



“El proyecto ENCODE ha detectado actividad en el 80% del genoma”

Roderic Guigó, líder del grupo de análisis de ARN del proyecto ENCODE, ha explicado en Salamanca las claves de este avance científico que ha revelado muchos secretos del ‘ADN basura’

JPA/DICYT Hace cuatro meses se publicaron en varias revistas científicas los resultados del proyecto ENCODE (acrónimo del inglés *ENCyclopedia Of DNA Elements*, enciclopedia de elementos de ADN), una investigación internacional que revela un gran catálogo de funciones de una parte del genoma que era conocido como *ADN basura* porque no contiene genes que codifiquen proteínas. Sólo dos grupos de investigación españoles, uno del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) de Madrid y otro del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, han participado en este gran proyecto. A este último pertenece Roderic Guigó, que ha explicado hoy en Salamanca el presente y el futuro de esta línea de investigación.

“Nuestro grupo tiene una participación importante”, ha señalado Roderic Guigó en declaraciones a DiCYT momentos antes de impartir un seminario de investigación en el Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG, centro mixto de la Universidad de Salamanca y el CSIC). En concreto, este investigador se ha encargado de coordinar el grupo de análisis de ARN (ácido ribonucleico) del proyecto ENCODE, un aspecto que ha resultado clave para avanzar en este campo del conocimiento.

El genoma es el conjunto de instrucciones que determinan las características biológicas de los seres vivos, como los ojos o la piel. Esta información está codificada en la secuencia de ADN (ácido desoxirribonucleico) de los cromosomas de todas las células y este ADN está constituido por la repetición de unidades químicas elementales, los nucleótidos, que pueden ser de cuatro tipos (A, C, G, y T). “En cada una de nuestras células hay 3.000 millones de nucleótidos”, recuerda Guigó para destacar la complejidad de estos estudios. “Cuando se obtuvo la secuencia del genoma humano, hace 12 años, parecía que la información que contenían esas instrucciones solamente podíamos localizarla entre el 5 y el 15% del genoma y que al resto no podíamos asociarle ninguna funcionalidad”, comenta. Por eso, la mayor parte del genoma fue considerado como *ADN basura*.

Sin embargo, durante los últimos 12 años, “gracias al proyecto ENCODE pero sobre todo gracias a desarrollos tecnológicos que nos permiten interrogar con mucho más detalle cómo es el genoma y cómo funciona, hemos visto que gran parte del mismo tiene actividad. Esto quiere decir que se copia ARN, que es el primer paso para decodificar las instrucciones del ADN”.

Tipos celulares distintos

A pesar de que todas las células de nuestro cuerpo tienen el mismo ADN, las células del pelo son distintas a las de la piel, los ojos o los músculos. Si existen esos tipos celulares distintos es porque el genoma, que es siempre idéntico, funciona de forma distinta. “Esa diferencia no está en el propio genoma, porque es el mismo, lo que ocurre es que el genoma produce un ARN distinto en el cerebro del que produce en la piel o en el músculo”, explica.

Las instrucciones del ADN se decodifican por medio de una molécula intermedia de ARN que da lugar a las proteínas, que son los elementos estructurales y funcionales de las células, es decir, que le conceden a las células su función. En este sentido, “hay una gran parte del genoma que se transcribe a ARN y otra parte que no lo hace pero controla la producción diferencial de ARN”, responsable finalmente de los distintos tipos celulares. Es decir, que las regiones que no producen ARN tienen un papel en la regulación de esa producción.

En cualquier caso, “lo más novedoso” del proyecto ENCODE es que “con los nuevos métodos hemos sido capaces de detectar actividad en el 80% del genoma”, pero actividad no quiere decir funcionalidad, es decir, “que se produzca una molécula de ARN no quiere decir que

esa molécula de ARN sea realmente funcional” y parte del trabajo que los científicos tienen ahora por delante es profundizar en esta cuestión.

“Este año va a comenzar la tercera fase del proyecto, que se prolongará por cuatro años más. Hasta ahora, “hemos analizado un par de tipos celulares en profundidad”, apunta Guigó, “pero el cuerpo humano tiene centenares de tipos celulares distintos”. El proyecto ENCODE pretende continuar el estudio de la función del genoma “en un conjunto de tipos celulares tan extenso como sea posible para caracterizar cómo funciona en todas las células humanas”.

Escrito por: Agencia Dicyt
Viernes, 18 de Enero de 2013 18:58



► Roderic Guigó, investigador del Centro de Regulación, en el Instituto de Biología Funcional y Genómica / FOTO: DICYT

Roderic Guigó, líder del grupo de análisis de ARN, ha explicado en Salamanca las claves de este avance científico que ha revelado muchos secretos del 'ADN basura'

Hace cuatro meses se publicaron en varias revistas científicas los resultados del proyecto Encode (acrónimo del inglés ENCyclopedia Of DNA Elements, enciclopedia de elementos de ADN), una investigación internacional que revela un gran catálogo de funciones de una parte del genoma que era conocido como ADN basura porque no contiene genes que codifiquen proteínas. Sólo dos grupos de investigación españoles, uno del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) de Madrid y otro del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han participado en este gran proyecto. A este último pertenece Roderic Guigó, que ha explicado hoy en Salamanca el presente y el futuro de esta línea de investigación.

“Nuestro grupo tiene una participación importante”, ha señalado Roderic Guigó en declaraciones a DiCYT (www.dicyt.com) momentos antes de impartir un seminario de investigación en el Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG, centro mixto de la Universidad de Salamanca y el CSIC). En concreto, este investigador se ha encargado de coordinar el grupo de análisis de ARN (ácido ribonucleico) del proyecto Encode, un aspecto que ha resultado clave para avanzar en este campo del conocimiento.

El genoma es el conjunto de instrucciones que determinan las características biológicas de los seres vivos, como los ojos o la piel. Esta información está codificada en la secuencia de ADN (ácido desoxirribonucleico) de los cromosomas de todas las células y este ADN está constituido por la repetición de unidades químicas elementales, los nucleótidos, que pueden ser de cuatro tipos (A, C, G, y T) “En cada una de nuestras células hay 3.000 millones de nucleótidos”, recuerda Guigó para destacar la complejidad de estos estudios. “Cuando se obtuvo la secuencia del genoma humano, hace 12 años,

parecía que la información que contenían esas instrucciones solamente podíamos localizarla entre el 5 y el 15% del genoma y que al resto no podíamos asociarle ninguna funcionalidad”, comenta. Por eso, la mayor parte del genoma fue considerado como ADN basura.

Sin embargo, durante los últimos 12 años, “gracias al proyecto Encode pero sobre todo gracias a desarrollos tecnológicos que nos permiten interrogar con mucho más detalle cómo es el genoma y cómo funciona, hemos visto que gran parte del mismo tiene actividad. Esto quiere decir que se copia ARN, que es el primer paso para decodificar las instrucciones del ADN”.

Tipos celulares distintos

A pesar de que todas las células de nuestro cuerpo tienen el mismo ADN, las células del pelo son distintas a las de la piel, los ojos o los músculos. Si existen esos tipos celulares distintos es porque el genoma, que es siempre idéntico, funciona de forma distinta. “Esa diferencia no está en el genoma, porque es el mismo, lo que ocurre es que el genoma produce un ARN distinto en el cerebro del que produce en la piel o en el músculo”, explica. Las instrucciones del ADN se decodifican por medio de una molécula intermedia de ARN que da lugar a las proteínas, que son los elementos estructurales y funcionales de las células, es decir, que le conceden a las células su función. En este sentido, “hay una gran parte del genoma que se transcribe a ARN y otra parte que no lo hace pero controla la producción diferencial de ARN”, responsable finalmente de los distintos tipos celulares. Es decir, que las regiones que no producen ARN tienen un papel en la regulación de esa producción.

En cualquier caso “lo más novedoso” del proyecto Encode es que “con los nuevos métodos hemos sido capaces de detectar actividad en el 80% del genoma, pero actividad no quiere decir funcionalidad, es decir, que se produzca una molécula de ARN no quiere decir que esa molécula de ARN sea realmente funcional” y parte del trabajo que los científicos tienen ahora por delante es averiguar hasta qué punto es así.

“Este año va a comenzar la tercera fase del proyecto, que se prolongará por cuatro años más. Hasta ahora, “hemos analizado un par de tipos celulares en profundidad”, apunta Guigó, “pero el cuerpo humano tiene centenares de tipos celulares distintos”. El proyecto Encode pretende continuar el estudio de la función del genoma “en un conjunto de tipos celulares tan extenso como sea posible para caracterizar cómo funciona en todas las células humanas”.

Noticia

“El proyecto ENCODE ha detectado actividad en el 80% del genoma”

18/01/2013 | Agencia de Noticias DiCYT

Roderic Guigó, líder del grupo de análisis de ARN del proyecto ENCODE, ha explicado en Salamanca las claves de este avance científico que ha revelado mu

JPA/DICYT Hace cuatro meses se publicaron en varias revistas científicas los resultados del proyecto ENCODE (acrónimo del inglés *ENCyclopedia Of DNA Elements*, enciclopedi internacional que revela un gran catálogo de funciones de una parte del genoma que era conocido como *ADN basura* porque no contiene genes que codifiquen proteínas. Sólo Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) de Madrid y otro del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, han participado en este gran proyecto. A este últir Salamanca el presente y el futuro de esta línea de investigación.

“Nuestro grupo tiene una participación importante”, ha señalado Roderic Guigó en declaraciones a DiCYT momentos antes de impartir un seminario de investigación en el Ins mixto de la Universidad de Salamanca y el CSIC). En concreto, este investigador se ha encargado de coordinar el grupo de análisis de ARN (ácido ribonucleico) del proyecto avanzar en este campo del conocimiento.

El genoma es el conjunto de instrucciones que determinan las características biológicas de los seres vivos, como los ojos o la piel. Esta información está codificada en la secu cromosomas de todas las células y este ADN está constituido por la repetición de unidades químicas elementales, los nucleótidos, que pueden ser de cuatro tipos (A, C, G, y de nucleótidos”, recuerda Guigó para destacar la complejidad de estos estudios. “Cuando se obtuvo la secuencia del genoma humano, hace 12 años, parecía que la informac podíamos localizarla entre el 5 y el 15% del genoma y que al resto no podíamos asociarle ninguna funcionalidad”, comenta. Por eso, la mayor parte del genoma fue consider

Sin embargo, durante los últimos 12 años, “gracias al proyecto ENCODE pero sobre todo gracias a desarrollos tecnológicos que nos permiten interrogar con mucho más deta gran parte del mismo tiene actividad. Esto quiere decir que se copia ARN, que es el primer paso para decodificar las instrucciones del ADN”.

Tipos celulares distintos

A pesar de que todas las células de nuestro cuerpo tienen el mismo ADN, las células del pelo son distintas a las de la piel, los ojos o los músculos. Si existen esos tipos celul idéntico, funciona de forma distinta. “Esa diferencia no está en el propio genoma, porque es el mismo, lo que ocurre es que el genoma produce un ARN distinto en el cerebru

Las instrucciones del ADN se decodifican por medio de una molécula intermedia de ARN que da lugar a las proteínas, que son los elementos estructurales y funcionales de la función. En este sentido, “hay una gran parte del genoma que se transcribe a ARN y otra parte que no lo hace pero controla la producción diferencial de ARN”, responsable fi las regiones que no producen ARN tienen un papel en la regulación de esa producción.

En cualquier caso, “lo más novedoso” del proyecto ENCODE es que “con los nuevos métodos hemos sido capaces de detectar actividad en el 80% del genoma”, pero activida produzca una molécula de ARN no quiere decir que esa molécula de ARN sea realmente funcional” y parte del trabajo que los científicos tienen ahora por delante es profundi

“Este año va a comenzar la tercera fase del proyecto, que se prolongará por cuatro años más. Hasta ahora, “hemos analizado un par de tipos celulares en profundidad”, apu tipos celulares distintos”. El proyecto ENCODE pretende continuar el estudio de la función del genoma “en un conjunto de tipos celulares tan extenso como sea posible para c humanas”.

Domingo, 20 Enero 2013 08:02

"El proyecto ENCODE ha detectado actividad en el 80% del genoma"

Escrito por [MÁSSALAMANCA](#)



Roderic Guigó, líder del proyecto ENCODE, ha explicado las claves de este avance científico que ha revelado muchos secretos del 'ADN basura'.

Hace cuatro meses se publicaron en varias revistas científicas los resultados del proyecto ENCODE (acrónimo del inglés ENCyclopedia Of DNA Elements, enciclopedia de elementos de ADN), una investigación internacional que revela un gran catálogo de funciones de una parte del genoma que era conocido como ADN basura porque no contiene genes que codifiquen proteínas. Sólo dos grupos de investigación españoles, uno del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) de Madrid y otro del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, han participado en este gran proyecto. A este último pertenece Roderic Guigó, que ha explicado hoy en Salamanca el presente y el futuro de esta línea de investigación.

"Nuestro grupo tiene una participación importante", ha señalado Roderic Guigó en declaraciones a DiCYT momentos antes de impartir un seminario de investigación en el Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG, centro mixto de la Universidad de Salamanca y el CSIC). En concreto, este investigador se ha encargado de coordinar el grupo de análisis de ARN (ácido ribonucleico) del proyecto ENCODE, un aspecto que ha resultado clave para avanzar en este campo del conocimiento.

El genoma es el conjunto de instrucciones que determinan las características biológicas de los seres vivos, como los ojos o la piel. Esta información está codificada en la secuencia de ADN (ácido desoxirribonucleico) de los cromosomas de todas las células y este ADN está constituido por la repetición de unidades químicas elementales, los nucleótidos, que pueden ser de cuatro tipos (A, C, G, y T). "En cada una de nuestras células hay 3.000 millones de nucleótidos", recuerda Guigó para destacar la complejidad de estos estudios. "Cuando se obtuvo la secuencia del genoma humano, hace 12 años, parecía que la información que contenían esas instrucciones solamente podíamos localizarla entre el 5 y el 15% del genoma y que al resto no podíamos asociarle ninguna funcionalidad", comenta. Por eso, la mayor parte del genoma fue considerado como ADN basura.

Sin embargo, durante los últimos 12 años, "gracias al proyecto ENCODE pero sobre todo gracias a desarrollos tecnológicos que nos permiten interrogar con mucho más detalle cómo es el genoma y cómo funciona, hemos visto que gran parte del mismo tiene actividad. Esto quiere decir que se copia ARN, que es el primer paso para decodificar las instrucciones del ADN".

Tipos celulares distintos

A pesar de que todas las células de nuestro cuerpo tienen el mismo ADN, las células del pelo son distintas a las de la piel, los ojos o los músculos. Si existen esos tipos celulares distintos es porque el genoma, que es siempre idéntico, funciona de forma distinta. "Esa diferencia no está en el propio genoma, porque es el mismo, lo que ocurre es que el genoma produce un ARN distinto en el cerebro del que produce en la piel o en el músculo", explica.

Las instrucciones del ADN se decodifican por medio de una molécula intermedia de ARN que da lugar a las proteínas, que son los elementos estructurales y funcionales de las células, es decir, que le conceden a las células su función. En este sentido, "hay una gran parte del genoma que se transcribe a ARN y otra parte que no lo hace pero controla la producción diferencial de ARN", responsable finalmente de los distintos tipos celulares. Es decir, que las regiones que no producen ARN tienen un papel en la regulación de esa producción.

En cualquier caso, "lo más novedoso" del proyecto ENCODE es que "con los nuevos métodos hemos sido capaces de detectar actividad en el 80% del genoma", pero actividad no quiere decir funcionalidad, es decir, "que se produzca una molécula de ARN no quiere decir que esa molécula de ARN sea realmente funcional" y parte del trabajo que los científicos tienen ahora por delante es profundizar en esta cuestión.

"Este año va a comenzar la tercera fase del proyecto, que se prolongará por cuatro años más. Hasta ahora, "hemos analizado un par de tipos celulares en profundidad", apunta Guigó, "pero el cuerpo humano tiene centenares de tipos celulares distintos". El proyecto ENCODE pretende continuar el estudio de la función del genoma "en un conjunto de tipos celulares tan extenso como sea posible para caracterizar cómo funciona en todas las células humanas".



Be the first of your friends to like this.

