

[¿Quiénes somos?](#) [FAQs](#) [Manual de Estilo](#) [Contacto](#) [Mapa del sitio](#)



[PORTADA](#) [CIENCIAS NATURALES](#) [TECNOLOGÍAS](#) [BIOMEDICINA Y SALUD](#) [MATEMÁTICAS, FÍSICA Y QUÍMICA](#) [HUMANIDADES](#) [CIENCIAS SOCIALES](#) [POLÍTICA CIENTÍFICA](#) [INN](#)

[NOTICIAS](#) [REPORTAJES](#) [ENTREVISTAS](#) [MULTIMEDIA](#) [AGENDA](#) [ESPECIALES](#) [OPINIÓN](#) [ALERTAS](#)

[EMBARGOS](#) [INVESTIGADORES](#)

Biomedicina y Salud: Otras especialidades médicas

Los bioinformáticos exploran nuevas formas de codificar la información en el genoma



Me gusta 0 Tweet 17

Investigadores del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) han descubierto que en células y tejidos sanos hay proteínas que surgen de combinar varios genes distintos. Este fenómeno se consideraba hasta ahora una rareza que sólo se daba en procesos anómalos, por ejemplo, el cáncer.

CNIO/CRG | 15 junio 2012 14:38

FOTOGRAFÍAS

Secuenciar el genoma humano fue solo un primer paso. Sigue pendiente un problema de los que hacen historia: decodificar el genoma, entender cómo en una única molécula está empaquetada la información para construir un ser humano. Y lo que queda no son meros cabos sueltos.

Un grupo de bioinformáticos del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), en Madrid, en colaboración con científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG), en Barcelona, acaban de publicar varios resultados que muestran que podría haber una forma de codificar la información en el genoma aún inexplorada.

Se trata del ARN quimérico, construido no a partir de un gen, sino de fragmentos de varios genes. "Cada vez más datos, algunos muy recientes, nos indican que la codificación de información en el genoma es más compleja de lo que creíamos, y que también pueden producirse RNAs que combinen la información de dos genes distintos", explica Alfonso Valencia, director del Programa de Biología Estructural y Biocomputación del CNIO.

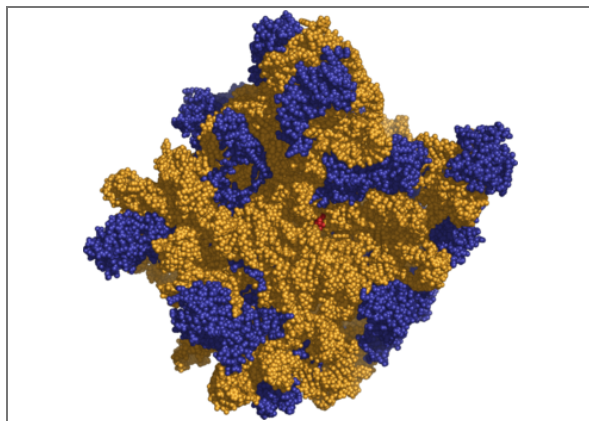
Sigue pendiente todavía entender cómo en una única molécula está empaquetada la información para construir un ser humano

"Los hemos llamado ARN quiméricos recordando los seres mitológicos integrados por partes de dos animales distintos", detalla. "Aunque nosotros ya habíamos demostrado en 2006 la prevalencia de este fenómeno, el trabajo actual va en la dirección de confirmar su importancia biológica", añade 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.

Hoy 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. 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.



Ribosoma 50S que muestra el ARNr (amarillo).
Imagen: [Wikipedia](#)

LO ÚLTIMO

Los inmigrantes en España

Los inmigrantes europeos -un por ciento del origen, y € directamente ha destacado el director de Trasplante

El Informe medios d

¿Están los investigadores principales: a otros ac intereses

"Los descalientes

A unos días Rio+20 se ha escrito un reivindicar cubren el Para Mar escrito e i

Los bioinformáticos formas de genoma

Investigación Investigaciones Centro de descubrir hay proteínas varios genes considerados sólo se da

El esqueleto procede

Dentro de géneros I- de bacterias carbonato en la periferia protosqu Estudios / (CEAB/CS

Los bioinformáticos formas de genoma

Investigación Investigaciones Centro de descubrir hay proteínas

De hecho, el grupo de Valencia también ha hecho avances al respecto. En un trabajo publicado en abril en la revista *Molecular Evolution Biology* demostraron que la traducción de un único gen en varias proteínas, aunque ocurre, es poco habitual.

¿Cuántas proteínas quiméricas hay?

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

En concreto, los investigadores del CNIO han identificado 175 ARN transcritos quiméricos presentes en 16 tejidos humanos y 12 proteínas quiméricas nuevas.

Este nuevo hallazgo plantea muchas preguntas: ¿Qué peso tiene realmente este proceso en relación a toda la información en el genoma? ¿Hace encajar por fin el número de genes y el de proteínas? ¿Cuántas proteínas quiméricas hay en total? ¿Tienen una función que las caracterice? ¿Por qué existen?

“Acabamos de abrir una vía y esperamos que ahora la sigan muchos grupos”, sostiene Valencia. “En mi opinión, lo más importante de estos trabajos es que demuestran que aún nos queda mucho para aprender a interpretar completamente lo que está escrito en el genoma”.

El ARN quimérico

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.

Referencia bibliográfica:

Milana Frenkel-Morgenstern, Vincent Lacroix, Iakes Ezkurdia, Yishai Levin, Alexandra Gabashvili, Jaime Prilusky, Angela del Pozo, Michael Tress, Rory Johnson, Roderic Guigo y Alfonso Valencia. “Chimeras taking shape: Potential functions of proteins encoded by chimeric RNA transcripts”. *Genome Research*, doi:10.1101/gr.130062.111

Si eres periodista y quieres el contacto con los investigadores, [regístrate](#) en SINC como periodista.

Localización: España

Fuente: CNIO/CRG

Comentar

[Conectar](#) o [crear una cuenta de usuario](#) para comentar.

varios ger
considera
sólo se de

Un robot conversa

Investigad
Hertfordst
humanoid
que es ca
niño de er
unos min
humanos.
robot com

El valor d grafeno

A finales c
programa
seleccio
futuras in
escala. Er
GRAPHEI
El caso gr
inver...

Un sisten choquen eólicos

El parque
(Cádiz), e
aerogener
tecnología
malagueñ
certificad
identifican
emiten un

El esquel procede

Dentro de
géneros l
de bacteri
carbonato
en la perif
protoesqu
Estudios /