

## **EL TAMAÑO IMPORTA... ¡Y LA ESTRUCTURA TAMBIÉN! UN NUEVO ALGORITMO PREDICE LA INTERACCIÓN DE LAS PROTEÍNAS CON ARNs NO CODIFICANTES**

- Investigadores del Centro de Regulación Genómica han desarrollado *Global Score*, un método que permite, por primera vez, predecir las interacciones entre proteínas y ARNs no codificantes independientemente de su tamaño.
- Este algoritmo ayuda a los científicos a identificar y priorizar posibles candidatos a interactuar para validarlos experimentalmente, lo que nos permite comprender el papel de los ARN no codificantes en el funcionamiento normal de las células y también en la enfermedad.

Lejos de hacer una simple lectura de la información que contiene el genoma humano y con el objetivo de llegar a comprenderla, los investigadores aspiran a conocer los pros y contras de cada uno de los elementos que regulan este engranaje tan minuciosamente regulado. Muchos laboratorios, consorcios y proyectos se centran en obtener una visión global de las regiones funcionales del genoma y en conocer qué genes se encuentran activos en cada tipo celular ya sean neuronas, células de la piel o del corazón.

Curiosamente, sólo una pequeña fracción del genoma humano (cerca del 2%) contiene genes que codifiquen para proteínas, que son los componentes básicos en la célula. El 98% restante es importante para regular la expresión de dichos genes, es decir, está implicado en controlar cuándo y dónde se activan. Esta gran proporción del genoma produce, moléculas de ARN, llamadas ARN no codificante, de distintos tamaños, estructuras y funciones. Los diferentes tipos de ARN no codificante pueden interactuar con las proteínas y, dicha interacción puede ser clave para que el engranaje funcione y cada célula active o silencie los genes que necesite. Actualmente se están haciendo grandes esfuerzos para estudiar el papel de estos ARN no codificantes. Lamentablemente, hasta la fecha, no existían herramientas computacionales que permitieran estudiar secuencias largas de ARN e, intentarlo mediante métodos experimentales en el laboratorio es todavía un enorme reto porque supone ir probando “a ciegas”.

[En un trabajo que recientemente ha publicado la revista \*Nature Methods\*](#), investigadores del [Centro de Regulación Genómica](#) en Barcelona (España), en colaboración con científicos en el [Laboratorio Europeo de Biología Molecular en Monterotondo](#) (Italia) y el [Instituto de Tecnología de California](#) (EEUU), proponen una nueva herramienta computacional para predecir las interacciones de proteínas con ARNs no codificantes largos, que ellos mismos han validado experimentalmente.

“Los ARNs no codificantes largos interactúan con varias proteínas para mediar funciones celulares importantes. Intentar identificar estas interacciones puede ser un buen punto de partida para comprender el papel de estas moléculas en el funcionamiento normal de la célula, pero también para comprender qué pasa en la enfermedad,” explica [Gian Gaetano Tartaglia](#), profesor de investigación ICREA en el Centro de Regulación Genómica (CRG) e investigador principal de este artículo.

La nueva herramienta computacional, cuyo nombre es *Global Score*, permite a los científicos predecir, en qué punto de la larga secuencia de ARN no codificante podría haber una interacción con una proteína. Para conseguirlo, este algoritmo integra no sólo la propensión de una proteína para unirse a un ARN en particular sino también cuenta con las características locales y particularidades de dicha unión, incluyendo la estructura tridimensional de ambas moléculas. “La estructura del ARN es absolutamente importante para predecir interacciones con proteínas. Nuestro principal reto era ser capaces de trabajar con secuencias de ARN independientemente de su longitud para poder mantener una visión completa de las propiedades de su estructura al buscar posibles proteínas candidatas a interactuar,” añade Davide Cirillo, investigador postdoctoral en el CRG y primer autor del trabajo. “El algoritmo que hemos desarrollado integra toda esta información y nos permite no sólo predecir qué proteínas podrían interactuar sino también clasificarlas y establecer prioridades para su validación experimental”, concluye el investigador.

De nuevo, este trabajo pone de manifiesto la importancia de la bioinformática y la biología computacional para el avance del conocimiento y su papel como motor para acelerar la investigación en las ciencias de la vida.

**Referencia:** 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)

**Imágenes disponibles:**

<https://www.dropbox.com/sh/ckbe6epqg7kn178/AADSWb5Cd66ileJ-9nTBLIVja?dl=0>

**Contacto para medios:**

Laia Cendrós, Oficina de prensa, Centro de Regulación Genómica (CRG)

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