

## Identifican nuevas regiones frontera dentro del ADN oscuro

**Una investigación internacional coordinada por científicos del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad Pablo de Olavide (UPO) de Sevilla ha descubierto la existencia de señales en el ADN no codificante que identifican y protegen a genes cuya función es esencial durante el desarrollo. Los investigadores han concluido también que, debido a su importancia, estas señales se han mantenido constantes evolutivamente en todos los vertebrados. El trabajo se publica en el último número de la revista 'Nature Structural and Molecular Biology'.**

[Me gusta](#)[Regístrate](#) para ver qué les gusta a tus amigos.

'Las señales descubiertas actúan a modo de fronteras o lindes génicos, delimitando el campo de acción de los elementos que regularán la expresión de dichos genes, aislándolos y protegiéndolos de interferencias no deseadas', explica José Luis Gómez Skarmeta, investigador del CSIC en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (centro mixto del CSIC, la Universidad Pablo de Olavide y la Junta de Andalucía).

El genoma de cualquier individuo es una larga secuencia que combina cuatro letras químicas. La secuencia contiene las instrucciones que hicieron posible su desarrollo y las alteraciones que le van a predisponer, en mayor o menor grado, a padecer ciertas enfermedades. Parte del genoma, el llamado ADN codificante, contiene los genes que dan lugar a las proteínas. Para el resto (más del 95%), conocido como ADN no codificante, los científicos aún no son capaces de asignar una función clara. Las fronteras identificadas se enmarcan dentro de este ADN oscuro.

'Es como si nuestra lectura actual del genoma fuera la de un poema del que desconocemos la métrica y los signos de puntuación. Estas regiones serían esos signos, que han resultado ser constantes independientemente del tipo celular e incluso del organismo', explica Fernando Casares, también del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. De hecho, el trabajo ha demostrado que estas señales se encuentran en todos los vertebrados, lo que implica que se han mantenido constantes a lo largo de la evolución.

'Hay numerosas enfermedades debidas a alteraciones en regiones que no codifican genes, pero que contienen regiones reguladoras que controlan la expresión de determinados genes. El problema hasta ahora ha sido determinar cuáles son los genes afectados por las regiones alteradas. Las señales que hemos identificado nos ayudan a asignar regiones reguladoras a sus respectivos genes', resumen Skarmeta.

Un trabajo anterior del mismo grupo ya demostraba que entre un cinco y un diez por ciento de las asociaciones entre mutaciones, genes y enfermedades podrían estar mal asignadas, y conocer la situación y función de estas regiones podría ayudar a subsanar estos errores. 'De hecho, el análisis de estas señales podrá servir para ampliar los actuales sistemas de diagnóstico genético', añade el investigador.

A modo de ejemplo, este nuevo trabajo describe la existencia de estas señales alrededor de genes que cuando dejan de funcionar correctamente son responsables de la esclerosis múltiple, una enfermedad neurodegenerativa. Hasta ahora se pensaba que estas mutaciones afectaban al gen más próximo, EVI5. Sin embargo, el trabajo indicaba que varias de estas fronteras génicas separaban a estas mutaciones de EVI5, por lo que éstas deberían afectar a otro gen, que resultó ser GF11.

El descubrimiento vuelve a poner de relieve el papel del ADN no codificante, también conocido como ADN basura o ADN oscuro, que representa más del 95 por ciento de nuestro genoma y que hasta hace poco se consideraba de escaso interés, ya que no contiene los genes responsables de las proteínas. Sin embargo en los últimos años, los investigadores han descubierto que este ADN contiene muchas de las claves que permiten explicar por qué los genes se activan en determinados momentos del desarrollo, o por qué lo hacen en unas células y no en otras.

En el trabajo también han participado investigadores del Centro Nacional de Biotecnología y el Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neira, ambos del CSIC; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, la Universidad Autónoma de México, el Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, el Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras y el Instituto de Biología Molecular e Celular (Oporto, Portugal).

### Terra | Noticias:

[Noticias](#) | [Inicio](#) | [España](#) | [Mundo](#) | [Local](#) | [Sucesos](#) | [Gente y Cultura](#) | [Especiales](#) | [Vídeos](#) | [Fotos](#) |[RSS Terra Noticias](#) | [Página Inicio Terra Noticias](#) | [Mapa Web](#) |

### Otros enlaces:

[Conoce Terra en otros países](#) | [Aviso e Información legales](#) | [Anúnciate](#) | [Política de privacidad](#) | [Copyright 2011](#) | [Telefónica de España, S.A.U](#) |

Cerrar

+

Iniciar sesión

Regístrate

Buscar

# véndelo



**segundamano**.es

La web para comprar y vender

Cerrar

+

Iniciar sesión

Regístrate

Buscar

**ÚLTIMA HORA** 11.15: La Unión Europea prohíbe al presidente sirio viajar a Europa y congela sus activos.

SUSCRIBETE A LAS ALERTAS SMS

20minutos.tv Listas laBlogoteca Juegos CC RSS

Portada Nacional Internacional Economía Tu ciudad Deportes Tecnología & Internet Artes Gente y TV Comunidad20 Blogs  
 Andalucía Aragón Asturias Barcelona/Cataluña Castilla y León C.Valenciana Galicia Madrid P.Vasco Reg.Murcia Otras ciudades  
 Videojuegos Motor Belleza y salud Viajes Vivienda Empleo Viñetas Archivo Edición impresa Boletines Servicios

Sevilla

# Identifican nuevas regiones frontera dentro del ADN oscuro

((Esta noticia está embargada hasta las 19,00 horas de este domingo))

ECO

Poca actividad social

¿Qué es esto?

0

0

Me gusta

EUROPA PRESS. 22.05.2011

Una investigación internacional coordinada por científicos del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad Pablo de Olavide (UPO) de Sevilla ha descubierto la existencia de señales en el ADN no codificante que identifican y protegen a genes cuya función es esencial durante el desarrollo. Los investigadores han concluido también que, debido a su importancia, estas señales se han mantenido constantes evolutivamente en todos los vertebrados. El trabajo se publica en el último número de la revista 'Nature Structural and Molecular Biology'.



[Ampliar foto](#)

"Las señales descubiertas actúan a modo de fronteras o lindes génicos, delimitando el campo de acción de los elementos que regularán la expresión de dichos genes, aislándolos y protegiéndolos de interferencias no deseadas", explica José Luis Gómez Skarmeta, investigador del CSIC en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (centro mixto del CSIC, la Universidad Pablo de Olavide y la Junta de Andalucía).

El genoma de cualquier individuo es una larga secuencia que combina cuatro letras químicas. La secuencia contiene las instrucciones que hicieron posible su desarrollo y las

alteraciones que le van a predisponer, en mayor o menor grado, a padecer ciertas enfermedades. Parte del genoma, el llamado ADN codificante, contiene los genes que dan lugar a las proteínas. Para el resto (más del 95%), conocido como ADN no codificante, los científicos aún no son capaces de asignar una función clara. Las fronteras identificadas se enmarcan dentro de este ADN oscuro.

"Es como si nuestra lectura actual del genoma fuera la de un poema del que desconocemos la métrica y los signos de puntuación. Estas regiones serían esos signos, que han resultado ser constantes independientemente del tipo celular e incluso del organismo", explica Fernando Casares, también del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. De hecho, el trabajo ha demostrado que estas señales se encuentran en todos los vertebrados, lo que implica que se han mantenido constantes a lo largo de la evolución.

"Hay numerosas enfermedades debidas a alteraciones en regiones que no codifican genes, pero que contienen regiones reguladoras que controlan la expresión de determinados genes. El problema hasta ahora ha sido determinar cuáles son los genes afectados por las regiones alteradas. Las señales que hemos identificado nos ayudan a asignar regiones reguladoras a sus respectivos genes", resumen Skarmeta.

Un trabajo anterior del mismo grupo ya demostraba que entre un cinco y un diez por ciento de las asociaciones entre mutaciones, genes y enfermedades podrían estar mal asignadas, y conocer la situación y función de estas regiones podría ayudar a subsanar estos errores. "De hecho, el análisis de estas señales podrá servir para ampliar los actuales sistemas de diagnóstico genético", añade el investigador.

A modo de ejemplo, este nuevo trabajo describe la existencia de estas señales alrededor de genes que cuando dejan de funcionar correctamente son responsables de la esclerosis múltiple, una enfermedad neurodegenerativa. Hasta ahora se pensaba que estas mutaciones afectaban al gen más próximo, EVI5. Sin embargo, el trabajo indicaba que varias de estas fronteras génicas separaban a estas mutaciones de EVI5, por lo que éstas deberían afectar a otro gen, que resultó ser GF11.

El descubrimiento vuelve a poner de relieve el papel del ADN no codificante, también conocido como ADN basura o ADN oscuro, que representa más del 95 por ciento de nuestro genoma y que hasta hace poco se consideraba de escaso interés, ya que no contiene los genes responsables de las proteínas. Sin embargo en los últimos años, los investigadores han descubierto que este ADN contiene muchas de las claves que permiten explicar por qué los genes se activan en determinados momentos del desarrollo, o por qué lo hacen en unas células y no en otras.

↓ PUBLICIDAD ↓



## Noticias de Tu ciudad

Sevilla Andalucía

Un libro "alejado de lo legendario" resume los últimos 500 años de historia de Semana Santa y ciudad

El escrutinio oficial durará cuatro días y los ayuntamientos se constituirán el día 11 de junio

PP gana las municipales en Andalucía con 7,14 puntos y 290.902 votos más que el PSOE-A con el 100% escrutado

Abengoa y la UIIMP analizan desde este lunes el modelo energético dentro de la Escuela Cambio Climático

Coches Seguros Pisos Viajes

Compara precios de hasta 20 aseguradoras

CALCULAR PRECIOS

asesorseguros.com

¡Ahorra hasta 500€ en 3 minutos



renfe 902 320 320 www.renfe.com

El Tiempo en Sevilla

© eltiempo.es, foreca

Cerrar

+

Iniciar sesión

Regístrate

Buscar

CLAVES DE  
UN BUEN  
NEGOCIO

SEGUROS A MEDIDA



FÉNIX DIRECTO

**Autobuses Para Eventos**

Alquiler de Autocares para eventos profesionales. Pide Precios.

Anuncios Google

lunes, 23 de mayo de 2011 | 11:12 | www.gentedigital.es |  

**Gente**

Buscar

**Kiosko.NET**

Todas las portadas de hoy.  
Toda la prensa del día.

# Identifican nuevas regiones frontera dentro del ADN oscuro

((Esta noticia está embargada hasta las 19,00 horas de este domingo))

22/5/2011 - 10:47

((Esta noticia está embargada hasta las 19,00 horas de este domingo))

SEVILLA, 22 (EUROPA PRESS)

Una investigación internacional coordinada por científicos del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad Pablo de Olavide (UPO) de Sevilla ha descubierto la existencia de señales en el ADN no codificante que identifican y protegen a genes cuya función es esencial durante el desarrollo. Los investigadores han concluido también que, debido a su importancia, estas señales se han mantenido constantes evolutivamente en todos los vertebrados. El trabajo se publica en el último número de la revista 'Nature Structural and Molecular Biology'.

"Las señales descubiertas actúan a modo de fronteras o lindes génicos, delimitando el campo de acción de los elementos que regularán la expresión de dichos genes, aislándolos y protegiéndolos de interferencias no deseadas", explica José Luis Gómez Skarmeta, investigador del CSIC en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (centro mixto del CSIC, la Universidad Pablo de Olavide y la Junta de Andalucía).

El genoma de cualquier individuo es una larga secuencia que combina cuatro letras químicas. La secuencia contiene las instrucciones que hicieron posible su desarrollo y las alteraciones que le van a

predisponer, en mayor o menor grado, a padecer ciertas enfermedades. Parte del genoma, el llamado ADN codificante, contiene los genes que dan lugar a las proteínas. Para el resto (más del 95%), conocido como ADN no codificante, los científicos aún no son capaces de asignar una función clara. Las fronteras identificadas se enmarcan dentro de este ADN oscuro.

"Es como si nuestra lectura actual del genoma fuera la de un poema del que desconocemos la métrica y los signos de puntuación. Estas regiones serían esos signos, que han resultado ser constantes independientemente del tipo celular e incluso del organismo", explica Fernando Casares, también del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. De hecho, el trabajo ha demostrado que estas señales se encuentran en todos los vertebrados, lo que implica que se han mantenido constantes a lo largo de la evolución.

"Hay numerosas enfermedades debidas a alteraciones en regiones que no codifican genes, pero que contienen regiones reguladoras que controlan la expresión de determinados genes. El problema hasta ahora ha sido determinar cuáles son los genes afectados por las regiones alteradas. Las señales que hemos identificado nos ayudan a asignar regiones reguladoras a sus respectivos genes", resumen Skarmeta.

Un trabajo anterior del mismo grupo ya demostraba que entre un cinco y un diez por ciento de las asociaciones entre mutaciones, genes y enfermedades podrían estar mal asignadas, y conocer la situación y función de estas regiones podría ayudar a subsanar estos errores. "De hecho, el análisis de estas señales podrá servir para ampliar los actuales sistemas de diagnóstico genético", añade el investigador.

A modo de ejemplo, este nuevo trabajo describe la existencia de estas señales alrededor de genes que cuando dejan de funcionar correctamente son responsables de la esclerosis múltiple, una enfermedad neurodegenerativa. Hasta ahora se pensaba que estas mutaciones afectaban al gen más próximo, EVI5. Sin embargo, el trabajo indicaba que varias de estas fronteras génicas separaban a estas mutaciones de EVI5, por lo que éstas deberían afectar a otro gen, que resultó ser GF11.

El descubrimiento vuelve a poner de relieve el papel del ADN no codificante, también conocido como ADN basura o ADN oscuro, que representa más del 95 por ciento de nuestro genoma y que hasta hace poco se consideraba de escaso interés, ya que no contiene los genes responsables de las proteínas. Sin embargo en los últimos años, los investigadores han descubierto que este ADN contiene muchas de las claves que permiten explicar por qué los genes se activan en determinados momentos del desarrollo, o por qué lo hacen en unas células y no en otras.

En el trabajo también han participado investigadores del Centro Nacional de Biotecnología y el Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neira, ambos del CSIC; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, la Universidad Autónoma de México, el Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, el Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras y el Instituto de Biología Molecular e Celular (Oporto, Portugal).

**[BN Outsourcing - Madrid](#)**

BN le permite centrarse en las actividades clave de su negocio  
[www.bnoutsourcing.com](http://www.bnoutsourcing.com)

Anuncios Google

---

Grupo de información GENTE · el líder nacional en prensa semanal gratuita según PGD-OJD



[Iniciar sesión en facebook](#)[Iniciar sesión](#)[Regístrate](#)

Escuelas

Identifican nuevas regiones frontera dentro del ADN oscuro

22/05/2011 | EuropaPress

((Esta noticia está embargada hasta las 19.00 horas de este domingo))

[ Sé el primero en comentar esta noticia ]

0

[Share](#)[Compartir](#)**((Esta noticia está embargada hasta las 19,00 horas de este domingo))**

((Esta noticia está embargada hasta las 19,00 horas de este domingo))

**SEVILLA**, 22 (EUROPA PRESS)

Una investigación internacional coordinada por científicos del [Consejo Superior de Investigaciones Científicas](#) (CSIC) y la [Universidad Pablo de Olavide](#) (UPO) de Sevilla ha descubierto la existencia de señales en el ADN no codificante que identifican y protegen a genes cuya función es esencial durante el desarrollo. Los investigadores han concluido también que, debido a su importancia, estas señales se han mantenido constantes evolutivamente en todos los vertebrados. El trabajo se publica en el último número de la revista 'Nature Structural and Molecular Biology'.

"Las señales descubiertas actúan a modo de fronteras o lindes génicos, delimitando el campo de acción de los elementos que regularán la expresión de dichos genes, aislándolos y protegiéndolos de interferencias no deseadas", explica José Luis Gómez Skarmeta, investigador del CSIC en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (centro mixto del CSIC, la [Universidad Pablo de Olavide](#) y la [Junta de Andalucía](#)).

El genoma de cualquier individuo es una larga secuencia que combina cuatro letras químicas. La secuencia contiene las instrucciones que hicieron posible su desarrollo y las alteraciones que le van a predisponer, en mayor o menor grado, a padecer ciertas enfermedades. Parte del genoma, el llamado ADN codificante, contiene los genes que dan lugar a las proteínas. Para el resto (más del 95%), conocido como ADN no codificante, los científicos aún no son capaces de asignar una función clara. Las fronteras identificadas se enmarcan dentro de este ADN oscuro.

"Es como si nuestra lectura actual del genoma fuera la de un poema del que desconocemos la métrica y los signos de puntuación. Estas regiones serían esos signos, que han resultado ser constantes independientemente del tipo celular e incluso del organismo", explica Fernando Casares, también del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. De hecho, el trabajo ha demostrado que estas señales se encuentran en todos los vertebrados, lo que implica que se han mantenido constantes a lo largo de la evolución.

"Hay numerosas enfermedades debidas a alteraciones en regiones que no codifican genes, pero que contienen regiones reguladoras que controlan la expresión de determinados genes. El problema hasta ahora ha sido determinar cuáles son los genes afectados por las regiones alteradas. Las señales que hemos identificado nos ayudan a asignar regiones reguladoras a sus respectivos genes", resumen Skarmeta.

Un trabajo anterior del mismo grupo ya demostraba que entre un cinco y un diez por ciento de las asociaciones entre mutaciones, genes y enfermedades podrían estar mal asignadas, y conocer la situación y función de estas regiones podría ayudar a subsanar estos errores. "De hecho, el análisis de estas señales podrá servir para ampliar los actuales sistemas de diagnóstico genético", añade el investigador.

A modo de ejemplo, este nuevo trabajo describe la existencia de estas señales alrededor de genes que cuando dejan de funcionar correctamente son responsables de la esclerosis múltiple, una enfermedad neurodegenerativa. Hasta ahora se pensaba que estas mutaciones afectaban al gen más próximo, EVI5. Sin embargo, el trabajo indicaba que varias de estas fronteras génicas separaban a estas mutaciones de EVI5, por lo que éstas deberían afectar a otro gen, que resultó ser GF11.

El descubrimiento vuelve a poner de relieve el papel del ADN no codificante, también conocido como ADN basura o ADN oscuro, que representa más del 95 por ciento de nuestro genoma y que hasta hace poco se consideraba de escaso interés, ya que no contiene los genes responsables de las proteínas. Sin embargo en los últimos años, los investigadores han descubierto que este ADN contiene muchas de las claves que permiten explicar por qué los genes se activan en determinados momentos del desarrollo, o por qué lo hacen en unas células y no en otras.

En el trabajo también han participado investigadores del Centro Nacional de Biotecnología y el Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neira, ambos del CSIC; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, la Universidad Autónoma de México, el [Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares](#), el Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras y el [Instituto de Biología Molecular](#) e Celular (Oporto, [Portugal](#)).

## Temas relacionados

[ESPAÑA](#) [EDUCACIÓN](#) [ESCUELAS](#) [UNIVERSIDAD](#) [LUGARES](#) [PORTUGAL](#) [SEVILLA](#) [EMPRESAS](#) [CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS](#) [UNIVERSIDAD PABLO DE OLAVIDE](#) [JUNTA DE ANDALUCÍA](#) [CENTRO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CARDIOVASCULARES](#) [INSTITUTO DE BIOLOGÍA MOLECULAR](#)

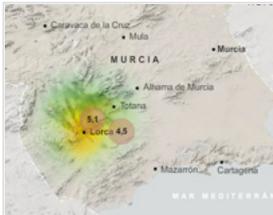
Información relacionada

**Identifican nuevas regiones frontera dentro del ADN oscuro**

Compartir

Share

Destacamos



**Resumen visual del terremoto de Lorca**  
Gráfico explicativo del terremoto de 11 de mayo.



**Claves de la declaración de la renta**  
Todas los entresijos para ayudarte a no meter la pata.



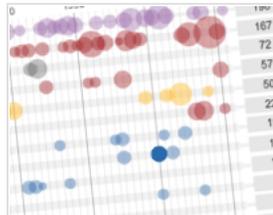
**En política, una foto vale más que mil palabras**  
Te damos cinco claves en comunicación política



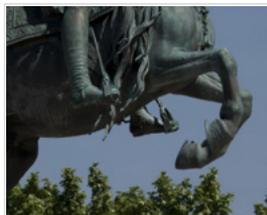
**El milagro de Austin Whitney**  
Un estudiante paralítico con el exoesqueleto de un profesor.



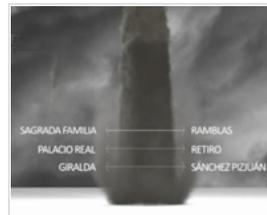
**¿Y si no quieres votar a partidos?**  
Cómo diferenciar el voto en blanco del voto nulo.



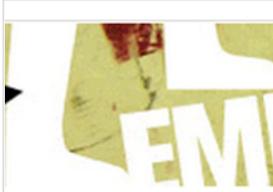
**El mejor palmarés según tus criterios**  
Valora cada título para ver que equipo suma más puntos.



**Los secretos del Madrid más oculto**  
Un paseo por las historias escondidas de la ciudad



**Cómo se forma un tornado**  
Las causas de un fenómeno meteorológico sin explicación.



**Es posible llegar a ser emprendedor**  
Estas once voces españolas nos lo demuestran

**Quiero trabajar con niños**  
Curso educador infantil Título homologado. Curso 2011

**Educación Secundaria**  
¿Eres mayor de 18 y quieres el graduado de ESO? Te ayudamos!



Últimas noticias

**Zapatero emprende una cruzada para tocarle el bolsillo a los banqueros**  
Hace 00 minutos Leer artículo completo en [www.que.es](http://www.que.es)

**«Fondos» de armario para crecer**  
Hace 00 minutos Leer artículo completo en [www.que.es](http://www.que.es)

**Grecia presenta hoy nuevas medidas de austeridad y privatizaciones**  
Hace 00 minutos Leer artículo completo en [www.que.es](http://www.que.es)

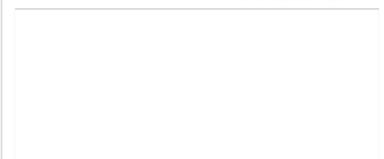
**La bolsa sentencia a Zapatero: Caídas del 1% con el riesgo país en máximos**  
Hace 00 minutos Leer artículo completo en [www.que.es](http://www.que.es)

**La bolsa sentencia a Zapatero: Caídas del 1% con el riesgo país en máximos**  
Hace 00 minutos Leer artículo completo en [www.abc.es](http://www.abc.es)

**Bankia colocaría hasta 4.000 millones en bolsa**  
Hace 01 minuto Leer artículo completo en [www.invertia.com](http://www.invertia.com)

Especiales

MÁS RECIENTES



MÁS ANTIGUAS

- Portada
- Últimas noticias
- Videos
- Fotos
- Gráficos
- Blogs
- Categorías
- Lugares
- Personajes

Secciones	Mundo	España	Deportes	Economía	Artes	Tendencias	Ciencia	Gente	Televisión	Microservios	Humor
<b>Servicios</b> Lotería Programación TV Tráfico Juegos Coches de ocasión Comparador de seguros	<b>Sobre nosotros</b> Conócenos Quiénes Somos Redacción Publicidad Blog 'Proyecto i' Mapa del sitio Tef: 91 766 81 17	<b>Otros webs</b> 233grados.com Practicopedia.com Resultados-futbol.com Gaussianos 233libros.com Metaconfidencial.com	<b>Aviso legal</b> Condiciones de uso Política de privacidad								
Busca en miles de textos, vídeos y fotos 											

**Síguenos también en:** [Facebook](#) [Twitter](#) [Flickr](#) [Google News](#) [Youtube](#) [iPhone](#) [iPad](#) [Android](#)  
Copyright © la información Todos los derechos reservados