

NOTA DE PRENSA

Barcelona, 7 de octubre de 2015

SACUDIENDO LOS FUNDAMENTOS DE LA EPIGENÉTICA

- **Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) y la Universidad de Barcelona (UB) publican un estudio que cuestiona algunas de las reglas actuales de la epigenética.**
- **Los científicos han descubierto que el papel de la epigenética en la regulación de la expresión génica es diferente en genes que se expresan específicamente durante el desarrollo embrionario.**
- **El trabajo, que publica la revista *Nature Genetics* en su número de octubre, aparece destacado en la portada con una ilustración inspirada en los resultados de los investigadores catalanes y en una obra de Salvador Dalí.**

Las células de un organismo pluricelular contienen idéntico material genético (el genoma) pero se organizan en estructuras con funciones muy diversas. Las diferencias entre los diferentes tipos celulares se deben a la expresión diferencial de sus genes, consecuencia de la interacción de varios componentes, como los factores de transcripción, la maquinaria de transcripción, y un conjunto de modificaciones que ocurren en la cromatina (ADN y proteínas asociadas), las llamadas modificaciones epigenéticas.

En un estudio co-dirigido por el investigador del Centro de Regulación Genómica y profesor de la UPF Roderic Guigó y Montserrat Corominas, del departamento de genética de la Universidad de Barcelona y el Instituto de Biomedicina de la UB, los científicos ponen de manifiesto que las marcas en la cromatina parecen ser poco relevantes en la regulación de genes que se expresan de manera puntual durante el desarrollo. Los resultados del estudio contrastan con la visión generalmente aceptada sobre el papel clave de estas marcas en la regulación de la expresión de los genes.

El proyecto se ha llevado a cabo gracias a los datos sobre expresión de los genes fruto del proyecto modENCODE, que tiene por objeto proporcionar a la comunidad científica una enciclopedia completa de elementos funcionales del genoma de los organismos modelo. En este caso, los investigadores han utilizado los datos de expresión de los genomas del gusano *C. elegans* y la mosca del vinagre *D. melanogaster*.

"Inicialmente no buscábamos estudiar la relación entre las marcas de la cromatina y la expresión de los genes durante el desarrollo sino analizar la función de estas marcas en el procesamiento del ARN. Observamos sin embargo, que había algunos genes con altos niveles de expresión que no tenían las marcas de cromatina que se consideran necesarias para mantener estos niveles elevados de expresión. Inicialmente consideramos que esto podría ser un artefacto de nuestra aproximación experimental, ya que si los genes se expresan únicamente en algunas células, como ocurre a menudo con genes regulados durante el desarrollo, la señal que se

origina de las modificaciones podría diluirse y no ser detectada. Pero, al analizar los datos producidos por el proyecto modENCODE nos dimos cuenta que, efectivamente, los genes regulados durante el desarrollo se expresan sin las marcas de cromatina que uno esperaría. Una gran parte de nuestro trabajo se ha centrado en confirmar experimentalmente estos resultados," explica Montserrat Corominas.

El desarrollo embrionario es un proceso muy estudiado en el que la regulación en la expresión de los genes es crucial. Hay muchos genes expresándose simultáneamente y de forma puntual. El trabajo que presentan ahora estos dos grupos de investigación en Barcelona ofrece nueva información para comprender este proceso, en concreto se centra en un conjunto de genes que actúan durante el desarrollo y son específicos de algunos tejidos.

"Hoy en día ya contamos con modelos informáticos que nos ayudan a prever cuáles serán los patrones en la expresión de los genes según las modificaciones en la cromatina. Nuestro trabajo añade una nueva visión que hasta ahora no se contemplaba y contribuye a que podamos contar con modelos predictivos aún más fiables," añade Roderic Guigó. *"Nuestros resultados se basan en la expresión de los genes en dos organismos modelo. Ahora se debería comprobar si lo que hemos observado en estos dos organismos también sucede en humanos. En caso afirmativo, los resultados de nuestro estudio contribuirían a una mejor aproximación a la hora de manipular o modular los niveles de expresión de los genes, algo que sería muy útil de cara al estudio y el tratamiento de algunas enfermedades porque sabemos que a menudo estos genes están directamente relacionados con ellas,"* concluye Guigó.

El trabajo aparece publicado en el número de octubre de la revista *Nature Genetics*, donde ocupa la portada con una ilustración de Luisa Lente inspirada en los resultados de los equipos catalanes y el cuadro de Salvador Dalí "Paisaje con mariposas. El gran masturbador y paisaje surrealista con ADN".

Referencia:

Sílvia Pérez-Lluch, Enrique Blanco, Hagen Tilgner, Joao Curado, Marina Ruiz-Romero, Montserrat Corominas & Roderic Guigó. "Absence of canonical marks of active Chromatin in developmentally regulated genes" *Nature Genetics*. 2015 doi: [10.1038 / ng.3381](https://doi.org/10.1038/ng.3381)

Imagen de portada: <http://www.nature.com/ng/journal/v47/n10/covers/index.html>

Financiación:

Este trabajo ha contado con el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad mediante las ayudas BIO2011-26205, CSD2007-00008, BFU2012-36888 y 'Centro de Excelencia Severo Ochoa 2.013-2.017' (SEV-2.012-0208), de la Comisión Europea mediante una ayuda del Consejo Europeo de Investigación en el 7º Programa Marco (ayuda 294.653 RNA-MAPS) y el proyecto 4DCellFate.

Para más información y entrevistas:

Centro de Regulación Genómica (CRG) - Oficina de Prensa - Laia Cendrós
Ecorreo: laia.cendros@crg.eu - Tel. Móvil +34 607611798