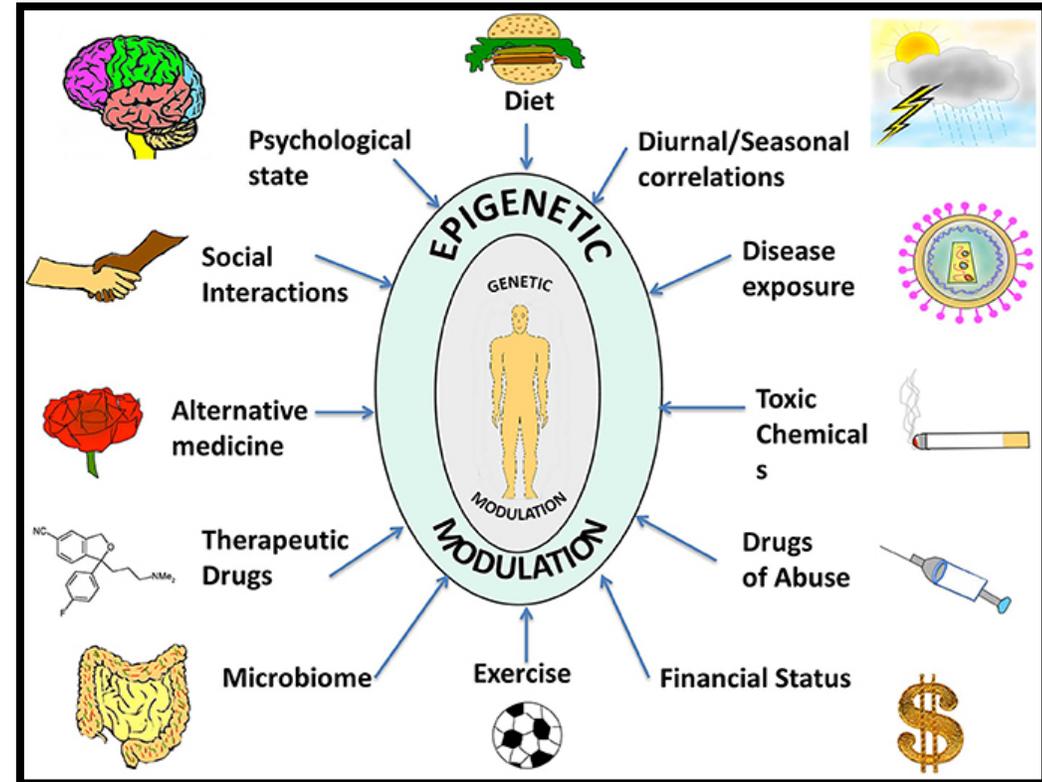


Homeopatía y Epigenética

Niurka Meneses Moreno

Epigenética

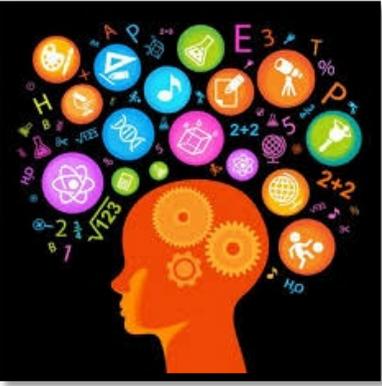
La **epigenética** (del griego *epi*, en o sobre, *-genética*) se define como el estudio de los mecanismos que regulan la expresión de los genes sin una modificación en la secuencia del ADN. Establece la relación entre las influencias genéticas y ambientales que determinan un fenotipo.



Kaminker, P. 2007. Epigenetics: the science of heritable biological adaptation Arch Argent Pediatr. 105(6): 529-531

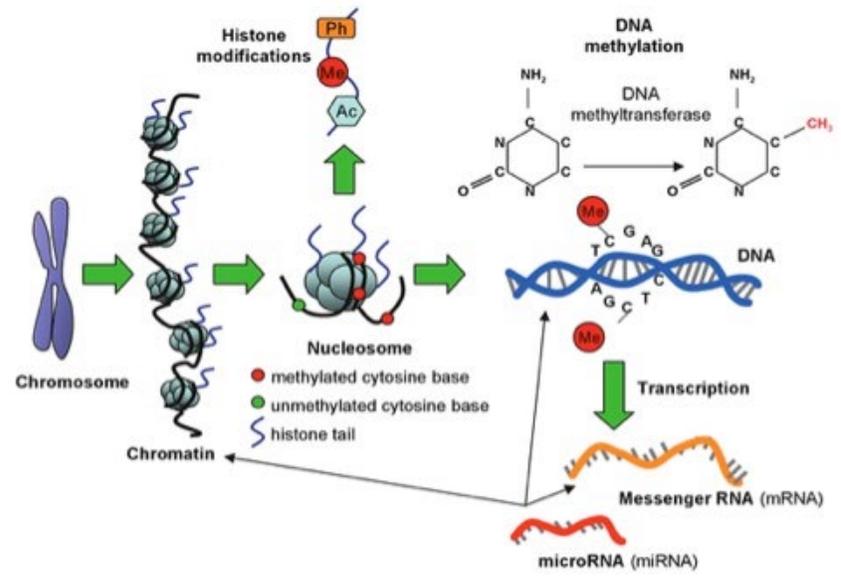
Epigenética

Creencias



Bruce Harold Lipton, 2005 *The Biology of Belief – Unleashing the Power of Consciousness, Matter & Miracles*

Figure 1. Epigenetic modifications.

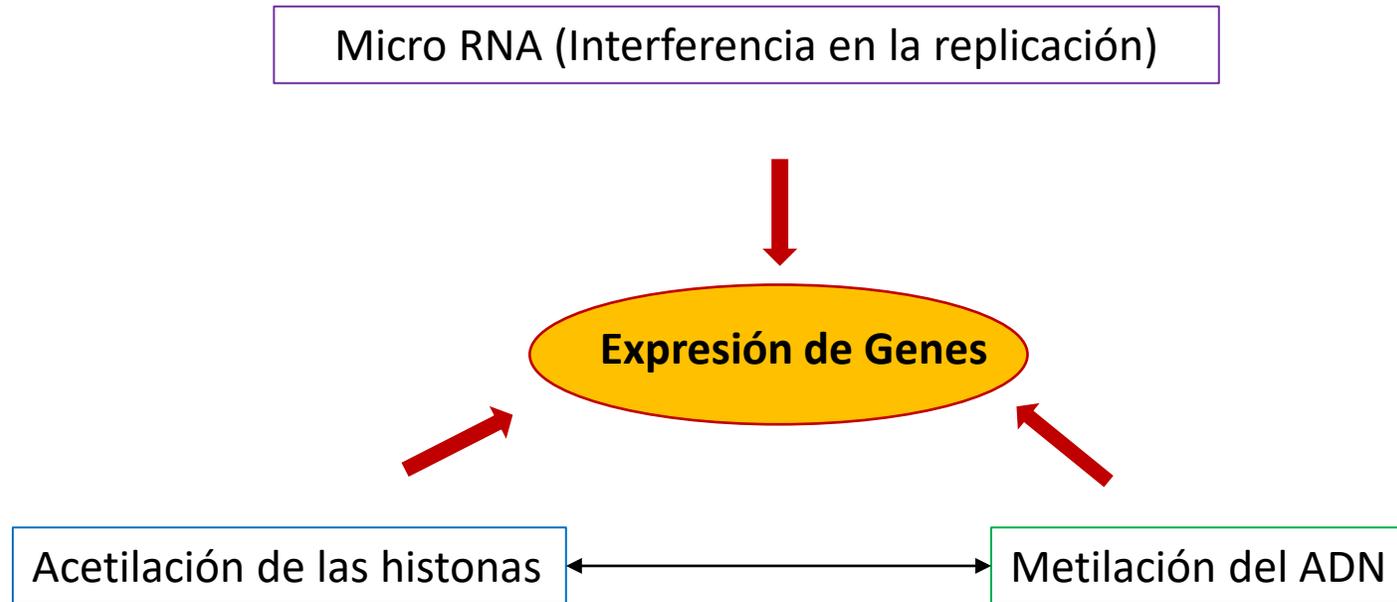


Relton CL, Davey Smith G (2010) Epigenetic Epidemiology of Common Complex Disease: Prospects for Prediction, Prevention, and Treatment. *PLoS Med* 7(10): e1000356. doi:10.1371/journal.pmed.1000356
<http://www.plosmedicine.org/article/info:doi/10.1371/journal.pmed.1000356>

Epigenética



Mecanismos epigenéticos



OMICAS

Puede hacer



ADN

transcripción

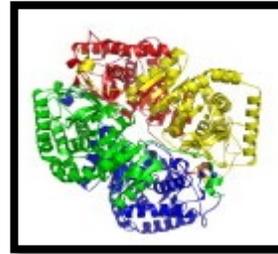
Planea hacer



ARN

traducción

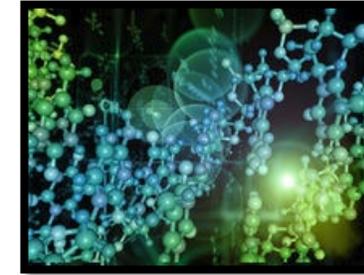
Lo que está haciendo



Proteínas

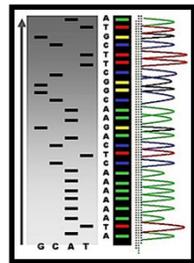
Traducción de señales

Lo que se hizo

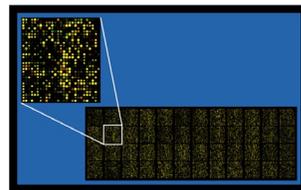


Metabolitos

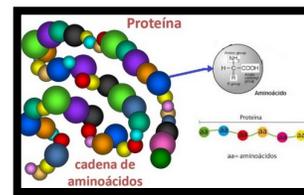
Genómica



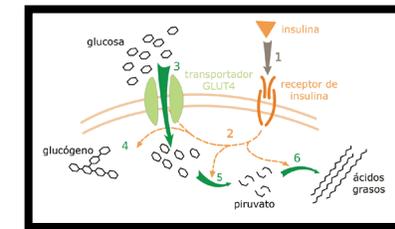
Transcriptómica



Proteómica

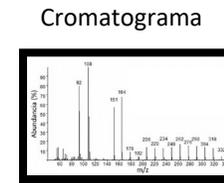
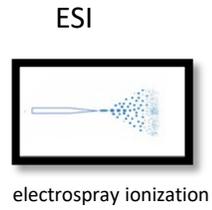
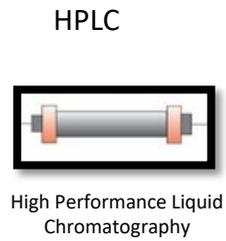
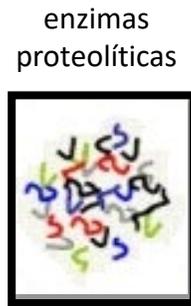
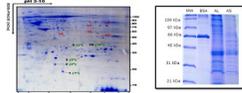
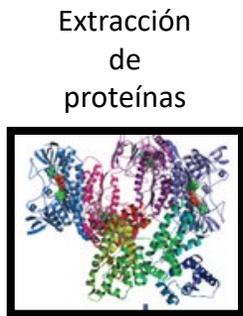
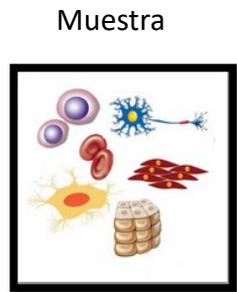


Metabolómica

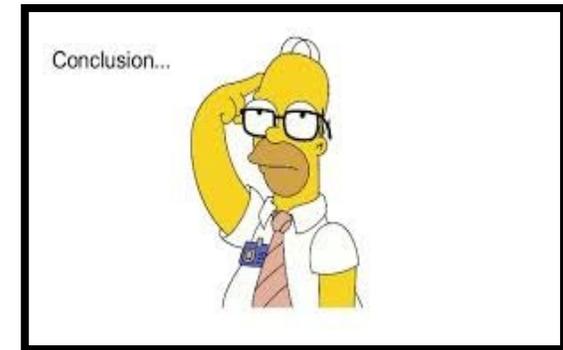
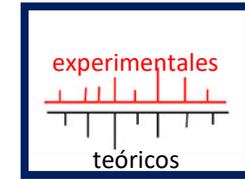


Davis, Bennett (April 2005). "Growing pains for metabolomics". *The Scientist*. **19** (8): 25–28.

Proteómica



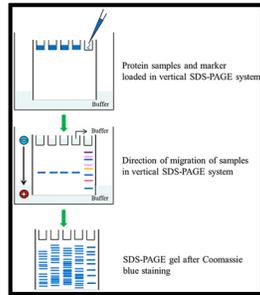
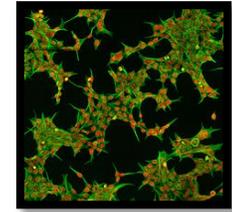
Análisis de datos



Estudio de la acción de tres medicamentos homeopáticos en células embrionarias de riñón humano 293 (HEK 293), mediante Proteómica

MATERIALES Y MÉTODOS

Cultivo celular : embrionarias de riñón humano 293 (HEK 293)



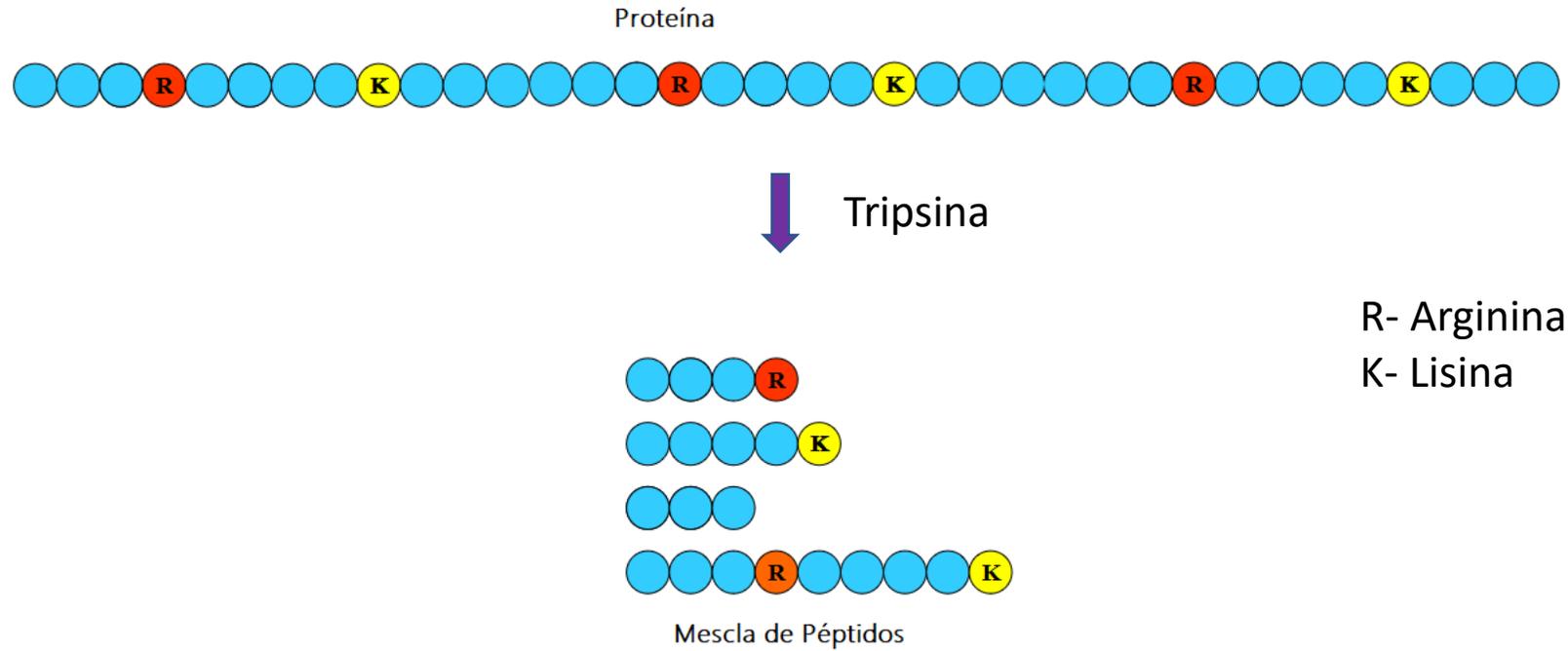
Electroforesis de Poliacrilamida: SDS-PAGE

Enzima: **Tripsina**

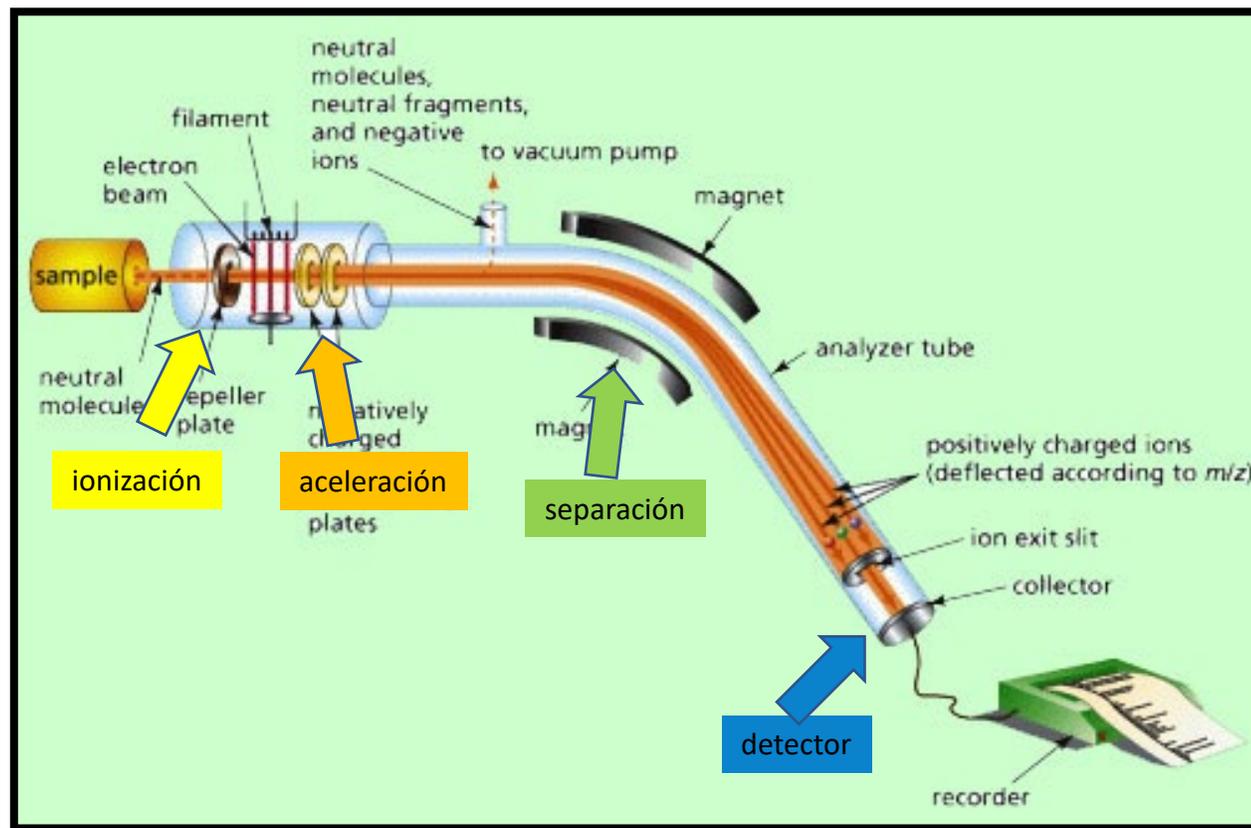
La **tripsina** es una enzima peptidasa, que rompe los enlaces peptídicos de las proteínas mediante hidrólisis para formar péptidos de menor tamaño y aminoácidos. Es una enzima específica ya que hidroliza al péptido en las posiciones del carboxilo de residuos **Arginina** (Arg-R) o **Lisina** (Lys-K) en la cadena, ambos aminoácidos con grupos R cargados positivamente, fragmentando al péptido inicial.

Medicamentos homeopáticos: *Apis mellifica* 30 CH, *Lycopodium clavatum* 30CH, *Magnesia phosphorica* 30 CH

Formación de péptidos, mediante enzimas proteolíticas

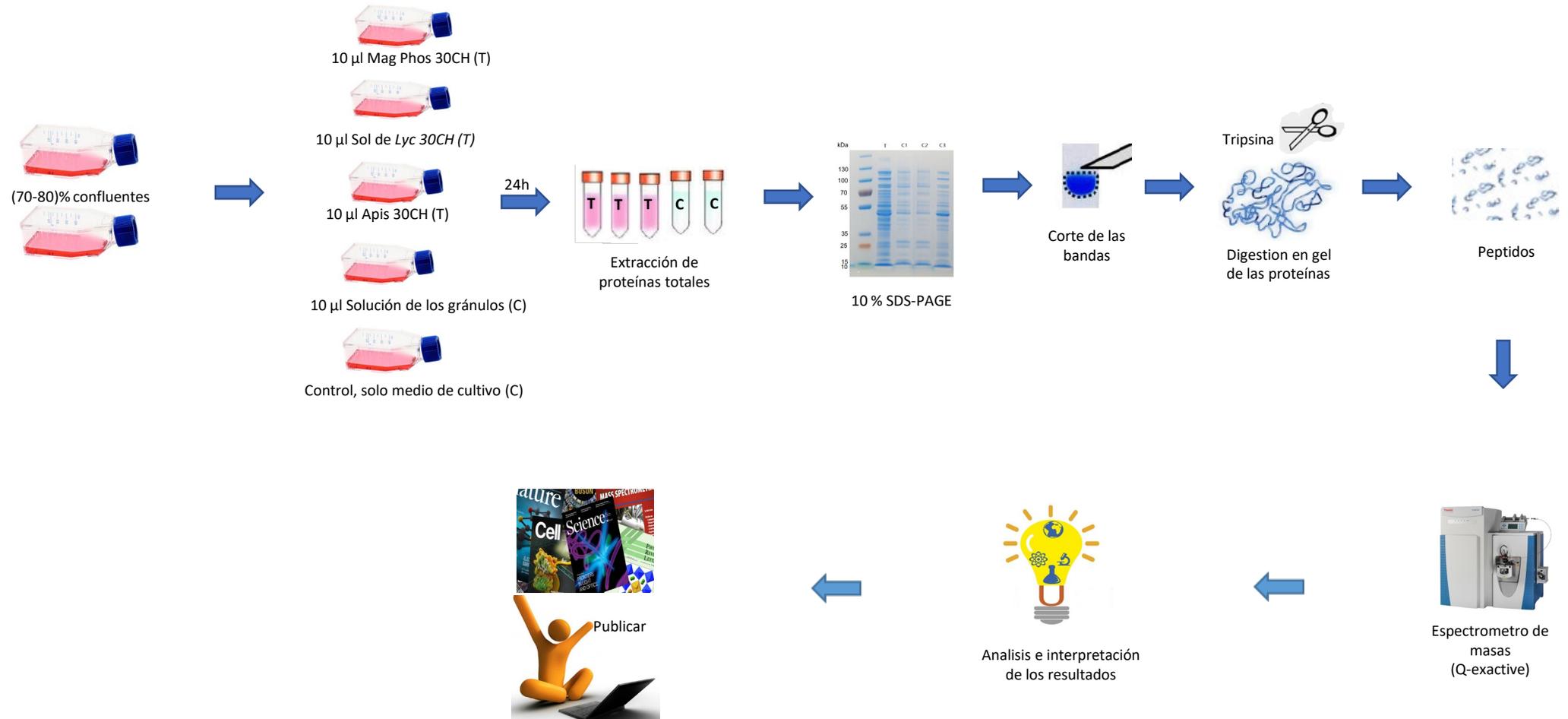


Espectrometría de Masas



Angel TE, Aryal UK, Hengel SM, Baker ES, Kelly RT, Robinson EW, Smith RD (May 2012). "Mass spectrometry-based proteomics: existing capabilities and future directions". *Chemical Society Reviews*. **41** (10): 3912–28.

Diagrama de trabajo



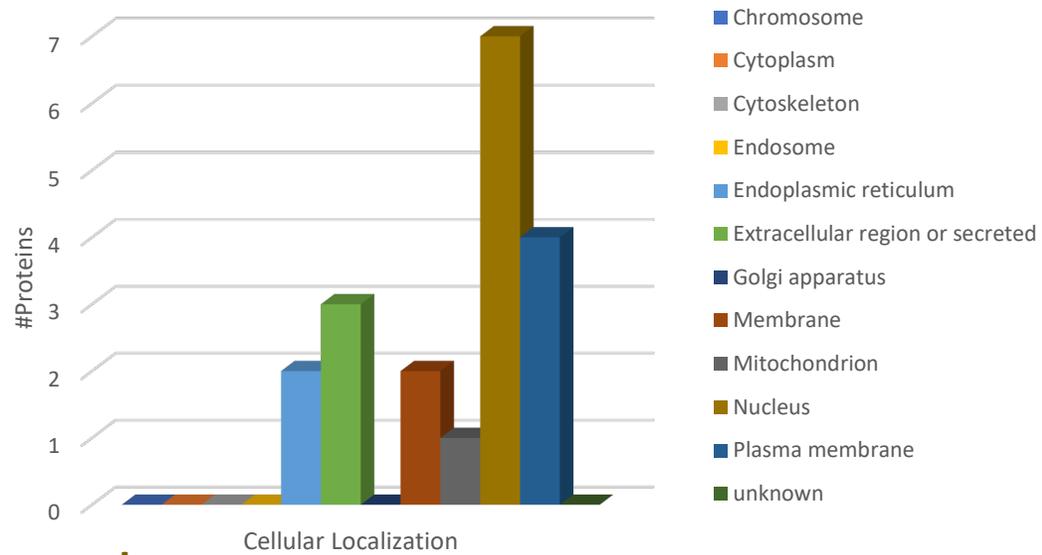
RESULTADOS

Proteínas identificadas significativas

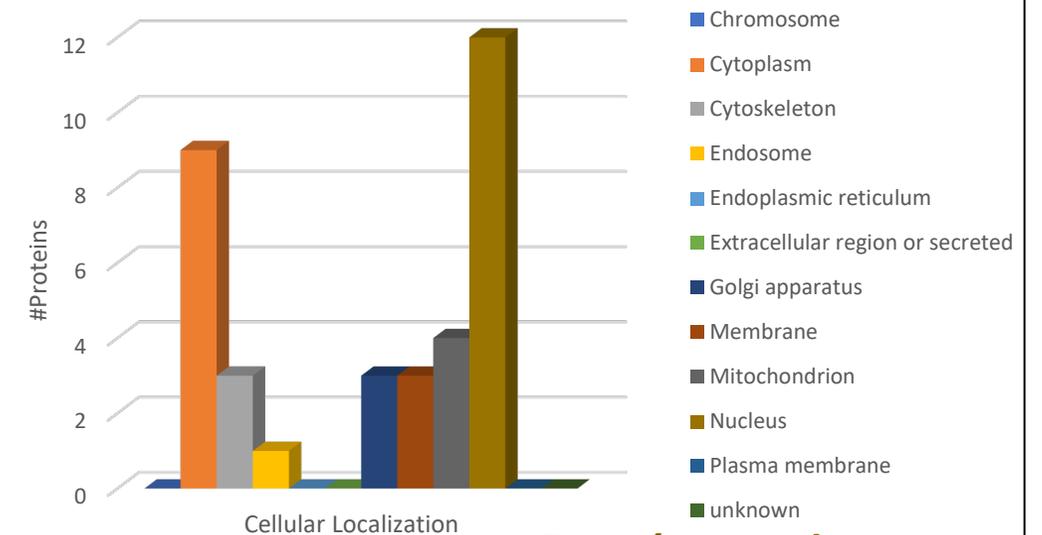
cantidad proteína	muestra
21	Apis-Lyc-Mag
12	Apis-Lyc
14	Apis-Mag
41	Lyc-Mag
19	Apis
44	Lyc
52	Mag
25	Globuli
47	Medium
275	total

Localización celular

Identified Proteins with Apis



Identified proteins only with Lyc

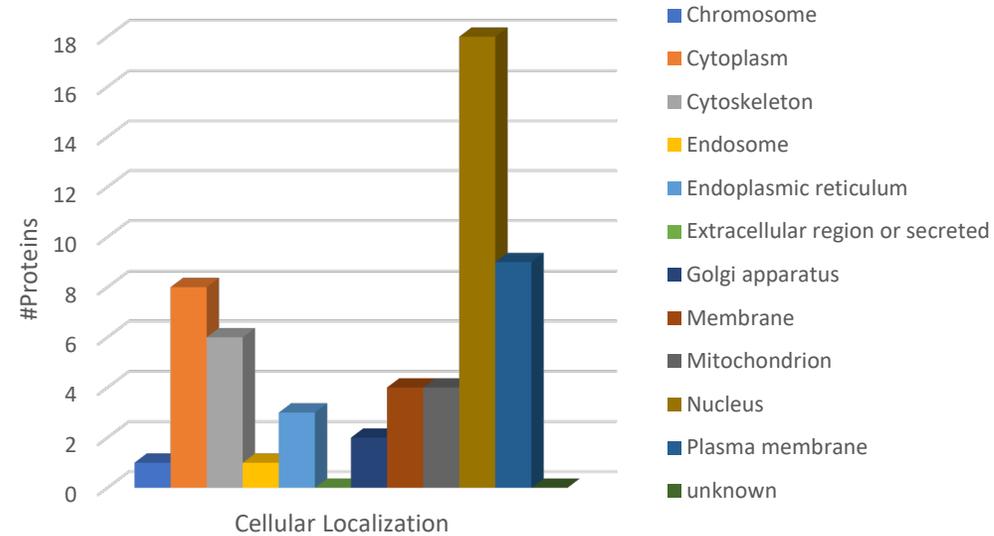


Proteínas nucleares
membrana plasmática

Proteínas nucleares

Proteínas citoplasmáticas

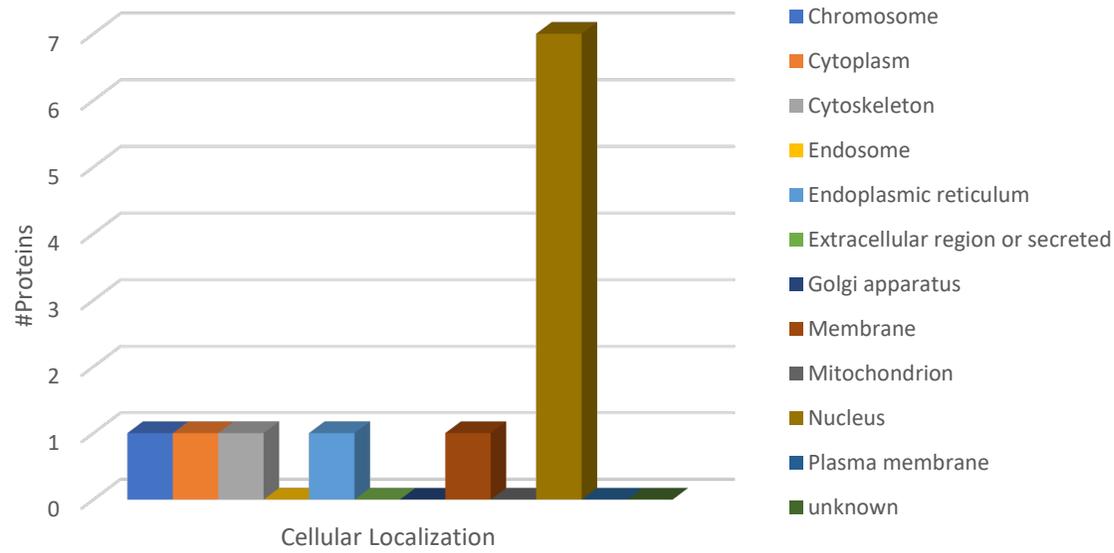
Identified proteins only with Mag



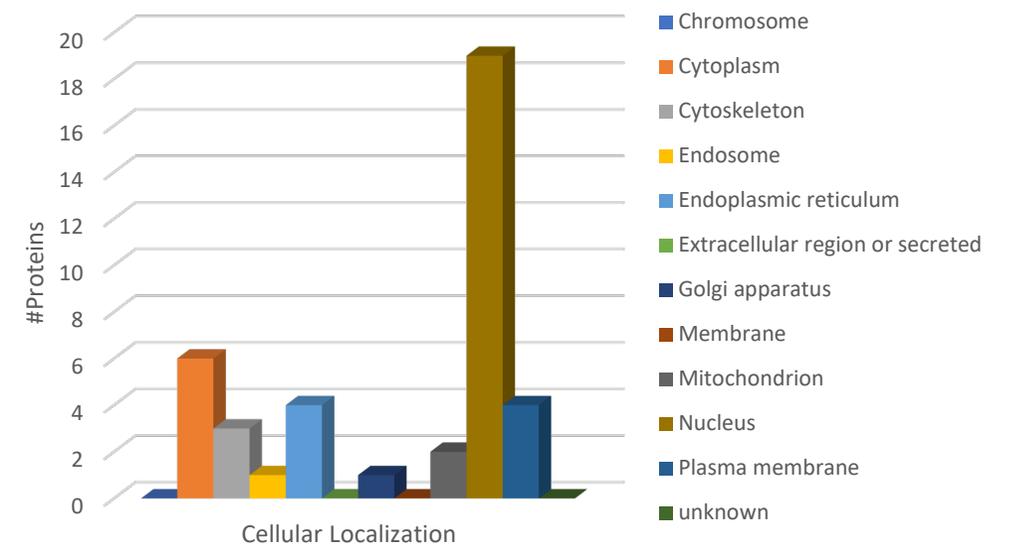
Proteínas nucleares
membrana plasmática

Proteínas nucleares

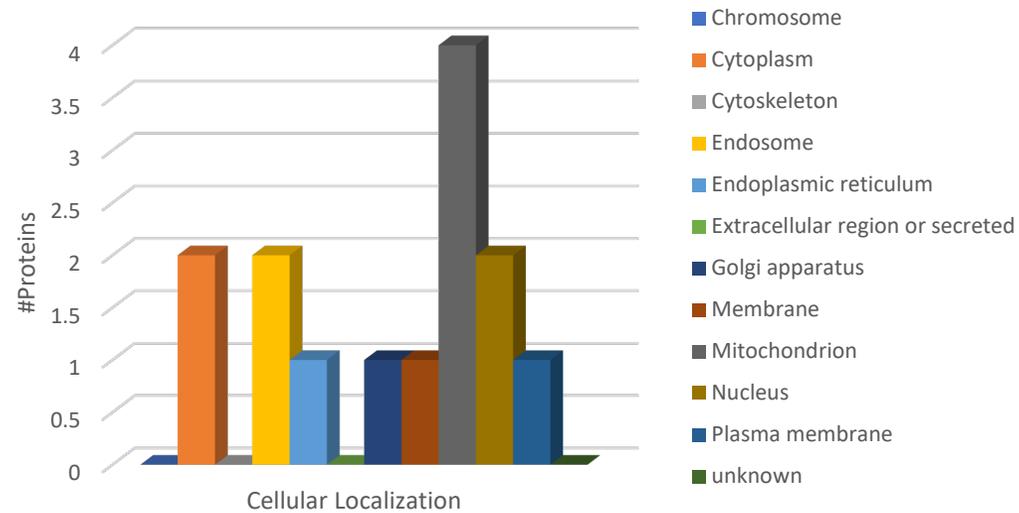
Identified Proteins with Apis-Lyc



Identified Proteins with Lyc-Mag

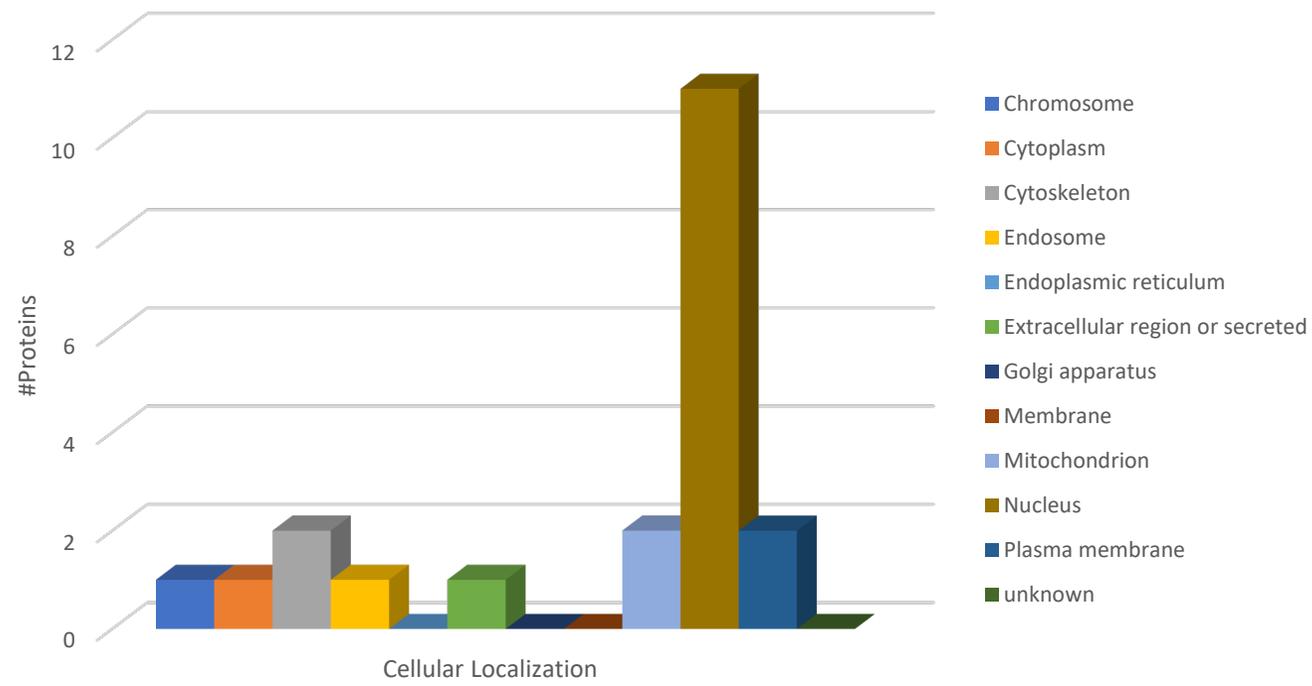


Identified Proteins with Apis-Mag

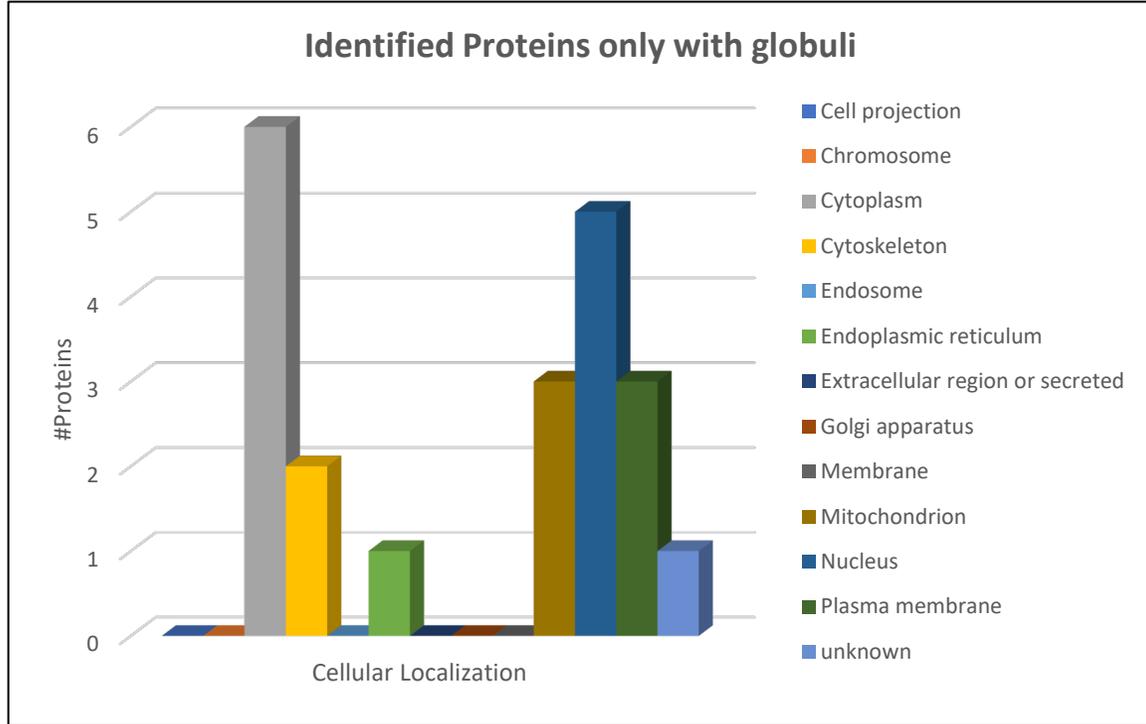


Proteínas mitocondriales

Identified Proteins with Apis-Lyc-Mag

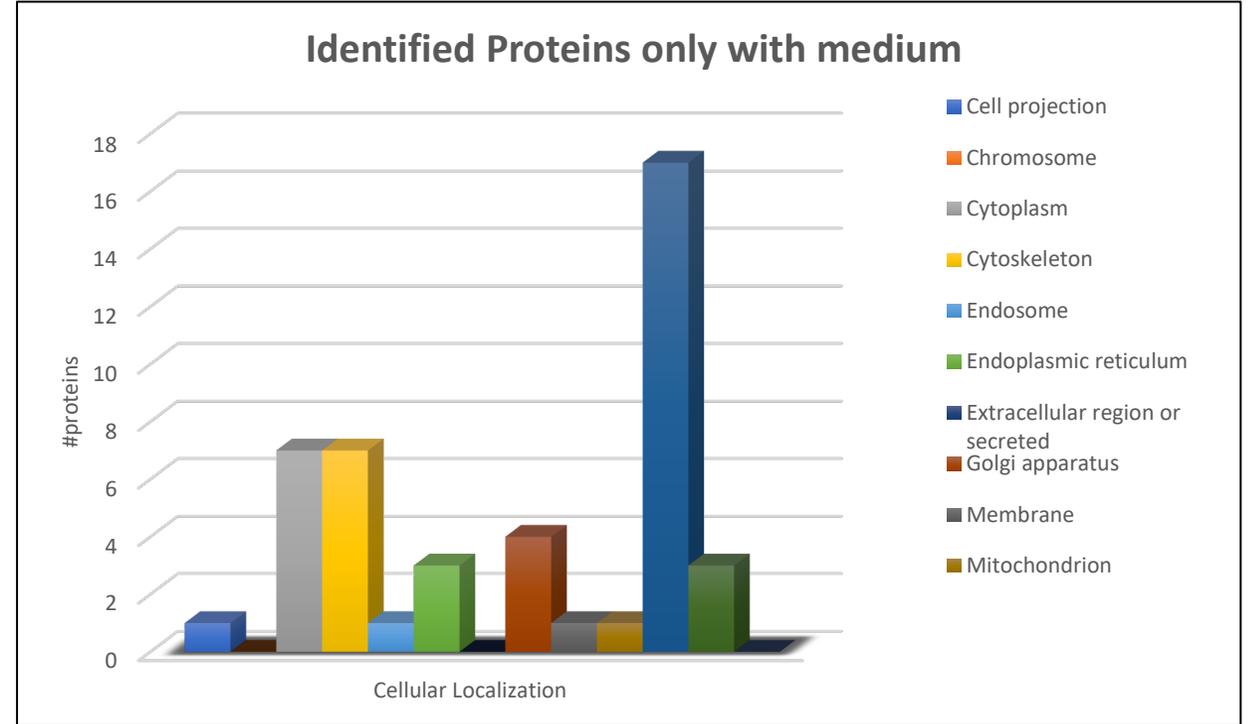


Proteínas nucleares



Proteínas citoplasmáticas

Proteínas nucleares



Proteínas nucleares

Función celular

Función en la célula

Apis 30 CH

ID	Nombre	Función
Q6P1M0	Long-chain fatty acid transport protein 4	Involucrada en el proceso de transporte de ácido graso. Desempeña un papel en la formación de la barrera epidérmica. Requerido para la absorción de grasas en la embriogénesis temprana.
Q5VV42-2	Threonylcarbamoyladenosine tRNA methyltransferase	Cataliza la metilación de N6-treonilcarbamoyladenosina (t6A), lo que lleva a la formación de 2-metil-N6-treonilcarbamoyladenosina (ms2t6A) en la posición 37 en los ARNt que leen codones que comienzan con adenina.
Q68D91	Metallo-beta-lactamase domain-containing protein 2	Cofactor: Une dos Zn ²⁺ ions por subunidad.
P02768	Albumin	Se une al agua, Ca ²⁺ , Na ⁺ , K ⁺ , ácidos grasos, hormonas, bilirrubina y fármacos (Probable). Su función principal es la regulación de la presión osmótica coloidal de la sangre (Probable). El principal transportador de zinc en plasma, típicamente se une a alrededor del 80% de todo el zinc plasmático (PubMed: 19021548). Transportador principal de calcio y magnesio en plasma, se une aproximadamente al 45% del calcio y magnesio circulantes en plasma (por similitud). Potencialmente tiene más de dos sitios de unión al calcio y, además, podría unirse al calcio de una manera no específica (por similitud). El sitio de unión compartido entre el zinc y el calcio en el residuo Asp-273 sugiere una interferencia entre el transporte de zinc y calcio en la sangre (por similitud). El orden de afinidad es zinc > calcio > magnesio (por similitud). Se une a la enterobactina sideróforo bacteriana e inhibe la captación de hierro de E. coli mediada por enterobactina a partir de la transferrina férrica y, por tanto, puede limitar la utilización de hierro y el crecimiento de bacterias entéricas como E. coli (PubMed: 6234017)
Q9BZ95-4	Histone-lysine N-methyltransferase NSD3	Histona metiltransferasa. Preferiblemente dimetila 'Lys-4' y 'Lys-27' de la histona H3 formando H3K2me2 y H3K27me2. La metilación de H3 'Lys-4' representa una etiqueta específica para la activación transcripcional epigenética, mientras que 'Lys-27' es una marca para la represión transcripcional.
Q13029-5	PR domain zinc finger protein 2	Histona metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina que metila específicamente 'Lys-9' de histona H3. Puede funcionar como factor de transcripción de unión al ADN. Se une al elemento sensible a TPA (MTE) específico de macrófagos del gen HMOX1 (hemo oxigenasa 1) y puede actuar como un activador transcripcional de este gen. La actividad de la enzima hemo oxigenasa-1 (HO-1) cataliza la degradación del grupo hemo originando: monóxido de carbono (CO), biliverdina y hierro

Función en la célula

Lyc 30 CH

ID	Nombre	Función
Q8NEU8-3	DCC-interacting protein 13-beta	Proteína adaptadora multifuncional que se une a varios receptores de membrana, factores nucleares y proteínas de señalización para regular muchos procesos, como la proliferación celular, la respuesta inmune, el tráfico endosómico y el metabolismo celular.
Q8WXE1-5	ATR-interacting protein	Requerido para la señalización del punto de control después de un daño en el ADN. Requerido para la expresión de ATR (Serine/threonine-protein kinase ATR), posiblemente estabilizando la proteína
Q9UJ68-5	Mitochondrial peptide methionine sulfoxide reductase	Tiene una función importante como enzima reparadora de proteínas que han sido inactivadas por oxidación. Cataliza la oxidación-reducción reversible del sulfoxido de metionina en proteínas a metionina.
Q6NTE8-2	MRN complex-interacting protein	Desempeña un papel en la respuesta celular al daño del ADN y el mantenimiento de la estabilidad del genoma a través de su asociación con el complejo de detección de daño MRN. Promueve la carga de cromatina y la actividad del complejo MRN (MRE11-RAD50-NBS1 complex alterations and DNA damage response: implications for cancer treatment) para facilitar la reparación del ADN y la señalización de la respuesta al daño del ADN mediada por ATM posterior.
Q8WYQ5	Microprocessor complex subunit DGCR8	Componente del complejo microprocesador que actúa como una proteína de unión al ARN y al hemo (las proteínas de unión al hemo (HBP) son metaloproteínas que contienen un ligando hemo (un complejo de hierro-porfirina) como grupo protésico) que participa en el paso inicial de la biogénesis del microARN (miARN).
Q13554-7	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit beta	Proteína quinasa dependiente de calcio / calmodulina que funciona de forma autónoma después de la unión y autofosforilación de Ca ²⁺ / calmodulina, y está involucrada en la formación de sinapsis y columna dendrítica, plasticidad neuronal y regulación del transporte de Ca ²⁺ del retículo sarcoplásmico en el músculo esquelético
O95239	Chromosome-associated kinesin KIF4A	Proteína motora de unión al grupo de ron-azufre (Fe-S) que tiene un papel en la segregación cromosómica durante la mitosis. Transloca PRC1(<i>Protein Regulator of cytokinesis 1</i>) a los extremos positivos de los microtúbulos del huso interdigitante durante la transición de la metafase a la anafase, un paso esencial para la formación de una zona media del huso central organizada y del cuerpo medio y para una citocinesis exitosa. Puede desempeñar un papel en el posicionamiento cromosómico mitótico y la estabilización del huso bipolar.
Q86VU5	Catechol O-methyltransferase domain-containing protein 1	Posible O-methyltransferasa
Q9NUL7	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX28	Desempeña un papel esencial en la facilitación del ensamblaje adecuado de la subunidad ribosomal grande mitocondrial y su actividad helicasa es esencial para esta función. Puede estar involucrado en el procesamiento o transporte de ARN. Tiene actividad ATPasa dependiente de ARN y Mg ²⁺ .

Función en la célula

Mag phos 30 CH

ID	Nombre	Función
P54652	Heat shock-related 70 kDa protein 2	Chaperona molecular implicada en una amplia variedad de procesos celulares, incluida la protección del proteoma contra el estrés, el plegamiento y transporte de polipéptidos recién sintetizados, la activación de la proteólisis de proteínas mal plegadas y la formación y disociación de complejos proteicos. Desempeña un papel fundamental en el sistema de control de calidad de las proteínas, asegurando el plegado correcto de las proteínas, el plegado de las proteínas mal plegadas y controlando la orientación de las proteínas para su posterior degradación
Q9H6V9	Lipid droplet-associated hydrolase	Hidrolasa de lípidos de serina asociada a gotitas de lípidos. Altamente expresado en áreas ricas en macrófagos en lesiones ateroscleróticas, lo que sugiere que podría promover el recambio de ésteres de colesterol en macrófagos.
Q7Z3C6	Autophagy-related protein 9A	Participa en la autofagia y el citoplasma para la formación de vesículas de transporte de vacuolas (Cvt). Desempeña un papel clave en la organización de la estructura preautofagosómica / sitio de ensamblaje del fagóforo (PAS), el sitio de nucleación para la formación de la vesícula secuestrante
O75886-2	Signal transducing adapter molecule 2	Involucrado en la transducción de señales intracelulares mediada por citocinas y factores de crecimiento. Tras la estimulación de IL-2 y GM-CSF, desempeña un papel en la señalización que conduce a la síntesis de ADN y la inducción de MYC. También puede desempeñar un papel en el desarrollo de las células T.
Q7RTS9-2	Dymeclin	Necesario para la correcta organización del aparato de Golgi. Involucrado en el desarrollo óseo.
Q96L73-2	Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-36 specific	Histona metiltransferasa que dimetila Lys-36 de la histona H3 (H3K36me2). Factor intermediario transcripcional capaz de influir tanto negativa como positivamente en la transcripción, según el contexto celular.
Q9Y4C1	Lysine-specific demethylase 3A	Histona desmetilasa que desmetila específicamente 'Lys-9' de la histona H3, desempeñando así un papel central en el código de las histonas. Preferiblemente desmetila el residuo H3 'Lys-9' mono y dimetilado, con preferencia por el residuo dimetilado, mientras que tiene actividad débil o nula sobre H3 'Lys-9' trimetilado. La desmetilación del residuo de Lys genera formaldehído y succinato. Involucrado en la activación transcripcional dependiente de hormonas, participando en el reclutamiento de genes diana del receptor de andrógenos, lo que resulta en la desmetilación y activación transcripcional de H3 'Lys-9'. Interviene en la espermatogénesis regulando la expresión de genes diana como PRM1 y TNP1 que son necesarios para el empaquetamiento y condensación de la cromatina espermática. Implicado en la resistencia a la obesidad mediante la regulación de genes metabólicos como PPARA y UCP1
Q9UHC9	NPC1-like intracellular cholesterol transporter 1	Desempeña un papel importante en la homeostasis del colesterol. Es fundamental para la captación de colesterol a través de la membrana plasmática del enterocito intestinal. Es el objetivo molecular directo de la ezetimiba, un fármaco que inhibe la absorción del colesterol. La falta de actividad conduce a múltiples defectos en el transporte de lípidos. La proteína puede tener una función en el transporte de múltiples lípidos y su homeostasis, y puede desempeñar un papel fundamental en la regulación del metabolismo de los lípidos. Actúa como un regulador negativo de NPC2 y regula negativamente su expresión y secreción inhibiendo su maduración y acelerando su degradación.
P62166	Neuronal calcium sensor 1	Sensor de calcio neuronal, regulador de la fosforilación del receptor acoplado a proteína G de forma dependiente del calcio.

Función en la célula

Lyc 30 CH / Mag phos 30 CH

ID	Nombre	Función
P46100-3	Transcriptional regulator ATRX	Involucrado en la regulación transcripcional y remodelación de la cromatina. Facilita la replicación del ADN en múltiples entornos celulares y es necesario para la replicación eficiente de un subconjunto de loci genómicos. Se une a secuencias repetidas en tándem de ADN tanto en telómeros como en eucromatina e in vitro se une a estructuras cuádruples de ADN. Involucrado en el mantenimiento de la integridad estructural de los telómeros en las células madre embrionarias, lo que probablemente implica el reclutamiento de CBX5 a los telómeros.
P13796	Plastin-2	Proteína de unión a actina. Desempeña un papel en la activación de las células T en respuesta a la coestimulación a través de TCR / CD3 y CD28 o CD28. Modula la expresión en la superficie celular de IL2RA / CD25 y CD69
Q8TEA1	tRNA (cytosine(72)-C(5))-methyltransferase NSUN6	Metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina que metila específicamente la posición C5 de la citosina 72 en tRNA (Thr) (TGT) y tRNA (Cys) (GCA). In vitro también metila el ARNt (Thr) (AGT). La metilación requiere, en la región del tallo aceptor, la presencia del terminal 3'-CCA, el sitio diana C72, la base discriminadora U73 y los pares de bases segundo y tercero (2:71 y 3:70) en los sustratos de ARNt.
Q9UQ16-2	Dynamamin-3	Proteína productora de fuerza asociada a microtúbulos que participa en la producción de haces de microtúbulos y es capaz de unirse e hidrolizar GTP. Muy probablemente involucrado en procesos de tráfico vesicular, en particular endocitosis.
O95671-3	Probable bifunctional dTTP/UTP pyrophosphatase/methyltransferase protein	la presencia del dominio catalítico putativo de la unión de S-adenosil-L-metionina en la región C-terminal sugiere una actividad metiltransferasa
Q86T24	Transcriptional regulator Kaiso	Regulador transcripcional con especificidad de unión al ADN bimodal. Se une a dinucleótidos CpG metilados en la secuencia consenso 5'-CGCG-3' y también se une a la secuencia consenso no metilada 5'-CTGCNA-3' también conocida como sitio de unión consenso kaiso (KBS). Recluta el complejo represor N-CoR para promover la desacetilación de histonas y la formación de estructuras de cromatina represivas en los promotores de genes diana
P61599	N-alpha-acetyltransferase 20	Subunidad catalítica del complejo NatB que cataliza la acetilación de los residuos de metionina N-terminales de péptidos comenzando con Met-Asp, Met-Glu, Met-Asn y Met-Gln. Las proteínas con funciones del ciclo celular están sobrerrepresentadas en el conjunto de sustratos de NatB. Requerido para mantener la estructura y función de las fibras de actomiosina y para una adecuada migración celular.
Q6PIW4	Fidgetin-like protein 1	Involucrado en la reparación de la rotura de la doble cadena del ADN (DBS) mediante recombinación homóloga (HR).
Q8WYH8-2	Inhibitor of growth protein 5	Componente del complejo HBO1, que media específicamente la acetilación de la histona H3 en 'Lys-14' (H3K14ac) y, en menor grado, la acetilación de la histona H4. Componente del complejo MOZ / MORF que tiene actividad histona H3 acetiltransferasa.
Q15047-3	Histone-lysine N-methyltransferase SETDB1	Histona metiltransferasa que trimetila específicamente 'Lys-9' de la histona H3. La trimetilación de H3 'Lys-9' representa una etiqueta específica para la represión transcripcional epigenética mediante el reclutamiento de proteínas HP1 (CBX1, CBX3 y / o CBX5) en histonas metiladas.

Función en la célula

Lyc 30 CH / Apis 30 CH

ID	Nombre	Función
Q9NVF7	F-box only protein 28	Probablemente reconoce y se une a algunas proteínas fosforiladas y promueve su ubiquitinación y degradación.
O75146	Huntingtin-interacting protein 1-related protein	Componente de fosas y vesículas recubiertas de clatrina, que pueden unir la maquinaria endocítica al citoesqueleto de actina. Se une a 3-fosfoinosítidos (a través del dominio ENTH). Puede actuar a través del dominio ENTH para promover la supervivencia celular estabilizando las tirosina quinasas receptoras después de la endocitosis inducida por ligandos.
O95835	Serine/threonine-protein kinase LATS1	Actúa como un supresor de tumores que juega un papel crítico en el mantenimiento de la ploidía a través de sus acciones tanto en la progresión mitótica como en el punto de control de la tetraploidía G1
Q6NUQ1	RAD50-interacting protein 1	Involucrado en la regulación del tráfico de membranas entre el Golgi y el retículo endoplásmico (RE); se propone que la función dependa de su asociación en el complejo NRZ que se cree que juega un papel en el ensamblaje de SNARE en la sala de emergencias. Puede desempeñar un papel en el control del punto de control del ciclo celular. Esencial para el control de la longitud de los telómeros.
P17301	Integrin alpha-2	Es responsable de la adhesión de las plaquetas y otras células a los colágenos, la modulación de la expresión de los genes de colágeno y colagenasa, la generación de fuerza y la organización de la matriz extracelular recién sintetizada. (Infección microbiana) Integrina ITGA2: ITGB1 actúa como receptor del rotavirus humano A. (Infección microbiana) Integrina ITGA2: ITGB1 actúa como receptor de los ecovirus humanos 1 y 8.
O75530-2	Polycomb protein EED	Proteína del grupo Polycomb (PcG). Componente del complejo PRC2 / EED-EZH2, que metila 'Lys-9' y 'Lys-27' de la histona H3, lo que conduce a la represión transcripcional del gen diana afectado. También reconoce la histona H1 trimetilada 'Lys-26' con el efecto de inhibir la actividad de metiltransferasa del complejo PRC2 en la histona nucleosómica H3 'Lys-27', mientras que el reconocimiento de H3 'Lys-27' tiene el efecto opuesto, lo que permite la propagación de esta marca represiva. El complejo PRC2 / EED-EZH2 también puede servir como plataforma de reclutamiento de metiltransferasas de ADN, uniendo así dos sistemas de represión epigenética. Los genes reprimidos por el complejo PRC2 / EED-EZH2 incluyen HOXC8, HOXA9, MYT1 y CDKN2A
O95985-3	DNA topoisomerase 3-beta-1	Libera la tensión de torsión y superenrollamiento del ADN introducida durante la replicación y transcripción del ADN al escindir y volver a unir transitoriamente una hebra del dúplex de ADN. Posee actividad relajante de ADN superenrollado negativamente.
O75582	Ribosomal protein S6 kinase alpha-5	Serina / treonina-proteína quinasa que se requiere para la fosforilación inducida por mitógeno o estrés de los factores de transcripción CREB1 y ATF1 y para la regulación de los factores de transcripción RELA, STAT3 y ETV1 / ER81, y que contribuye a la activación de genes por fosforilación de histonas y funciones en la regulación de genes inflamatorios.
Q12894	Interferon-related developmental regulator 2	Interactúa con: ARNt (adenina (58) -N (1)) - subunidad catalítica de metiltransferasa TRMT61A; Subunidad catalítica de tRNA (adenina-N (1) -) - metiltransferasa, que cataliza la formación de N (1) - metiladenina en la posición 58 (m1A58) en el iniciador metionil-tRNA. Subunidad catalítica del complejo mRNA N (1) - metiltransferasa, que media la metilación de residuos de adenosina en la posición N (1) de un pequeño subconjunto de mRNA: la metilación N (1) tiene lugar en estructuras de mRNA de tipo bucle en T de tRNA y solo está presente en estequiometrías bajas
Q9BUP3-3	Oxidoreductase HTATIP2	Se requiere oxidorreductasa para la supresión de tumores.
Q9NUW8	Tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1	Enzima reparadora del ADN que puede eliminar una variedad de aductos covalentes del ADN a través de la hidrólisis de un enlace 3'-fosfodiéster, dando lugar al ADN con un 3'fosfato libre.

Función en la célula

Apis 30 CH /Mag Phos 30 CH

ID	Nombre	Función
P56937-3	3-keto-steroid reductase/17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase 7	Enzima bifuncional involucrada en el metabolismo de las hormonas esteroideas y la biosíntesis del colesterol.
Q8NBW4-2	Sodium-coupled neutral amino acid transporter 9	Transportador de aminoácidos lisosomales implicado en la activación de mTORC1 en respuesta a los niveles de aminoácidos.
Q96H20-2	Vacuolar-sorting protein SNF8	Componente del complejo de clasificación endosomal requerido para el transporte II (ESCRT-II), que se requiere para la formación de cuerpos multivesiculares (MVB) y la clasificación de proteínas de carga endosomal en MVB. La vía MVB media la entrega de proteínas transmembrana en el lumen del lisosoma para su degradación.
Q8IUH4-2	Palmitoyltransferase ZDHHC13	Palmitoiltransferasa que podría catalizar la adición de palmitato a varios sustratos proteicos. Palmitoiltransferasa para HTT y GAD2. Puede desempeñar un papel en el transporte de Mg ²⁺ .
Q96Q45-2	Transmembrane protein 237	Componente de la zona de transición en cilios primarios. Requerido para la ciliogénesis.
Q6UXV4	MICOS complex subunit MIC27	Componente del complejo MICOS, un gran complejo de proteínas de la membrana interna mitocondrial que desempeña un papel crucial en el mantenimiento de las uniones de las crestas, la arquitectura de la membrana interna y la formación de sitios de contacto con la membrana externa.
P78537-2	Biogenesis of lysosome-related organelles complex 1 subunit 1	Componente del complejo BLOC-1, un complejo necesario para la biogénesis normal de orgánulos relacionados con lisosomas (LRO), como gránulos densos en plaquetas y melanosomas.
O94925	Glutaminase kidney isoform, mitochondrial	Cataliza la primera reacción en la vía primaria del catabolismo renal de la glutamina. Desempeña un papel en el mantenimiento de la homeostasis ácido-base. Regula los niveles del neurotransmisor glutamato, el principal neurotransmisor excitador del cerebro.
Q9HC52	Chromobox protein homolog 8	Componente de un complejo tipo PRC1 multiproteína del grupo Polycomb (PcG), una clase compleja necesaria para mantener el estado transcripcionalmente represivo de muchos genes, incluidos los genes Hox, durante todo el desarrollo. El complejo PcG PRC1 actúa a través de la remodelación de la cromatina y la modificación de las histonas; media en la monoubiquitinación de la histona H2A 'Lys-119', lo que hace que la cromatina haya cambiado heredablemente en su expresibilidad.
Q4LE39-3	AT-rich interactive domain-containing protein 4B	Actúa como represor transcripcional. Puede funcionar en el ensamblaje y / o la actividad enzimática del complejo correpresor Sin3A o en la mediación de interacciones entre el complejo y otros complejos reguladores. Desempeña un papel en la regulación de modificaciones epigenéticas en el centro de impronta PWS / AS cerca del promotor SNRPN, donde podría funcionar como parte de un complejo con RB1 y ARID4A. Participa en la espermatogénesis, junto con ARID4A, donde funciona como coactivador transcripcional de AR (receptor de andrógenos) y mejora la expresión de genes necesarios para la maduración de los espermatozoides
O75575	DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC9	La ARN polimerasa dependiente de ADN cataliza la transcripción de ADN en ARN usando los cuatro ribonucleósidos trifosfatos como sustratos. Componente periférico específico de la ARN polimerasa III que sintetiza ARN pequeños, como ARNr 5S y ARNt. Desempeña un papel clave en la detección y limitación de la infección por bacterias intracelulares y virus de ADN. Actúa como sensor de ADN nuclear y citosólico involucrado en la respuesta inmune innata.

Función en la célula

Apis 30 CH /Lyc 30CH / Mag Phos 30 CH

ID	Nombre	Función
Q96FZ2	Abasic site processing protein HMCES	Sensor de sitios abásicos en ADN monocatenario (ssDNA) necesario para preservar la integridad del genoma mediante la promoción de la reparación sin errores de sitios abásicos
Q9BRV8	Suppressor of IKKBE 1	Supresor fisiológico de IKK-epsilon y TBK1 que desempeña un papel inhibitor en IRF3 desencadenado por virus y TLR3. Inhibe la activación mediada por TLR3 de los elementos de respuesta estimulados por interferón (ISRE) y el promotor de IFN-beta.
Q9UBN7-2	Histone deacetylase 6	Responsable de la desacetilación de residuos de lisina en la parte N-terminal de las histonas centrales (H2A, H2B, H3 y H4). La desacetilación de histonas da una etiqueta para la represión epigenética y juega un papel importante en la regulación transcripcional, la progresión del ciclo celular y los eventos de desarrollo.
Q9NXR8	Inhibitor of growth protein 3	Componente del complejo NuA4 histona acetiltransferasa (HAT) que participa en la activación transcripcional de genes seleccionados principalmente por acetilación de histonas nucleosómicas H4 y H2A. Esta modificación puede alterar las interacciones nucleosoma-ADN y promover la interacción de las histonas modificadas con otras proteínas que regulan positivamente la transcripción
P46013	Proliferation marker protein Ki-67	Requerido para mantener los cromosomas mitóticos individuales dispersos en el citoplasma después del desmontaje de la envoltura nuclear. Se asocia con la superficie del cromosoma mitótico, la capa pericromosómica, y cubre una fracción sustancial de la superficie del cromosoma. Evita que los cromosomas colapsen en una sola masa de cromatina al formar una barrera de carga estérica y electrostática: la proteína tiene una alta carga eléctrica neta y actúa como tensioactivo, dispersando los cromosomas y permitiendo la movilidad cromosómica independiente.
Q92889	DNA repair endonuclease XPF	Componente catalítico de una endonucleasa de reparación de ADN de estructura específica responsable de la incisión de 5 primos durante la reparación de ADN. Involucrado en la recombinación homóloga que ayuda a eliminar el entrecruzamiento entre cadenas.
O95696	Bromodomain-containing protein 1	Subunidad de andamio de varios complejos de histona acetiltransferasa (HAT), como los complejos MOZ / MORF y HBO1, que actúa como regulador de la hematopoyesis.
Q8N3X1	Formin-binding protein 4	Interactúa con la proteína de reconocimiento de tumores NK.
Q96ER3	Protein SAAL1	Desempeña un papel en la promoción de la proliferación de fibroblastos sinoviales en respuesta a estímulos proinflamatorios.
Q969S3	Zinc finger protein 622	Puede comportarse como un activador del factor de transcripción unido, MYBL2, y participar en el desarrollo embrionario. vía de señalización apoptótica intrínseca en respuesta al estrés oxidativo.
P11166	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1	Transportador de glucosa facilitador, que es responsable de la captación de glucosa constitutiva o basal. Tiene una especificidad de sustrato muy amplia; puede transportar una amplia gama de aldosas, incluidas pentosas y hexosas. El portador de energía más importante del cerebro: presente en la barrera hematoencefálica y asegura el transporte facilitador e independiente de la energía de la glucosa al cerebro.



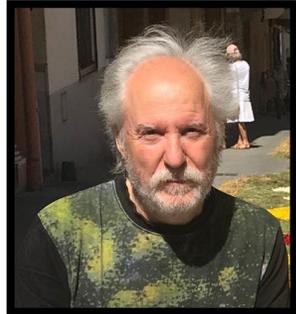
Finalizar la interpretación de los resultados

Publicar

Agradecimiento especial



Dra. Coral Mateo



Dr. José María García



Dra. Mónica Farrès



Dr. René Guarnarluse

“Los que piensan que es imposible, no deberían molestar a los que lo estamos intentando”. T. Edison.

¡MUCHAS GRACIAS!

Niurka Meneses Moreno

niurkam@gmail.com

+41789171795