

Investigadores españoles colaboran en el más amplio estudio de variación de la actividad genética

jueves, 11 de marzo, 11.59

europa
press

MADRID, 11 (EUROPA PRESS) Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han colaborado en el estudio más amplio y completo realizado hasta la fecha sobre el impacto de las variaciones genéticas en la actividad de los genes. El estudio, que se publica esta semana en la revista 'Nature', es clave para comprender el funcionamiento celular y la predisposición a las enfermedades en el ser humano.

El estudio tiene muchas implicaciones para la salud humana ya que las variantes en el ADN que afectan a la actividad de los genes podrían ser responsables de la predisposición a algunas patologías comunes como la diabetes, enfermedades cardiovasculares y asma.

Según los investigadores, la comprensión de estas pequeñas diferencias sutiles que modulan la expresión génica desconocidas hasta ahora acelerará la comprensión de sus mecanismos celulares y el desarrollo de tratamientos más específicos y eficaces.

En el trabajo, coordinado por Emmanouil Dermitzakis de la Universidad de Ginebra en Suiza y en el que participan Roderic Guigó y Micha Sammeth del CRG, ofrece una imagen detallada de cómo la actividad de los genes en las células de la sangre difiere entre las personas y describe las variaciones en el ADN responsables de estas diferencias.

Según explica Guigó, coordinador del programa de Bioinformática y Genómica del CRG, "por ahora, la secuenciación del genoma nos ha dado mucha información para entender los procesos básicos de la célula pero el estudio del ARN mensajero nos permite conseguir un grado más en la comprensión de la variabilidad entre individuos".

APRENDIENDO A LEER EL ARN

La investigación revela cómo la secuenciación de ARN permite la exploración a fondo de los efectos genéticos en los procesos celulares. La expresión genética es el proceso por el que la información contenida dentro de los genes se utiliza para producir productos funcionales como las proteínas. Esto supone la transcripción del ADN en ARN, que es entonces procesado en ruta para producir la proteína final.

Las mutaciones de los genes dan lugar a una variación en la abundancia o en la estructura de estos ARN mensajeros, lo que se asocia a cambios en el contenido de proteínas en la célula y así a cómo se ejecutan determinados procesos celulares. Estas variaciones en el ADN pueden contribuir a las diferencias de algunos rasgos entre individuos y podrían también causar o predisponer a diversas enfermedades.

Los investigadores han utilizado un procedimiento innovador llamado "secuenciación de segunda generación" para estudiar los ARN mensajeros. El método ofrece un nivel de resolución sin precedentes para determinar la abundancia y la estructura de los ARN mensajeros.

Hasta ahora, los estudios sólo nos informaban de las diferencias individuales en la cantidad de ARN de cada gen en la célula. En este nuevo proyecto de investigación, que se ha llevado a cabo con células sanguíneas de 60 individuos de descendencia europea, los investigadores han obtenido una mayor resolución de estos procesos que les ha permitido describir con detalle las diferencias moleculares del ARN entre individuos.

Emmanouil Dermitzakis concluye que "obviamente, un incremento así en la resolución, nos da un gran progreso en la comprensión de los procesos celulares y el detalle final de las diferencias entre humanos". Los investigadores consideran que la 'lectura' de la secuencia de ARN en muchos individuos llevará la comprensión de la variación genética a un nuevo nivel.

[Envía esta noticia](#) [Compartir](#) [Imprimir](#)