

1. Nombre de la materia:	
Descifrando el código epigenético: genómica funcional y análisis bioinformático de datos ómicos.	
2. Docente responsable:	
Nombre y Apellido: Alejandro Villarreal Máximo título alcanzado: Doctorado Correo electrónico: avillarreal@itba.edu.ar	
3. Equipo docente:	
Dra. Betina González (Dpto Investigación, CO-RESPONSABLE)	
4. Fechas:	
Inicio: 06/10/2026	Finalización: 13/11/2026
5. Lugar de cursada:	
Sede Rectorado – Modalidad: Híbrida (virtuales para estudiantes del interior y presenciales para estudiantes con lugar de trabajo en AMBA).	
6. Días y horarios de cursada:	
Martes y Viernes de 10-14hs.	
7. Presentación de la materia:	
La regulación epigenética constituye uno de los principales mecanismos mediante los cuales las células adquieren, mantienen y modifican su identidad y función. A través de modificaciones químicas sobre el ADN y las proteínas asociadas a la cromatina, las células integran señales de su microambiente y programas intrínsecos que permiten controlar la expresión génica de manera dinámica y específica. Entre estos mecanismos, la metilación del ADN y las modificaciones postraduccionales de histonas desempeñan un papel central en la organización y funcionamiento del denominado “código epigenético”, entendido como un sistema complejo de señales que regula la accesibilidad de la cromatina y la actividad transcripcional. Este curso de doctorado propone una aproximación teórico-práctica orientada a comprender los principios fundamentales que gobiernan la regulación epigenética y la interpretación funcional de la información epigenómica. Se abordarán los mecanismos responsables de la escritura, lectura y remoción de marcas epigenéticas, así como las interacciones entre diferentes niveles regulatorios que participan en el establecimiento de estados celulares específicos. El curso incluirá conceptos asociados a la organización de la cromatina, la dinámica de modificaciones epigenéticas y la integración funcional entre regulación epigenética y expresión génica. Además de los aspectos conceptuales, el curso incorporará una fuerte componente práctica destinada al análisis e interpretación de datos derivados de tecnologías de secuenciación masiva ampliamente utilizadas en investigación biomédica y biología molecular. Los participantes realizarán actividades hands-on utilizando herramientas bioinformáticas para el procesamiento y análisis de datasets de ChIP-seq, ATAC-seq y RNA-seq, promoviendo la comprensión de estrategias experimentales y el desarrollo de capacidades para interpretar resultados genómicos y epigenómicos. Complementariamente, se trabajará en la lectura crítica y discusión de artículos científicos seleccionados, con énfasis en el análisis experimental, la interpretación de resultados y la formulación de hipótesis. Los contenidos del curso serán contextualizados dentro de diferentes procesos biológicos y fisiopatológicos en los cuales la regulación epigenética desempeña un papel determinante. Se discutirán ejemplos asociados al desarrollo y diferenciación celular, plasticidad neuronal, memoria, aprendizaje, conducta y	



adicción, así como procesos patológicos en los que alteraciones epigenéticas contribuyen a la aparición y progresión de enfermedades. Particularmente, se analizarán ejemplos provenientes de enfermedades neurodegenerativas y otras patologías complejas, utilizando estos casos como modelos para comprender cómo modificaciones en programas epigenéticos pueden impactar la función celular y tisular. En conjunto, el curso busca proporcionar una visión integradora que permita conectar mecanismos moleculares básicos con el análisis e interpretación de datos experimentales y su aplicación a preguntas biológicas y biomédicas contemporáneas.

8. Requisitos de admisibilidad:

El curso tendrá contenido profundo de biología molecular y análisis de datos. Se recomienda tener previo conocimiento del flujo de información genética (replicación, transcripción, traducción), y biología celular en general, como también conocimientos estadísticos básicos. Para los trabajos prácticos se utilizarán los softwares R y RStudio (ejecución de scripts, instalación de paquetes, importación de tablas y manejo básico del entorno). Se brindará material de preparación para el curso en forma de manual y/o video tutorial para estudiantes que no estén familiarizados con R. También se brindarán tutoriales de biología molecular y celular básica para que los estudiantes pueden mirar de manera asincrónica.

9. Duración en hs.

Horas teóricas: 24
Horas prácticas: 24
Horas totales: 48

10. Idioma del dictado:

Castellano.

11. ¿Podría dictarse una versión en idioma inglés?:

Sí.

12. Objetivos de aprendizaje:

- 1- Obtener un conocimiento profundo sobre cómo la metilación del ADN y la modificación postraduccional de histonas impactan sobre la expresión génica y el fenotipo celular.
- 2- Aprender a interpretar resultados obtenidos mediante distintos tipos de ensayos, incluyendo análisis a nivel genómico.
- 3- Dominar herramientas básicas de bioinformática para el procesamiento de datos asociados a ensayos de estudios epigenéticos (RNAseq, CHIP-Seq, ATAC-seq, etc).
- 4- Aprender un flujo de trabajo completo que después puedan aplicar a cualquier tecnología ómica y pregunta biológica de interés.

13. Contenidos:

Unidad 1: Introducción a conceptos de regulación génica y epigenética
Regulación epigenética de la transcripción
Impacto local y global de cambios epigenéticos sobre la cromatina
Introducción a técnicas para estudio de expresión génica
HandsON: Procesamiento de FASTQ y RNA-seq
Unidad 2: Metilación del ADN
Mecanismos de metilación e impacto sobre la expresión génica

Técnicas de estudio HandsON: RRBS / methylation arrays Unidad 3: Estado de la cromatina / Modificación postraduccion de histonas Variantes, combinaciones e impacto sobre la expresión génica Técnicas de estudio HandsON: ATAC-seq y ChIP-seq Unidad 4: interpretación global de mecanismos epigenéticos Combinatoria de diferentes mecanismos epigenéticos y su impacto sobre la cromatina Ensayos de célula única Epigenética y expresión génica con resolución espacial (spatial genomics) HandsON: single cell RNA-seq, integración de resultados
14. Trabajo de laboratorio:
El curso no contempla trabajo de laboratorio
15. Metodología de enseñanza:
Las actividades prácticas ocupan un 50% de la materia y están destinadas al manejo de herramientas informáticas para el análisis de datos en estudios genómicos a gran escala.
16. Bibliografía obligatoria:
Los artículos de la b. obligatoria puede ir variando según la edición de la materia dado que se trata de los artículos de más actualidad a debatir en clase. Entre ellos se destacan: Lee, H.-G., Rone, J. M., Li, Z., Faust Akl, C., Shin, S. W., Lee, J.-H., Flausino, L. E., Pernin, F., Chao, C.-C., Kleemann, K. L., Srun, L., Illouz, T., Giovannoni, F., Charabati, M., Sanmarco, L. M., Kenison, J. E., Piester, G., Zandee, S. E. J., Antel, J. P., ... Quintana, F. J. (2024). Disease-associated astrocyte epigenetic memory promotes CNS pathology. <i>Nature</i>, 627(8005), 865–872. https://doi.org/10.1038/s41586-024-07187-5
17. Bibliografía complementaria:
Allis, C. D., Jenuwein, T., & Reinberg, D. (2015). <i>Epigenetics</i> (2nd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
18. Recursos didácticos para la enseñanza:
Clases expositivas con soporte multimedia: Clase invertida (lectura previa a la clase), Mapas conceptuales colaborativos, Análisis y debate grupal (y guiado) de figuras y datos de papers, "Preguntas provocadoras", Estudios de caso, Construcción grupal de esquemas y modelos en clase, cuestionarios virtuales/asincrónicos para repaso de la clase y posterior puesta en común. Lectura y discusión de papers científicos seleccionados. Simuladores y herramientas bioinformáticas. Estudios de caso clínico-translacionales. Plataforma virtual de apoyo (Blackboard, foros, etc), discusión en foros
19. Modalidad de evaluación:
Examen integrador teórico (interpretación de resultados, diseños experimentales etc). Presentación de TPs.
20. Requisitos de aprobación:
Asistir a un 80% de las clases. Realizar y aprobar todas las entregas solicitadas. Aprobar el examen integrador.