

Digues amb qui vas i et diré què et passa

- Investigadors del [Centre de Regulació Genòmica \(CRG\)](#) han desenvolupat un nou mètode per detectar interaccions directes entre proteïnes.
- Tècniques de cribratge com aquesta són necessàries per a conèixer l'entramat de peces que hi ha a les cèl·lules així com les seves interaccions, quelcom crucial per comprendre com funcionen les cèl·lules i què passa quan emmalaltim.
- El mètode, [publicat a la revista *Nature Communications*](#), ha estat dissenyat perquè sigui econòmic i factible, fent-lo així accessible per a qualsevol laboratori de recerca biomèdica estàndard.

Investigadors del [Centre de Regulació Genòmica](#) han desenvolupat un nou mètode més barat i accessible de cribratge d'alt rendiment per detectar interaccions entre proteïnes. Les proteïnes són peces molt importants per a la cèl·lula, s'encarreguen de gairebé tota la feina i són essencials per a l'estructura, la funció i la regulació dinàmica de la cèl·lula i els teixits i òrgans del cos humà. Les proteïnes rarament funcionen de forma aïllada, acostumen a interactuar formant complexos de proteïnes o unint-se al genoma i a l'ARN per controlar el que la cèl·lula ha de fer. Aquests complexos de proteïnes són peces clau per a moltes reaccions importants dins de la cèl·lula, com el metabolisme energètic i la regulació dels gens. Qualsevol petit canvi en aquestes interaccions, causat per exemple per una mutació, podria tenir una gran repercussió i marcar la diferència entre la salut i la malaltia. Per estudiar com funcionen les cèl·lules o descobrir què és el que falla quan no funcionen, és vital saber com interactuen els seus elements principals: les proteïnes.

Les noves tecnologies han permès que en les últimes dècades els científics puguin accedir a la informació genètica de cada organisme i així saber, per exemple, quina porció del genoma s'està utilitzant i quines proteïnes s'estan creant a l'interior de les cèl·lules en cada moment i circumstància. Tenim un gran catàleg d'informació amb moltes proteïnes identificades però, el repte actual és saber quines molècules interactuen entre elles i com es combinen per formar els complexos necessaris per al funcionament de la cèl·lula. En altres paraules, coneixem les deu mil peces que formen la cèl·lula però no sabem ni com ni amb qui s'ajunten.

En un article [publicat a la revista *Nature Communications*](#), científics del Centre de Regulació Genòmica (CRG) descriuen el desenvolupament d'un nou mètode, anomenat "rec-YnH", que ha estat dissenyat per a identificar els complexos que es formen entre centenars de proteïnes i molècules d'ARN a la vegada.

El mètode, que ha estat liderat [Sebastian Maurer](#) i desenvolupat en col·laboració amb el laboratori de [Luis Serrano](#), és la primera tècnica que permet la detecció d'interaccions entre un gran nombre de proteïnes i fragments d'ARN al mateix temps. A més, els investigadors es van esforçar per aconseguir un mètode que fos factible i econòmic, perquè pugui ser utilitzat en qualsevol laboratori.

"El nostre mètode mesura fidelment les interaccions entre grans quantitats de proteïnes i entre proteïnes amb fragments d'ARN, sense necessitat de comptar amb equips cars ni complicats", explica [Sebastian Maurer](#). "Aquesta metodologia la pot emprar qualsevol laboratori d'investigació biomèdica estàndard i pot servir tant per estudiar un procés molecular concret dins de la cèl·lula, com per explorar milions d'interaccions entre proteïnes alhora per tal de trobar aquells complexos implicats en una malaltia en particular", conclou.

Dos grups de recerca del CRG han combinat la seva experiència en bioinformàtica, bioquímica i biologia molecular per desenvolupar i validar experimentalment el mètode. "La nostra col·laboració ha donat lloc a un mètode factible i econòmic que produeix mapes de gran qualitat de les interaccions entre proteïnes i proteïnes-ARN", afirma Jae-Seong Yang, investigador post doctoral i un dels primers autors de treball.

"Les interaccions entre proteïnes i ARN són essencials per a molts processos biològics, com la regulació dels gens, i el nostre mètode és el primer que pot detectar-les entre centenars de proteïnes i ARN al mateix temps. Comptar amb una nova eina tan eficient, serà extremadament útil per a respondre preguntes importants relacionades amb moltes malalties", afegeix Mireia Garriga, primera autora del treball i investigadora del CRG.

Referència: Jae-Seong Yang, Mireia Garriga-Canut, Nele Link, Carlo Carolis, Katrina Broadbent, Violeta Beltran, Luis Serrano, and Sebastian P. Maurer. "rec-YnH: An assay for the many-by-many detection of direct protein-protein and protein-RNA interactions" Nature Communications (2018). DOI: [10.1038/s41467-018-06128-x](https://doi.org/10.1038/s41467-018-06128-x)

Informació sobre finançament: Aquest estudi ha comptat amb el suport i el finançament del Ministeri d'Economia, Indústria i Competitivitat mitjançant el programa Juan de la Cierva – Incorporació (IJCI-2014-22070) i els ajuts BFU2015-63571-P, BFU2014-54278-P, y BFU2015-62550-ERC, "Centro de Excelencia Severo Ochoa 2013-2017" (SEV-2012-0208), pla estatal (PE 2013-2016 PN FEDER), el programa CERCA de la Generalitat de Catalunya i els Fons Europeus de Desenvolupament Regional (FEDER).

Per a més informació i entrevistes:

Laia Cendrós, responsable de premsa, Centre de Regulació Genòmica (CRG)
laia.cendros@crg.eu – Tel. +34 933160237 – Mòbil +34607611798