

LA FORMACIÓN DE LOS CIRCUITOS NEURONALES PRECISA SINCRONIZACIÓN

Los circuitos neuronales se establecen en base a una precisa sincronización de procesos durante el desarrollo embrionario como son la migración celular y el objetivo final de los axones. Si bien esto es conocido, los mecanismos por los cuales se produce dicha coordinación no lo eran. El grupo liderado por Oscar Marín del Instituto de Neurociencias, CSIC & Universidad Miguel Hernández, junto con equipos del King's College London y de la Universidad de Edinburgh, han aportado importantes datos de este proceso. En el córtex cerebral, los circuitos neuronales están principalmente

formados por células piramidales excitatorias e interneuronas GABAérgicas inhibitoras. Para alcanzar el córtex cerebral las interneuronas pueden usar distintas rutas; por ejemplo, las que expresan somatostatina que darán lugar

Los programas de migración y de destino final de los axones están acoplados para optimizar los circuitos inhibitoros en el cortex cerebral.

a células de Martinotti, usan la zona marginal como ruta migratoria, mientras que las que las no-Martinotti lo harán a través de la ruta de la zona subventricular. Se-

gún los autores, la elección de estas vías estaría determinada por diferencias en los programas genéticos de estas células y, por tanto, previo a establecer los primeros contactos sinápticos. En este contexto, el equipo ha descrito que la delección condicional del gen *Mafb*, un factor transcripcional altamente expresado en células de Martinotti, resulta en un desarrollo axonal anormal y deteriora la función de estas células *in vivo*. En conclusión, los resultados obtenidos sugieren que los programas de migración y de destino final de los axones están acoplados con el fin de optimizar los circuitos inhibitoros en el córtex cerebral.

Lim L, Pakan JMP, Selten MM, Marques-Smith A, Llorca A, Bae SE, Rochefort NL, Marín O (2018). Optimization of interneuron function by direct coupling of cell migration and axonal targeting. *Nat Neurosci.* 21:920-931.

ICU11 AND CP2 AMPLÍAN EL ESPECTRO DE FACTORES EPIGENÉTICOS EN PLANTAS

Aunque se conocen diversas facetas de la fisiología de las plantas moduladas por la maquinaria epigenética (tiempo de floración, gametogénesis masculina y femenina, respuesta a estrés, señalización lumínica y plasticidad morfológica), comparado con animales, el papel de la epigenética parece ser mucho menor. Una explicación alternativa, como se demuestra en el artículo publicado por el grupo liderado por José Luís Micol, de la Universidad Miguel Hernández, es que todavía queda mucho por aprender de la epigenética en plantas. Mediante estudios realizados en mutantes de esta maquinaria en *Arabidopsis thaliana* que presentan hojas curvadas y floración

temprana, estos investigadores han identificado ICU11 (*incurvata 11*) como el miembro fundador de una pequeña familia que han denominado CUPULIFORMIS (CP), que forma parte de la superfamilia de dioxigenasas depen-

ICU11 y CP2 son proteínas nucleoplasmáticas que actúan como represores epigenéticos.

dientes de 2-oxoglutarato/Fe(II). ICU11 y su parálogo CP2 presentan redundancia desigual. Los mutantes *cp2* son fenotípicamente silvestres, pero el doble mutante *icu11 cp2* omite el desarrollo vegetativo y florece tras la germinación. Este fenotipo, muy raro, recuerda

al descrito en mutantes de pérdida de función *emf1* y *emf2* del grupo Polycomb (PcG), lo que sugiere una relación funcional. Mediante el estudio de diversos mutantes y utilizando aproximaciones diversas, los autores demuestran que ICU11 y CP2, son proteínas nucleoplasmáticas que actúan como represores epigenéticos implicados en la modificación de histonas, pero no la metilación del DNA. Futuros estudios de ICU11 y CP2 junto con el examen de su interacción con las proteínas PcG ayudará a determinar su función y la naturaleza de su actividad epigenética. Todo ello aportará luz al número y diversidad de procesos regulados por la maquinaria epigenética en plantas.

INCURVATA11 and CUPULIFORMIS2 Are Redundant Genes That Encode Epigenetic Machinery Components in Arabidopsis. 2018. Mateo-Bonmati E, Esteve-Bruna D, Juan-Vicente L, Nadi R, Candela H, Lozano FM, Ponce MR, Pérez-Pérez JM, and Micol JL. *Plant Cell* pii: tpc.00300.. doi: 10.1105/tpc.18.00300