

Investigadores del CRG descubren un patrón en la relación entre el ARN y las proteínas que da lugar al cáncer



Barcelona (31/01/2014) - Redacción

Los investigadores han analizado 55 millones de interacciones entre el ARN y las proteínas utilizando el algoritmo catRAPID desarrollado por los propios investigadores

Aproximadamente, sólo se conoce el contenido del uno por ciento del ARN como información útil para la síntesis de proteínas. Durante mucho tiempo se ha creído que el 99 por ciento restante era inútil, basura de la evolución sin ninguna función. Estudios científicos recientes han demostrado que esta gran concentración de moléculas, ricas en información y con posibles funciones, en realidad interactúa con las proteínas para llevar a cabo varios procesos dentro de la célula que son esenciales para su supervivencia. Desgraciadamente, aún no se han identificado el conjunto de todas las proteínas que interactúan con el ARN ni tampoco se conocen sus dianas ni se han caracterizado las interacciones.

Ahora, investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona aportan nueva información sobre las interacciones entre el ARN y las proteínas. Específicamente, los científicos han sido capaces de establecer las tendencias en estas interacciones que se podrían relacionar con enfermedades como el cáncer.

Para ello, los investigadores del CRG han utilizado el algoritmo catRAPID que les ha permitido realizar predicciones a gran escala de las interacciones entre ARN y proteínas basadas en principios físico-químicos. Se han comparado sus predicciones con datos experimentales y han encontrado una interesante tendencia: "Las parejas de ARN y proteínas que tienen esta propensión a unirse tienen tanto patrones de expresión correlacionados como no correlacionados en diversos tejidos", comenta Gian Gaetano Tartaglia, doctor en bioquímica y experto en proteómica que lidera el grupo función Génica y Evolución en el CRG.

En otras palabras, si una pareja de ARN y proteína interactúa, esta asociación podría conducirnos a dos situaciones: una función o una disfunción. Si es una o la otra, dependerá de la abundancia relativa de las dos moléculas. "En un patrón no correlacionado, la proteína sería abundante y el fragmento de ARN se expresaría poco en todos los tejidos. Si esto cambia la interacción incrementa la formación de tumores y el cáncer" señala Targaglia, autor principal del trabajo publicado en 'Genome Biology'.

En una investigación previa, el grupo de Tartaglia ya encontró patrones que conducían hacia enfermedades degenerativas. "La mayor parte del tiempo las proteínas se unen formando depósitos amiloides que están vinculados a la formación de patologías. Estas uniones dependen en gran parte de la concentración de proteínas dentro de las células y esta concentración se regula por la actividad de la ARN. Si esta actividad no funciona bien, aparecen las uniones porque habrá demasiadas proteínas en la célula. Tanto el cáncer como las enfermedades degenerativas están vinculadas pues la concentración y la abundancia de las proteínas. La expresión del ARN y las proteínas son pues muy importantes a la hora de determinar la funcionalidad de las vías celulares", concluye Tartaglia.

Método único en el mundo

El ingrediente clave en ambas investigaciones es catRAPID, un método único en el mundo que ha sido validado por una enorme cantidad de interacciones de proteínas y ARN. El principal objetivo de este software, una herramienta gratuita y disponible en la web del CRG, es guiar el diseño de los experimentos para comprender el papel del ARN no codificante en las redes de regulación. Hasta ahora, "casi toda la actividad que parecía estar causada por una desregulación de las asociaciones entre ARN y proteínas se predijo correctamente con nuestro método", afirma el Dr. Tartaglia.

Utilizando catRAPID, los investigadores del CRG han podido analizar una enorme cantidad de datos, cerca de 55 millones de interacciones, y tardaron unos 18 meses para hacer los cálculos en varios ordenadores de última generación. Sin este algoritmo, esta operación gigantesca les habría costado años y habría sido necesario todo un ejército de gente para realizar todos los experimentos necesarios.

"Hoy en día acumulamos grandes cantidades de datos y el problema es cómo navegamos por estos datos. Es como nadar en medio del océano sin saber en qué dirección hay que ir. Nuestra filosofía es empezar con una hipótesis e intentar ver si podemos seguirla mediante datos experimentales en nuestro marco teórico. Todo ello nos ayuda a reducir el tiempo y los costes de los experimentos", dice Tartaglia.

Los investigadores esperan que estos resultados aporten un nuevo rumbo para la investigación de un gran número de enfermedades. De hecho, su aproximación se podría explotar para detectar el cáncer de forma más rápida, justo al inicio, incluso antes de que se manifieste cualquier evidencia como la necrosis u otros rasgos en el fenotipo.

[< < Volver](#)