

Resumen del interés científico del grupo de José Luis Gómez Skarmeta

El genoma de los animales está compuesto en su gran mayoría por ADN no codificante. Esta parte del genoma contiene una inmensa cantidad de regiones reguladoras necesarias para activar de una forma muy controlada cómo, cuándo y dónde se transcriben los genes. En los últimos años se han desarrollado numerosas técnicas basadas en secuenciación masiva que permiten identificar a nivel genómico todas las regiones reguladoras que operan en un momento dado del desarrollo o en un órgano o tejido. Además, a través de técnicas de conformación de la cromatina, se ha podido comprobar recientemente que la correcta función de estas regiones reguladoras requiere una organización muy precisa en el espacio 3D del núcleo, lo que facilita la interacción de un conjunto de regiones reguladoras con su promotor diana, definiendo lo que se conoce como el paisaje regulador de los genes.

El interés de mi laboratorio ha sido entender cual es el papel de la información reguladora y su organización 3D en el genoma durante el desarrollo embrionario, la evolución del plan corporal de los animales y a las enfermedades humanas. Para abordar estas cuestiones, el grupo integra datos genómicos, datos genéticos, ensayos funcionales y estudios comparativos utilizando diferentes modelos animales de vertebrados. Esta aproximación en la interfaz entre la Biología del Desarrollo, la Genómica y la Evolución ha permitido convertir al grupo en un laboratorio referente en el campo de la regulación génica.

5 publicaciones recientes del grupo:

1. Smemo et al. Obesity-associated variants within FTO form long-range functional connections with IRX3. *Nature* 507, 371-5 (2014).

Comentado en *Nature News & Views*. *Nature* 507, 309-10 (2014).

2. Acemel et al. A single 3D chromatin compartment in amphioxus reveals stepwise evolution of vertebrate Hox bimodal regulation. *Nature Genet.* 48, 336-41 (2016).

Comentado en *Nature Genetics News & Views*. *Nature Genet.* 48, 227-8 (2016).

3. Bogdanović et al. Active DNA demethylation during the vertebrate phylotypic period. *Nat. Genet.* 48, 417-26 (2016).

Comentado in *Nature Genetics News & Views*. *Nature Genet.* 48, 345-7 (2016).

4. Letelier et al. A conserved Shh cis-regulatory module highlights a common developmental origin of unpaired and paired fins. *Nature Genet.* 50:504-9 (2018).

5. Marletaz F et al. Amphioxus functional genomics and the origins of vertebrate gene regulation. *Nature* 564: 64-70 (2018).