



INVESTIGACIÓN EL COMPLEJO, DESCUBIERTO EN 'DROSOPHILA', SERVIRÁ EN VARIAS PATOLOGÍAS

Hallan una nueva 'maquinaria' de control genético del SNC

→ Un complejo formado por una proteína y tres factores de transcripción regula el desarrollo del sistema nervioso central de la mosca *Dro-*

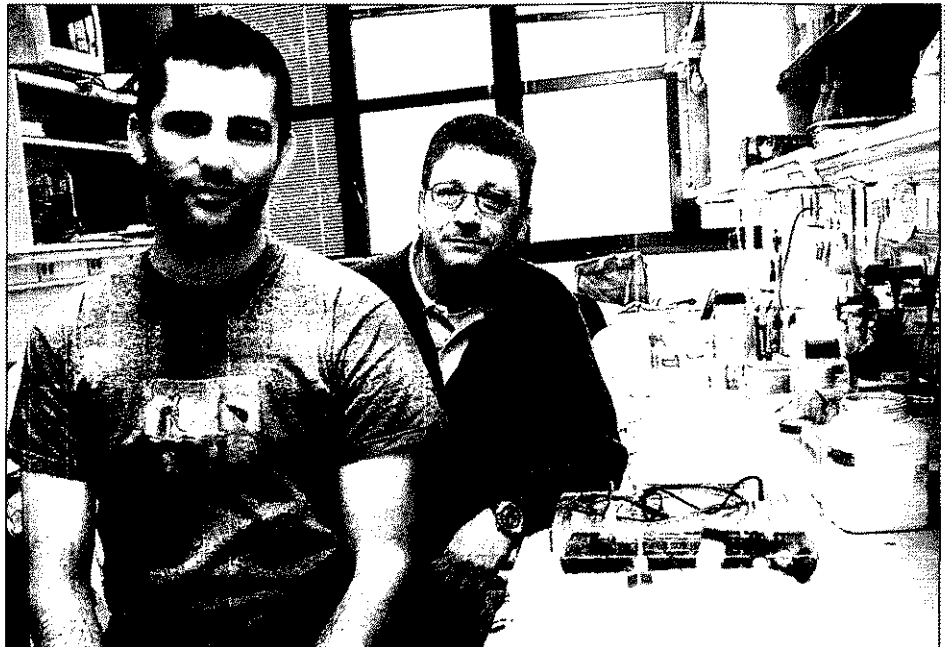
sophila melanogaster, lo que da pistas para un mejor conocimiento de patologías como cáncer de mama, linfoma y retraso mental.

■ Patricia Morén Barcelona

La identificación de un nuevo complejo regulador de la expresión genética de la formación del sistema nervioso central (SNC) de la *Drosophila melanogaster* aporta pistas para un mejor conocimiento de los mecanismos patogénicos de enfermedades humanas, como el cáncer de mama, el linfoma y el retraso mental asociado al cromosoma X Frágil.

En dicho complejo participa una proteína que forma parte de la familia HP1c y que siempre había estado asociada al silenciamiento génico a través de la modificación epigenética de la cromatina. Sin embargo, ahora se ha descubierto una situación radicalmente distinta, según la cual esta proteína, la HP1c, interactúa con dos factores más de transcripción -WOC y ROW- para regular la transcripción de los genes. De modo que la proteína y los dos factores de transcripción conformarían una de las maquinarias claves en la regulación de un conjunto de genes durante el desarrollo del SNC de la mosca.

Éste es, en síntesis, el principal hallazgo de un estudio que se publica en el último número de *Genes and Development*, según ha expuesto uno de sus autores, Ferran Azorín, del Consejo Superior de Investigaciones



Joan Font y Ferran Azorín en el Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona.

Científicas y responsable del Programa de Biología Celular y del Desarrollo del Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona (IRB Barcelona). También es autor del trabajo Joan Font, del grupo de Azorín, y han participado Herbert Auer, de la Unidad de Transcriptómica del IRB Barcelona, y David Rossell, de la Unidad de Análisis Bioestadístico del mismo instituto.

De los tres factores del complejo multiproteico regulador identificado, sólo WOC era conocido, mientras que ROW era desconocido hasta ahora. Y en cuanto a la proteína HP1c, lo más

El resultado ofrece pistas para conocer mejor enfermedades como el cáncer de mama, los linfomas y el retraso mental asociado a X Frágil

destacable es que interactúa con los factores de transcripción WOC y ROW, pero no como regulador epigenético, sino como regulador genético, para controlar la transcripción de genes, ha expuesto Azorín. Este resultado ha puesto en duda la direccionalidad del código

epigenético. Se desconoce si el mecanismo descrito en el lugar de la cromatina forma parte de la memoria epigenética o no, ha comentado Font.

Respecto a la posible asociación del resultado de este estudio con la salud, Azorín ha destacado que existen proteínas homólogas humanas del factor WOC identificado, como SIM, entre otras, que se relacionan con el desarrollo de linfomas, cáncer de mama y el síndrome del cromosoma X Frágil, por lo que el hallazgo puede ayudar a comprenderlas mejor y a estudiar estrategias frente a ellas.