

ANOCHETE TUVE UN SUEÑO

La revista de los optimistas comprometidos

facebook ([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG](http://www.anochetuveunsueno.com/blog)) ([HTTP://WWW.FACEBOOK.COM/PAGES/REVISTA-ANOCHETE-TUVE-UN-SUENO/117013018336357?REF=SGM](http://www.facebook.com/pages/revista-anoche-tuve-un-sueno/117013018336357?ref=sgm)) ([HTTP://TWITTER.COM/ATUSMAG](http://twitter.com/atusmag))

El proyecto (#)

La revista (#)

Foro
(http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?post_type=foro)

Contacta
(http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?page_id=13)

De ADN basura, nada



(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/wp-content/uploads/Captura-de-pantalla-2012-11-08-a-las-11.24.54.png>)

Lo que hasta ahora se conocía como 'ADN basura' del genoma humano en realidad regula la actividad de nuestros genes. Así lo revelan los datos del proyecto internacional ENCODE, que cuenta con participación española.

Por LAURA CHAPARRO

'El Proyecto Genoma Humano mostró que sólo el 2% de nuestro genoma contiene genes, que son las instrucciones para hacer proteínas. Con ENCODE, podemos ver que cerca del 80% del genoma está activamente haciendo algo', explica Ewan Birney, investigador del EMBL-European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) y coordinador de análisis de ENCODE.

Esta especie de Wikipedia genética –ENCODE se traduce como Enciclopedia de elementos del ADN– promete revolucionar la investigación biomédica. De momento, los científicos ya han averiguado que la mayoría de lo que hasta ahora se conocía como 'ADN basura' en nuestro genoma es en realidad un gran panel de control con millones de interruptores que regulan la actividad de los genes. Sin estos dispositivos, los genes no funcionarían y, cuando no actúan bien, se producen enfermedades.

Liderado por el **National Genome Research Institute (NHGRI) en Estados Unidos y el EMBL-EBI en Reino Unido**, ENCODE presenta un mapa detallado de la función del genoma que identifica cuatro millones de interruptores de genes. Esta exhaustiva investigación permitirá localizar áreas muy específicas de enfermedades humanas.

Los descubrimientos se han publicado en 30 artículos de acceso abierto conectados entre sí que aparecen en tres revistas: *Nature*, *Genome Biology* y *Genome Research*. Esta nueva información es tan detallada y compleja que ha dado lugar a un nuevo modelo de publicación, donde los documentos electrónicos y los conjuntos de datos están interconectados.

El estudio, en el que han participado más de 400 investigadores de diferentes países, ha contado con participación española. Científicos del **Centro de Regulación Genómica (CRG)**, del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) y del Instituto Nacional de Bioinformática (INB) han contribuido en la generación y el análisis de cerca de 15 terabytes (15 billones de bytes) de datos en bruto.

'El proyecto ENCODE ha establecido nuevos estándares en relación a la cooperación entre científicos', comenta **Roderic Guigó**, coordinador del programa de Bioinformática y Genómica del CRG y líder del grupo de análisis de ARN del ENCODE. 'Hemos trabajado de forma muy próxima con científicos de todo el mundo', añade.

Y esto solo acaba de empezar. **La investigación es un primer paso en la larga y ardua labor de descifrar el significado de la secuencia del genoma.** 'Esta es, en realidad, la tarea de la biología del siglo XXI. Como investigadores, nos sentimos profundamente privilegiados por poder contribuir en este proyecto', reconoce Guigó. Todos los datos generados por los científicos del ENCODE se han añadido a bases de datos públicas y están disponibles en: www.genome.gov •

En un momento determinado de la evolución, el ser humano se diferenció de los primates pero todavía no sabemos ni cuándo ni cómo ocurrió. Evan E. Eichler, investigador en Ciencias Genómicas de la Universidad de Washington (EE.UU.), ha descubierto que la duplicación de un gen pudo marcar la diferencia entre el cerebro del *Australopithecus* y el nuestro, el del *Homo*. Su investigación, publicada en la revista *Cell*, sugiere que esta anomalía genética tuvo lugar hace tres y dos millones de años, y que está relacionada con el desarrollo neuronal que nos humaniza.



EVAN E. EICHLER, Neurobiólogo de la Universidad de Washington.

<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/wp-content/uploads/Captura-de-pantalla-2012-11-08-a-las-11.26.24.png>

La duplicación de genes, ¿es común en la evolución?

Sí, ocurre en todas las especies pero sigue diferentes pautas. Por ejemplo, los seres humanos y los grandes simios tenemos más duplicaciones genéticas intercaladas que la mayoría de los mamíferos.

¿Cuándo estiman que se produjo la doble copia del gen que han estudiado (el SGRAP2)?

Se produjo en dos pasos. Calculamos que la primera duplicación tuvo lugar hace tres millones de años y la segunda, hace dos millones.

¿Qué función tiene?

Es una proteína importante en el desplazamiento de las neuronas que se produce durante el desarrollo cerebral. Su concentración resulta fundamental porque nos indica hasta dónde se desplazan las neuronas prefrontales, en dirección a la placa cortical. Además, el gen parece ser importante en el desarrollo y el control del número de ramificaciones de las dendritas [prolongación de la neurona].

¿Cómo seríamos hoy los humanos si no se hubiera producido?

No lo sabemos, pero lo que sí podemos afirmar es que es muy importante para el desarrollo de nuestro cerebro porque permite que las neuronas se sitúen en el lugar adecuado. Además, influye en diferentes partes de estas células como son la dendrita, su ramificación y la morfología sináptica [cómo se relacionan todas estas terminaciones nerviosas]. Esto último es muy emocionante porque los cambios podrían haber mejorado la función de aprendizaje, aunque solo es una especulación.

Por tanto, ¿influye en que nuestro cerebro funcione de forma correcta?

Los datos sugieren que el producto proteínico del gen se enfrenta a la copia 'madre' (SRGA- P2A) lo que permite a las neuronas desplazarse más lejos durante el desarrollo cerebral, algo importante para que éste funcione correctamente. Otros investigadores, dirigidos por el neurocientífico Franck Polleux, han descubierto que la expresión de esta duplicación podría incluso cambiar la forma y el número de ramificaciones de algunas neuronas (necesarias para que se conecten entre sí).

¿Han encontrado esta duplicación en algún otro animal?

Es específicamente humana. Hemos buscado en otros 13 mamíferos y no hemos encontrado ninguna prueba de ello.

¿Esperaban encontrar estos resultados?

Durante muchos años he pensado que las duplicaciones son una parte importante en la evolución de nuestra especie. Está claro que están relacionadas con la morbilidad pero ahora estamos

empezando a comprender el papel positivo que juegan.

Sus resultados se publicaron el mismo día que otra investigación, dirigida por Franck Polleux, del Scripps Research Institute. ¿Trabajaron de forma coordinada?

Cada equipo era consciente del trabajo del otro y nos llamábamos todos los meses para coordinar la presentación de los documentos. No obstante, las investigaciones son independientes, tal y como se refleja en los enfoques, muy diferentes.


¿Podrán utilizarse estos resultados para el diagnóstico o el tratamiento de alguna enfermedad?

Todavía no.

¿Cuál es el próximo paso de su investigación?

Revisar la presencia de estos genes en pacientes con disfunciones cerebrales y con alteraciones del desarrollo neurológico. Si los genes duplicados son tan importantes, sus mutaciones deben producir diferencias estructurales o conductuales en los seres humanos que no los presentan. Este es un problema difícil porque hay muchas duplicaciones y distinguir las requiere tecnologías especiales, pero estamos trabajando en ello.

Créditos generales de las imágenes de la sección: Maggie Bartlett, NHGRI; Ron Wurzer APÂ, HHMI; NASA/JPL-Caltech/Malin Space Science Systems; O Roxo; Richard Lee, M.D., Ph.D., National Cancer Institute; SINC/José Antonio Peñas; Mike Mitchell, NCI Visuals Online y Luis Demano/SINC.

 (<http://www.facebook.com/share.php?u=http%3A%2F%2Fwww.anochetuveunsueno.com%2Fblog%2F%3Fp%3D5415&t=De%20ADN%20basura%2C%20nada>)

Twitter This (javascript:none('5415'))

Esta entrada fue publicada en Jueves, noviembre 8th, 2012 a las 11:39 AM. Esta archivado en [Ciencia](#)
<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?cat=18>. Puedes seguir las respuestas a esta entrada a través de el feed [RSS 2.0](#)
<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?feed=rss2&p=5415>.

→ (<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5124>)

Deja una Respuesta

Tienes que [iniciar sesión](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/wp-login.php?redirect_to=http%3A%2F%2Fwww.anochetuveunsueno.com%2Fblog%2F%3Fp%3D5415) (http://www.anochetuveunsueno.com/blog/wp-login.php?redirect_to=http%3A%2F%2Fwww.anochetuveunsueno.com%2Fblog%2F%3Fp%3D5415) para escribir un comentario.

ENTRADAS RECIENTES

Descubre lo OCULTO

(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5421>)

De ADN basura, nada

(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5415>)

El futuro que se debate entre libros

(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5407>)

Nace el centro comercial más ecosostenible del mundo (<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5394>)

El futuro se hace presente: nacen las primeras smart cities en Málaga y Barcelona

(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=5362>)

LA IDEA

([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG/?PAGE_ID=10](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?page_id=10))

HABLAN DE NOSOTROS

([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG/?PAGE_ID=110](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?page_id=110))

¿DÓNDE ESTÁS CUANDO ESTÁS BIEN?

([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG/?P=227](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=227))

PARTICIPA

([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG/?PAGE_ID=235](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?page_id=235))

ÚLTIMOS COMENTARIOS

ANGEL COACH

(<http://www.angelluissanchez.com>) en [Entra en nuestro FORO, El coaching de los sueños](#)

(<http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?p=4576&cpage=1#comment-2243>)

CAMISETA ¿TÚ SUEÑAS?

([HTTP://WWW.ANOCHETUVEUNSUENO.COM/BLOG/?PAGE_ID=231](http://www.anochetuveunsueno.com/blog/?page_id=231))