

## Más información:

Según los organizadores, la transcripción se ha explicado de forma clásica como una reacción de tres pasos de la ARN polimerasa II (RNAPII): iniciación, elongación y terminación, regulados principalmente por la intervención de factores de transcripción. Aunque la iniciación y la elongación han recibido mayor atención, la terminación está emergiendo como una etapa reguladora clave que controla el destino de la transcripción e influye en el estado de la cromatina. El estudio de los mecanismos de represión transcripcional que conducen al silenciamiento génico mediados por el complejo represor Polycomb Repressor Complex 2 (PRC2) del gen *FLOWERING LOCUS C (FLC)* en *Arabidopsis thaliana*, reveló el papel central en este proceso de factores genéticos asociados a la transcripción y de modificación de la cromatina. En términos generales, estos factores propician la terminación temprana tanto de *FLC* como de *COOLAIR*, un ARN largo no codificante que se transcribe en dirección opuesta a *FLC*. No obstante, persistía la confusión respecto a cómo la terminación temprana modifica el entorno de la cromatina. Mediante la realización de experimentos de inmunoprecipitación seguida de espectrometría de masas, secuenciación de ARNm 3', plaNET-seq, chRNA-qPCR y ChIP-qPCR, se hemos demostrado que APRF1, un homólogo del componente del módulo fosfatasa CPF Swd2/WDR82, forma un módulo fosfatasa tipo CPF con LD (Ref2/PNUTS) y TOPP4 (Glc7/PP1) que promueve la terminación transcripcional. Las actividades de procesamiento de ARN dependientes de APRF1 funcionan en la misma ruta co-transcripcional que *FLD*, proporcionando así el marco para entender cómo el procesamiento de ARN y la remodelación de la cromatina funcionan se acoplan para controlar la transcripción de *FLC*. Este entorno de cromatina refuerza la elección de la terminación proximal y proporciona la retroalimentación molecular necesaria para mantener de forma estable un estado de transcripción bajo.