

Aspectos generales

Título:	Elementos regulatorios del genoma
Semestre:	2025-2
Sede:	Auditorio 2 del Edificio de Neurociencias del Instituto de Fisiología Celular.
Horario:	Viernes de 9:00 a 13:00 horas
No. sesiones:	16
Duración de la sesión:	4.00
Cupo total:	20
Observaciones:	El curso o tópico selecto está dirigido a estudiantes de posgrado con conocimientos generales de Biología Celular y Molecular.

Tutor responsable

Nombre:	SYLVIA PATRICIA GARZA MANERO
Entidad:	Instituto de Fisiología Celular
Email:	sgarza@ifc.unam.mx
Teléfono:	5556225674

Métodos de evaluación

MÉTODO	CANTIDAD	PORCENTAJE
Participación en clase	16	70%
Proyecto final	1	30%

Integrantes

INTEGRANTE	ROL	HORAS	ACTIVIDAD COMPLEMENTARIA
SYLVIA PATRICIA GARZA MANERO	Responsable	24.00	
KARINA YARENI CRUZ MONTOYA	Coordinador estudiante (Registrado)	20.00	Si
XIMENA LIZETTE MARTÍNEZ CORONEL	Coordinador estudiante (Registrado)	20.00	Si
		64/64	

Introducción

El genoma constituye un instructivo para la morfología y el funcionamiento celular. Toda la información necesaria para generar un organismo completo está almacenada en la secuencia de DNA. Sin embargo, esta secuencia representa un código que tiene que ser leído, interpretado y traducido para generar productos funcionales, como las proteínas y los RNAs no codificantes. Si bien el Dogma Central de la Biología Molecular establece que la información fluye desde los ácidos nucleicos hacia las proteínas, la fracción codificante del genoma humano, por ejemplo, se estima entre el 1-2%. El 98% restante no es DNA basura, sino que instruye a las células en la regulación de la expresión de genes, así como en la estructuración tridimensional del genoma dentro del núcleo celular.

El curso se divide en 6 bloques temáticos. En el bloque 1, se introduce la composición, la estructura y las principales funciones del genoma y las proteínas asociadas. En los bloques 2-6, se estudia a detalle las características, mecanismos de acción y particularidades de los promotores (*promoters*), potenciadores (*enhancers*), elementos de barrera (*insulators*) y silenciadores (*silencers*), respectivamente. Además, se realiza un ejercicio integrativo de análisis de datos genómicos y epigenómicos. Finalmente, en el bloque 7, se aborda la temática emergente de las secuencias repetidas de origen viral, que constituyen alrededor del 54% del genoma humano, y que han demostrado tener funciones importantes para la topología del genoma y la expresión de genes.

Objetivos

- Comprender la composición, estructura y función del genoma eucarionte.
- Identificar las características principales de las diferentes secuencias regulatorias del genoma.
- Estudiar los mecanismos de acción de los elementos regulatorios y su relación con los cambios transcripcionales y topológicos.
- Discutir artículos científicos relevantes y de actualidad, relacionados con los temas del curso.

Temario

1. **Introducción del genoma eucarionte** (2 sesiones)
 1. Composición del genoma: conceptos de gen, exón, intrón, región codificante, no codificante, secuencias intergénicas, secuencias repetidas.
 2. Estructura del genoma: cromatina, metilación del ADN y marcas/variantes de histonas.
 3. Elementos regulatorios de la expresión génica en *cis* y *trans*.
 4. Factores de transcripción: generales, pioneros y tejido-específicos.
2. **Promotores** (2 sesiones)
 1. Características generales de los promotores.
 2. Promotores alternativos.
3. **Potenciadores (*enhancers*)** (3 sesiones)
 1. Características generales de los *enhancers*.
 2. Modelos de acción de los *enhancers*.
 3. Regulación transcripcional tejido-específica.
 4. LCR: Región de control del locus y *superenhancers*.
 5. Hipótesis unificadora de los cREs.
4. **Elementos de barrera (*insulators*)** (2 sesiones)
 1. Características clásicas de los *insulators*.
 2. Estructura tridimensional de la cromatina.
 3. Proteínas arquitectónicas.
5. **Análisis de datos genómicos y epigenómicos** (2 sesiones)
6. **Silenciadores** (2 sesiones)
 1. Características generales y mecanismos de acción de los silenciadores.
 2. Grupo polycomb y estructura tridimensional de la cromatina.
7. **Secuencias repetidas** (2 sesiones)
 1. Características generales, representación en los genomas eucariontes y clasificación de las secuencias repetidas.
 2. Relevancia evolutiva. Ejemplos específicos de regulación transcripcional y topológica por secuencias repetidas.
8. **Presentaciones de los proyectos finales** (1 sesión)

Bibliografía

- Amaral, P., Carbonell-Sala, S., De La Vega, F.M. *et al.* The status of the human gene catalogue. *Nature* **622**, 41–47 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06490-x>
- Isbel, L., Grand, R.S. & Schübeler, D. Generating specificity in genome regulation through transcription factor sensitivity to chromatin. *Nat Rev Genet* **23**, 728–740 (2022).
- Gregory Andrews *et al.* Mammalian evolution of human cis-regulatory elements and transcription factor binding sites. *Science*. **380**, eabn7930 (2023). DOI:10.1126/science.abn7930.
- Kim, Seungsoo *et al.* Deciphering the multi-scale, quantitative cis-regulatory code. *Molecular Cell*, **83:3**, 373 – 392 (2023). <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2022.12.032>
- Andersson, R., Sandelin, A. Determinants of enhancer and promoter activities of regulatory elements. *Nat Rev Genet* **21**, 71–87 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41576-019-0173-8>.
- Adam C. Bell *et al.* Insulators and Boundaries: Versatile Regulatory Elements in the Eukaryotic Genome. *Science* **291**, 447-450 (2001). DOI:10.1126/science.291.5503.447
- Pang, B., van Weerd, J.H., Hamoen, F.L. *et al.* Identification of non-coding silencer elements and their regulation of gene expression. *Nat Rev Mol Cell Biol* **24**, 383–395 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41580-022-00549-9>
- Lawson, H.A., Liang, Y. & Wang, T. Transposable elements in mammalian chromatin organization. *Nat Rev Genet* **24**, 712–723 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41576-023-00609-6>
- Fueyo, R., Judd, J., Feschotte, C. *et al.* Roles of transposable elements in the regulation of mammalian transcription. *Nat Rev Mol Cell Biol* **23**, 481–497 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41580-022-00457-y>