

## LA MIDA ÉS IMPORTANT... I L'ESTRUCTURA TAMBÉ! UN NOU ALGORITME PREDIU LA INTERACCIÓ DE LES PROTEÏNES AMB ARNs NO CODIFICANTS

- Investigadors del Centre de Regulació Genòmica han desenvolupat *Global Score*, un mètode que permet, per primera vegada, predir les interaccions entre proteïnes i ARNs no codificants independentment de la seva mida.
- Aquest algoritme ajuda els científics a identificar i prioritzar possibles candidats a interaccionar per a validar-los experimentalment i així comprendre el paper dels ARN no codificants tant en el funcionament normal de les cèl·lules com també en la malaltia.

Lluny de fer una simple lectura de la informació que conté el genoma humà i amb l'objectiu d'arribar a comprendre-la, els investigadors aspiren a conèixer els pros i contres de cadascun dels elements que regulen aquest engranatge tan minuciosament regulat. Molts laboratoris, consorcis i projectes se centren en aconseguir una visió global de les regions funcionals del genoma i en conèixer quins gens es troben actius en cada tipus cel·lular, per exemple, en neurones, cèl·lules de la pell o del cor.

Curiosament, només una petita fracció del genoma humà (prop del 2%) conté gens que codifiquin per proteïnes, que són els components bàsics de la cèl·lula. El 98% restant és important per a regular l'expressió dels gens, és a dir, està implicat en controlar quan i on s'activen el gens. Aquesta gran proporció del genoma produeix molècules d'ARN, anomenades ARN no codificant, de diferent mida, estructura i funcions. Els diferents tipus d'ARN no codificant poden interactuar amb les proteïnes i, aquesta informació pot ser clau perquè l'engranatge funcioni i cada cèl·lula activi o silenciï els gens que necessita. Actualment s'estan fent grans esforços per estudiar seqüències llargues d'ARN i, aconseguir-ho mitjançant mètodes experimentals al laboratori és encara un repte enorme perquè implica anar provant "a cegues".

[En un treball que recentment ha publicat la revista \*Nature Methods\*](#), investigadors del [Centre de Regulació Genòmica](#) a Barcelona, en col·laboració amb científics al [Laboratori Europeu de Biologia Molecular a Monterotondo](#) (Itàlia) i l'[Institut de Tecnologia de Califòrnia](#) (EEUU), proposen una nova eina computacional per predir les interaccions de proteïnes amb ARNs no codificants llargs, que ells mateixos han validat experimentalment.

"Els ARNs no codificants llargs interactuen con diverses proteïnes per regular funcions cel·lulars importants. Intentar identificar aquestes interaccions pot ser un bon punt de partida per comprendre el paper d'aquestes molècules en el funcionament norma de la cèl·lula, però també per saber què passa en la malaltia," explica [Gian Gaetano Tartaglia](#), professor d'investigació ICREA al Centre de Regulació Genòmica (CRG) i investigador principal d'aquest article.

La nova eina computacional, que els científics han anomenat *Global Score*, permet predir, en quin punt de la llarga seqüència d'ARN no codificant hi podria haver una interacció amb una proteïna. Per aconseguir-ho, aquest algoritme integra no només la propensió d'una proteïna per unir-se a un ARN en particular sinó també compta amb les característiques

locals i particularitats d'aquesta unió, considerant l'estructura tridimensional d'ambdues molècules. "L'estructura de l'ARN és absolutament important per predir interaccions amb proteïnes. El nostre principal repte era ser capaços de treballar amb seqüències d'ARN independentment de la seva longitud per poder mantenir una visió completa de les propietats de la seva estructura en buscar possibles proteïnes candidates a interaccionar," afegix Davide Cirillo, investigador postdoctoral al CRG i primer autor del treball. "L'algoritme que hem desenvolupat integra tota aquesta informació i ens permet no només predir quines proteïnes podrien interactuar sinó també classificar-les i establir prioritats per la seva validació experimental", conclou l'investigador.

De nou, aquest treball posa de manifest la importància de la bioinformàtica i la biologia computacional per avançar en el coneixement i el seu paper com a motor per accelerar la recerca en les ciències de la vida.

**Referència:** Cirillo et al. "Quantitative predictions of protein interactions with long non-coding RNAs" Nature Methods. 14, 5-6 (2017). DOI: [10.1038/nmeth.4100](https://doi.org/10.1038/nmeth.4100)

**Imatges disponibles:** <https://www.dropbox.com/sh/ckbe6epqq7kn178/AADSWb5Cd66ileJ-9nTBLIVja?dl=0>

**Contacte per mitjans:**

Laia Cendrós, Oficina de premsa, Centre de Regulació Genòmica (CRG)

Tel. +34 93 316 02 37 – Mòbil +34 607 611 798 – E-correu: [laia.cendros@crg.eu](mailto:laia.cendros@crg.eu)