CSIC
Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Nota de prensa
CSIC comunicación
Tel.: +34 91 568 14 77
g.prensa@csic.es
www.csic.es

**Madrid, jueves 23 de mayo de 2019**

# Científicos del CSIC revelan nuevas claves sobre los 'interruptores' del genoma

- **Un trabajo publicado en 'Nature' profundiza en los mecanismos que regulan la organización genómica durante el desarrollo**
- **El estudio del control de la expresión génica es relevante para entender diversas enfermedades, incluido el cáncer**

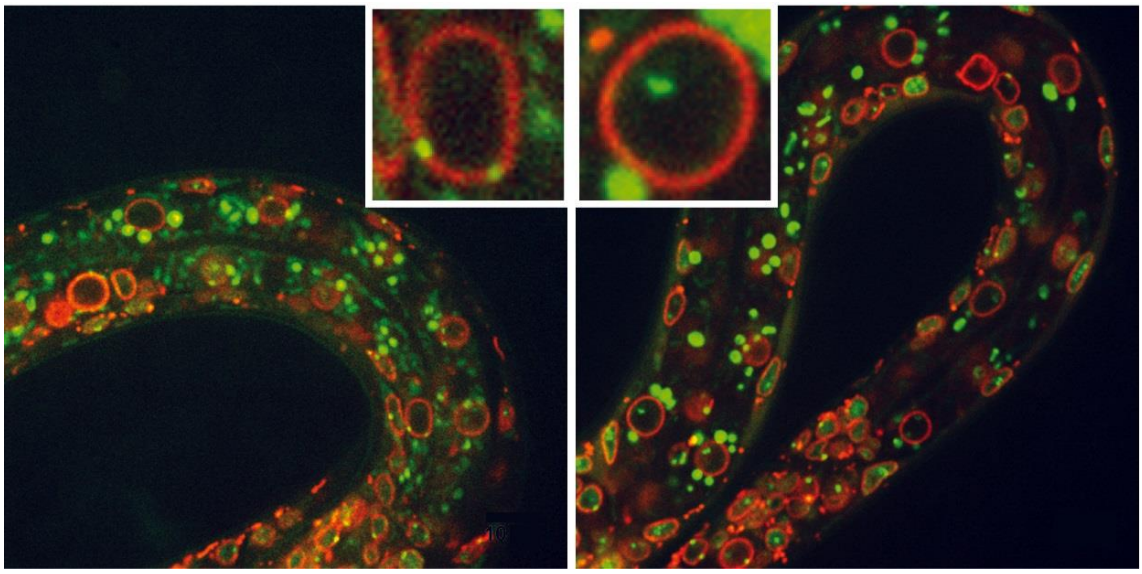

*Imagen de microscopía confocal de dos nematodos de 'C. elegans'. A la izquierda se muestra un animal silvestre y a la derecha un mutante mrg-1. En los recuadros se observan dos núcleos intestinales en los que aparece marcada en rojo la periferia nuclear. Las manchas verdes indican la existencia de una región de heterocromatina./ DAPHNE S. CABIANCA (FMI)*

Un equipo internacional con participación de investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha profundizado en el entendimiento de la maquinaria de organización genómica de las células. Los científicos, que publican sus resultados en la revista *Nature*, han estudiado la compleja interacción entre la cromatina (estructura que representa la base de los cromosomas eucarióticos) y una serie de proteínas reguladoras, *interruptores* que activan o silencian el genoma.

CSIC comunicación
Tel.: 91 568 14 77
g.prensa@csic.es
www.csic.es/prensa

El cuerpo humano contiene una gran variedad de tipos celulares y cada tipo está caracterizado por la expresión de un conjunto específico de genes. En animales, plantas y hongos, el ADN, que es la estructura básica de los genes, está empaquetado con proteínas para formar la cromatina.

El control de la expresión génica requiere de una compleja interacción entre la cromatina, que contiene el mensaje hereditario, y las proteínas reguladoras. Esta interacción se puede traducir en que distintas regiones del genoma se encuentren activas (eucromatina) o silenciadas (heterocromatina). En general, la heterocromatina se acumula en la periferia de los núcleos, mientras que la eucromatina se encuentra en el interior de estos.

Para identificar las proteínas implicadas en la separación entre eucromatina y heterocromatina y su posicionamiento dentro de los núcleos, los investigadores diseñaron una serie de experimentos empleando como organismo modelo el nematodo *Caenorhabditis elegans*. Aunque se trata de un animal pequeño y con una morfología simple, comparte muchos genes con otros organismos y con los humanos. Además, es transparente, lo que permite estudiar sus tejidos *in vivo* durante el desarrollo embrionario.

“La regulación de la cromatina es importante para mantener la identidad de las células y para evitar su proliferación excesiva. Cada vez existe más evidencia de que modificaciones epigenéticas, que son las alteraciones en las proteínas asociadas al ADN, son importantes en muchos tipos de enfermedades, incluido el cáncer”, explica el investigador del CSIC Peter Askjaer, que trabaja en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CSIC-Universidad Pablo de Olavide-Junta de Andalucía).

En este trabajo, los científicos han identificado una proteína denominada MRG-1 (conocida como MRG14 o MORF4L1 en humanos) como responsable de la acumulación de heterocromatina en la periferia nuclear durante el desarrollo temprano. “Hemos descubierto que, en ausencia de MRG-1, otras proteínas de la eucromatina invaden las regiones de heterocromatina y cambian su actividad y posición. En otras palabras: MRG-1 es necesaria para restringir el acceso de los factores de expresión genética de la eucromatina a la heterocromatina”, asegura Askjaer.

Los resultados obtenidos con este trabajo resaltan la importancia que tiene la investigación básica con organismos “simples” para sugerir nuevas dianas terapéuticas, por su rapidez y porque abren la puerta a estudios en otros organismos más complejos.

Daphne S. Cabianca, Celia Muñoz-Jiménez, Véronique Kalck, Dimos Gaidatzis, Jan Padeken, Andrew Seeber, Peter Askjaer and Susan M. Gasser. **Active chromatin marks drive spatial sequestration of heterochromatin in C. elegans nuclei.** *Nature*: DOI: 10.1038/s41586-019-1243-y

**Alda Ólafsson / CSIC Comunicación**