 30 (solenoides) y 300 nm.

2.3 Cromosoma.

2.4 Eucromatina y heterocromatina.

3. Histonas.

3.1 Histonas H2A, H2B, H3, H4.

3.2 Histona H1.

3.3 Variantes de Histonas.

3.4 Implicaciones fisiológicas de las variantes de histonas (H3.3, gH2AX, etc).

4. Modificaciones post-traduccionales de histonas.

4.1 Metilación, HM.

4.2 Acetilación, HAT, HDAC, Sirtuinas.

4.3 Fosforilación.

4.4 Ubiquitinación.

4.5 Sumoilación.

4.6 Código de histonas.

5. Regulación génica.

5.1 Elementos de unión (boundary elements).

5.2 Aislantes (insulators) y amplificadores o potenciadores (enhancers).

5.3 Territorios cromosómicos.

5.4 Fábricas de transcripción.

6. Metilación en el DNA.

6.1 Mecanismo de metilación (DNMT). De novo, de continuidad.

6.2 Variegación.

6.3 Silenciamiento.

6.4 Impronta génica.

7. Alteraciones epigenéticas.

7.1 Enfermedades.

7.2 Cáncer.

MODALIDADES DE CONDUCCION DEL PROCESO DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

Exposición de los conceptos básicos por parte del profesor y la participación activa de los alumnos en el proceso de enseñanza-aprendizaje. Para lograr la metas se utilizará material didáctico: ilustraciones, diaporamas, audiovisuales, artículos originales y de revisión, mapas conceptuales etc. Se propiciará la participación activa del alumno en la adquisición del



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342030

EPIGENETICA

conocimiento mediante lectura de artículos originales, la resolución de casos y problemas, seminarios y de preguntas intercaladas y de reflexión, entre otras.

Se promoverá la integración y transferencia de los conocimientos teóricos y prácticos, y su relación aspectos sociales y ambientales.

Se fomentará que el alumno desarrolle actitudes críticas, analíticas y creativas, así como la capacidad de comunicación oral y escrita de los conocimientos del curso.

MODALIDADES DE EVALUACION:**Evaluación Global:**

Se realizará una evaluación del proceso de enseñanza-aprendizaje mediante: Una evaluación continua del proceso de enseñanza-aprendizaje, pudiendo utilizar matrices de valoración entre otras herramientas de evaluación. Al menos dos evaluaciones periódicas utilizando pruebas objetivas y de ensayo, que evalúen la adquisición, comprensión, análisis, aplicación, el grado de profundización de los conceptos y la capacidad de síntesis y jerarquía de los conocimientos.

Los factores de ponderación para cada actividad serán definidos a juicio del profesor y se darán a conocer a los alumnos al inicio del curso.

Evaluación de Recuperación:

Se realizará una evaluación del temario, que incluirá los conocimientos teóricos adquiridos durante el curso, y a juicio del profesor podrá ser global o complementaria.

BIBLIOGRAFIA NECESARIA O RECOMENDABLE:**Necesaria:**

1. Baylin S.B. 2005. DNA methylation and gene silencing in cancer. Nature. 2: S4-S11.
2. Bjornsson HT. Fallin MD. Feinberg AP. 2004. An integrated epigenetic and genetic approach to common human disease TRENDS in Genetics 20: 350-358.
3. Capelson M. Corces V.G. 2004. Boundary elements and nuclear organization. Biol. Of the Cell. 96: 6617-629.
4. Cosgrove MS. Wolberger C. 2005. How does the histone code work? Biochem. Cell Biol. 83: 468-476.

**UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA**APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344
EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342030

EPIGENETICA

5. Cui H. Onyango P. Brandenburg S. Wu Y. Hsieh CL. Feinberg AP. 2002. Loss of imprinting in Colorectal Cancer Linked to Hypomethylation of H19 and IGF21. Can Res. 62: 6442-6446.
6. Feinberg AP. Ohlsson R. Henikoff S. 2006. The epigenetic progenitor origin of human cancer Nature genetics.7: 21-33.
7. Gill G. 2005. Something about SUMO inhibits transcription. Current Opinion in Genetics & Development, 15:536-541.
8. Henikoff S. Furuyama T. Ahmad K. 2004. Histone variants, nucleosome assembly and epigenetic inheritance. Trends Gen. 20(7): 320-326.
9. Jenuwein T. Allis CD. 2001. Translating the Histone Code. Science. 293: 1074-1080.
10. Jones R.N. 2005. McClintock's controlling elements: the full story. Cytogenet Genome Res 109:90-103.
11. Marino-Ramirez L et al. 2005. Histone structure and nucleosome stability. Expert Rev Proteomics. 2 (5). 719-729.
12. Maya-Mendoza, A. et al. 2005. Natural ageing in the rat liver correlates with progressive stabilization of DNA-nuclear matrix interactions and withdrawal of genes from the nuclear substructure. Mech Aging Dev. 126: 767- 782.

Recomendable:

Artículos:

- Osborne CS. Chacolova L. Brown KE. Carter D. Horton A. Debrand E. Goyenchea B. Mitchell JA. Lopes S. Reik W. Fraser P. 2004. Active genes dynamically colocalize to shared sites of ongoing transcription. Nature genetics. 36: 1065- 1071.
- Rama-Haritha P. Purnima B. 2005. Histones in functional diversification. Core histone variants. FEBS J. 272: 5149-5168.
- Recillas-Targa F. Escamilla M. 2004. Participación de la estructura de la cromatina en la regulación de la expresión génica. En : El mensaje Bioquímico. Vol XXVIII. Depto. De Bioquímica. Fac. Medicina UNAM. 173-199.
- Tsutsui KM et al. 2005. Dynamic View of the Nuclear Matrix. Acta. Med. Okay. 59: 113-120.
- Wilkins JF. 2005. Genomic imprinting and methylation: epigenetic canalization and conflict. TRENDS Gen. 21 (6): 256-265.
- Yuan J. Luo RZ. Fujii S. Wang L. Hu W. Andreeff M. Pan M. Kadota M. Oshimura M. Sahin A.A. Issa JP. Bast JC. Yu YJ. 2003. Aberrant Methylation and Silencing of ARHI, an Imprinted Tumor Suppressor Gene in which the Function Is Lost in Breast Cancer. Can. Res. 63: 4174-4180.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344


EL SECRETARIO DEL COLEGIO