

Salud

MEDIANTE EL ARN QUIMÉRICO

Científicos españoles descubren una nueva forma de codificar la información del genoma

Directorio

- [Centro Nacional Investigaciones Oncológicas](#)
- [Genome Research](#)
- [Centro Regulación Genómica Barcelona](#)
- [Programa Biología Estructural Biocomputación Alfonso Valencia](#)

MADRID, 15 Jun. (EUROPA PRESS) -

Un grupo de bioinformáticos del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), en colaboración con científicos del Centro de Regulación Genómica de Barcelona (CRG) han publicado varios resultados, el último en 'Genome Research', que muestran que podría haber una nueva forma de codificar la información que contiene el genoma aun por explorar, el ARN quimérico, que podría abrir una nueva línea de investigación con muchas implicaciones en genómica humana y cáncer.

Como han reconocido los investigadores, secuenciar el genoma humano fue solo un primer paso, pero todavía sigue pendiente saber cómo decodificarlo y entender cómo en una única molécula está empaquetada la información para construir un ser humano.

En este sentido, el director del Programa de Biología Estructural y Biocomputación del CNIO, Alfonso Valencia, ha avanzado que la clave puede estar en el ARN quimérico, construido no a partir de un gen, sino de fragmentos de varios genes.

"La codificación de información en el genoma es más compleja de lo que creíamos, y también pueden producirse RNAs que combinen la información de dos genes distintos", ha explicado este experto, que reconoce que con el nombre de "ARN quimérico" han querido recordar "los seres mitológicos integrados por partes de dos animales distintos".

Aunque en 2006 ya se demostró la prevalencia de este fenómeno, el trabajo actual va en la dirección de "confirmar su importancia biológica", ha añadido Roderic Guigó, coordinador del programa Bioinformática y Genómica del CRG.

El ADN contiene los genes, que son traducidos a proteínas. El ARN actúa como molécula intermediaria y representa un paso indispensable en el proceso: para traducir un gen en una proteína, primero hay que construir el ARN correspondiente.

La visión clásica de cómo está almacenada la información en el genoma dice que la correspondencia es uno-uno, es decir: un gen, un ARN, una proteína. Eso era lo que se esperaba cuando se secuenció el genoma, a principios de la pasada década. Pero enseguida apareció un

problema: el genoma humano contiene unos 20.000 genes, mientras que la variedad de proteínas en el cuerpo humano es muy superior.

Actualmente se sabe que un único gen puede dar lugar a varias proteínas, algo equivalente a que una palabra tenga significados distintos aunque se escriba igual, como "solo", "bonito" o "polo".

Pero sigue sin estar claro si el fenómeno es muy frecuente --si todos los genes pueden dar lugar a muchas proteínas-- o es más bien una rareza. De hecho, el grupo de Valencia también ha hecho avances en esta área, y en un trabajo publicado en abril en 'Molecular Evolution Biology' se demostró que la traducción de un único gen en varias proteínas, aunque ocurre, es poco habitual.

MÁS PROTEÍNAS QUE GENES

Pero el ARN quimérico también contribuye a que haya más proteínas distintas que genes. Vendría a ser como si el sistema que lee y traduce los genes pudiera obtener, de dos de ellos, tres o más significados. Así, por ejemplo, "silla" y "verano" serían traducciones directas, pero además estarían "lla-ve"; "lla-no"; "si-no" ...

La existencia del ARN quimérico se conocía ya, y también se sabía que algunos ARN quiméricos son traducidos a proteínas -otros, como ocurre con el ARN normal, no quimérico, se quedan en la fase de ARN-. Pero las proteínas quiméricas se consideraban más bien una rareza propia de procesos patológicos, por ejemplo, el desarrollo de tumores.

Los bioinformáticos del CNIO y del CRG han rebuscado a fondo en las bases de datos de genes, ARN y proteínas, han realizado nuevos experimentos y finalmente han descubierto que hay mucho más ARN quimérico de lo que se creía. También detectan casos de traducción a proteínas en lo que parece ser un proceso normal en tejidos sanos, no sólo tumorales.

En concreto, han identificado 175 transcritos ARN quiméricos presentes en 16 tejidos humanos y 12 proteínas quiméricas nuevas, lo que plantea muchas preguntas, como el peso que tiene realmente este proceso en relación a toda la información en el genoma, qué hace encajar por fin el número de genes y el de proteínas o cuántas proteínas quiméricas hay en total.

"Acabamos de abrir una vía y esperamos que ahora la sigan muchos grupos", ha asegurado Valencia, que reconoce que "aún queda mucho para aprender a interpretar completamente lo que está escrito en el genoma".

© 2012 Europa Press. Está expresamente prohibida la redistribución y la redifusión de todo o parte de los servicios de Europa Press sin su previo y expreso consentimiento.