

Jueves, 20 de mayo de 2010

Acerc...



SERVICIO DE INFORMACIÓN  
Y NOTICIAS CIENTÍFICAS

Ciencias Naturales | Tecnologías | Biomedicina y Salud | Matemáticas, Física y Química | Humanidades y Arte | Ciencias

[SINC](#) / [En exclusiva](#) / [Embargos](#) / [Big Bang en el universo de las proteínas](#)

[Inicio](#)

[Noticias](#)

[Alertas de publicaciones](#)

[Reportajes](#)

[Entrevistas](#)

[Actividades](#)

[Vídeos](#)

[Imágenes](#)

[Tribuna](#)

Conectar

usuario

contraseña

[Recordar contraseña](#)

[Entrar](#)

Registro

[Para instituciones](#)

[Para periodistas](#)

[Para invitados](#)



**Ciencias Naturales** | [Ciencias de la Vida](#)

## Big Bang en el universo de las proteínas

Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han encontrado la vida gracias a una aproximación computacional de la evolución de la *Nature*, revela que la evolución de las proteínas todavía no ha llegado a aportar mucha información sobre por qué esta evolución es tan lenta y c las proteínas es más plástica de lo que se creía.

SINC | Cataluña | 19.05.2010 19:00

Hace casi 100 años, Edwin Hubble observó que las galaxias más distantes se alejaban más rápido que las que se encuentran más cerca. Esta relación entre distancia y velocidad como evidencia del origen único del universo y del Big Bang. Ahora, investigadores del **Regulación Genómica** (CRG) copian su perspectiva para investigar la divergencia entre de proteínas.

“Queríamos saber si la evolución divergente entre proteínas todavía continuaba. Actualmente encontrar proteínas que casi no han variado después de 3.500 millones de años de evolución nos ha permitido ver que su divergencia sigue adelante y que las proteínas tienden a ser cada vez más diferentes a pesar del increíble nivel de conservación”, explica Fyodor Kondra principal del trabajo y jefe del grupo de **Genómica Evolutiva** en el CRG.

El trabajo llevado a cabo por Fyodor Kondrashov e Inna Povolotskaya va más allá de las proteínas desde el punto de vista de las dinámicas evolutivas ofreciendo así una nueva perspectiva en la evolución. “Igual que el trabajo de Hubble permitió extrapolar lo que él observaba a nivel molecular podemos obtener una visión general que nos ofrece predecir los posibles cambios de las proteínas en el futuro” comenta Inna Povolotskaya: obtención y análisis de los datos.

Las proteínas están formadas por combinaciones de aminoácidos. Con sólo 20 tipos de aminoácidos se pueden formar un número casi infinito de proteínas distintas. Para obtener los datos de su estudio, los investigadores del CRG han creado una base de datos pública de información genética GenE donde se han medido la distancia de las proteínas entre ellas y han ideado un método para medir la velocidad de los diferentes cambios. Así, han reproducido la aproximación de Hubble haciendo una comparación de su divergencia. El resultado indica que incluso las proteínas más distantes todavía se parecen.

El trabajo muestra cómo gracias a las nuevas técnicas de análisis computacional y la capacidad de manejar grandes volúmenes de datos a nivel molecular. “Nuestro trabajo es un buen ejemplo sobre cómo podemos aprender cosas nuevas a partir de un volumen de datos que se pueden obtener en un laboratorio experimental”, afirma Kondra.

La mayoría de los cambios en una proteína son inviables o deletéreos porque, de alguna manera, no funcionan. La observación de los autores por la que afirman que incluso las proteínas más conservadas pueden dar lugar a cambios. La afirmación porque implica que la mayoría de aminoácidos en una proteína pueden dar lugar a cambios. La explicación es que los cambios en los aminoácidos que son inviables en una combinación diferente. “Gracias a nuestro estudio podemos entender mejor la dinámica de las proteínas. Ello ofrece una nueva visión a todos los grupos que trabajan en la estructura de proteínas y en el desarrollo de medicamentos, etc.