



Seminarios internos del IBFG

Regiones reguladoras de la transcripción y estructura de la cromatina en *Schizosaccharomyces pombe*

Laura Durán

Jueves 21 de Marzo de 2019

El genoma de las células eucariotas se encuentra empaquetado en el núcleo en forma de cromatina, un complejo de ADN y proteínas cuya unidad fundamental es el nucleosoma. Los nucleosomas se componen de un núcleo formado por un octámero de histonas alrededor del cual se dispone enrollado el DNA. La función de los nucleosomas no es sólo la de compactar el genoma dentro del núcleo, sino que también juegan un papel fundamental en la regulación de la expresión génica. Esta función se lleva a cabo mediante el control del acceso físico de las proteínas reguladoras al DNA y a través de las modificaciones epigenéticas de las histonas. Trabajos previos en nuestro laboratorio han demostrado que los sitios de unión a factores de transcripción en *S. pombe* se agrupan en clusters localizados en regiones 5' de los genes, y que estos clusters colocalizan con regiones libres de nucleosomas conocidas como NDRs (*Nucleosome Depleted Regions*) (Soriano et al., 2013).

Más recientemente, hemos encontrado que la información necesaria para regular la expresión génica se concentra en esas regiones de manera que un gen adopta el patrón de expresión de otro al intercambiar sus NDRs. Acotar la región reguladora de la transcripción a los NDRs nos ha permitido llevar a cabo una búsqueda *ab initio* de secuencias sobrerrepresentadas en ellas utilizando herramientas bioinformáticas. Los motivos que hemos identificado incluyen todos los sitios de unión de factores de transcripción de *S. pombe* descritos previamente en la literatura. La localización de los elementos reguladores en miles de genes nos permitirá establecer redes funcionales, analizar la relación entre la información reguladora y los patrones de expresión y el diseño de promotores con funcionalidades específicas.