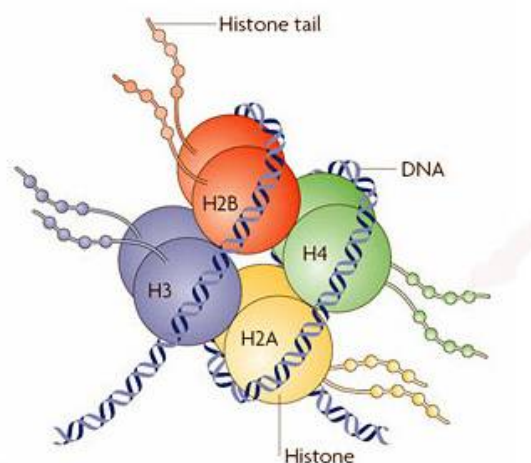


Entender el origen molecular de las marcas epigenéticas

Un grupo de científicos ha descubierto el mecanismo molecular por el que marcas epigenéticas influyen en la expresión de genes. El estudio, publicado en el *Journal of the American Chemical Society*, "es la primera explicación mecanística a nivel atómico de un efecto epigenético, uno de los más importantes, que conecta una modificación epigenética y el efecto fenotípico".

IRB Barcelona

29/7/2015 09:35 CEST



Estructura de un nucleosoma. / FreeStockImages

Investigadores del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), la Universidad de Cambridge y la Universidad de Nueva York, liderados por Modesto Orozco, jefe de grupo del IRB Barcelona, director de Ciencias de la Vida del Barcelona Supercomputing Center (BSC -CNS) y catedrático de la Universidad de Barcelona (UB), han conseguido aclarar la mecánica de una de las modificaciones epigenéticas más habituales: la acetilación de las colas de histonas.

Las acetilaciones son uno de los mecanismos que la célula tiene para controlar la expresión de genes. El estudio que publica el *Journal of the American Chemical Society* (JACS) revela el impacto de las acetilaciones de lisina en las colas de histonas.

"Las acetilaciones más relevantes pasan en unas de las partes más misteriosas del nucleosoma: las colas de histonas", explica Orozco. "Las colas de histonas son fragmentos de proteínas sin mucha estructura, es decir, no están plegadas en condiciones normales, y esto hace posible que al moverse lleguen a tocar a otros nucleosomas, incrementando la compactación de la cromatina", añade.

Las acetilaciones son uno de los mecanismos que la célula tiene para controlar la expresión de genes

Los nucleosomas son las estructuras que constituyen las unidades fundamentales y esenciales de la cromatina, que es la forma de organización del ADN con las histonas en las células eucariotas.

Utilizando técnicas de simulación y de resonancia magnética nuclear, los investigadores han visto que las colas de histona que tienen acetilaciones de lisina adquieren una cierta estructura.

"Al recogerse en esta estructura pierden longitud y dejan de poder tocar otros nucleosomas; como resultado contactos internucleosomales que condensaban la cromatina no modificada, no se forman, lo que produce un ADN más accesible a proteínas efectoras y por tanto más active", describe el investigador.

"Es la primera explicación mecanística a nivel atómico de un efecto epigenético, uno de los más importantes, que conecta una modificación epigenética y el efecto fenotípico", asegura Orozco. "Mi impresión es que probablemente en otras modificaciones epigenéticas habrá una explicación similar; habrá un mecanismo muy básico que explique el efecto que tiene sobre la estructura génica y la expresión génica", concluye.

Referencia bibliográfica:

Colleparado-Guevara R, Portella G, Vendruscolo M, Frenkel D, Schlick T, Orozco M. Chromatin unfolding by epigenetic modifications explained

by dramatic impairment of internucleosome interactions: a multiscale computational study. *J Am Chem Soc.* (2015 Jul 20). PMID: [26192632](#)

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

COLAS DE HISTONA | ACETILACIÓN DE LISINA | HISTONAS | CROMATINA |
EPIGENÉTICA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)