

**ATENCIÓ! AQUESTA INFORMACIÓ ESTÀ EMBARGADA FINS AVUI
DILLUNS 6 DE NOVEMBRE A LES 17 H A BARCELONA (CET)**

NOTA DE PREMSA

Barcelona, 6 de novembre de 2017

Un nou mètode accelera el mapatge de gens en la “matèria fosca” de l’ADN

- **Científics del Centre de Regulació Genòmica (CRG) han desenvolupat un nou mètode, que millora el catàleg més important de gens -GENCODE-, i descriu nous gens en la “matèria fosca” de l’ADN.**
- **El seu nou mètode, que es publica avui a la revista *Nature Genetics*, permet mapar els gens de forma més precisa, ràpida i econòmica.**

La informació de la seqüència del genoma humà és primordial per a la recerca biomèdica. De tota manera, el valor d’aquesta informació és encara molt limitat perquè no comptem amb un mapa detallat de tots els gens que es troben codificats en el genoma. Els gens són les unitats bàsiques responsables de les característiques biològiques en els organismes. Actualment comptem amb informació detallada sobre els gens que codifiquen per proteïnes, però la informació sobre les regions de l’ADN que no codifiquen per proteïnes – conegudes com la “matèria fosca” de l’ADN – encara resta incompleta. En aquestes regions, hi ha uns gens encara poc coneguts anomenats “ARN llargs no codificants” que es troben entre els més nombrosos i que estan relacionats amb diverses malalties.

En un treball publicat avui a la revista *Nature Genetics*, un equip internacional de científics, liderat per investigadors al Centre de Regulació Genòmica (CRG) a Barcelona, en col·laboració amb investigadors a Cold Spring Harbor de Nova York, al Wellcome Trust Sanger Institute de Hinxton, i de l’empresa qGenomics a Barcelona, aporta nova llum sobre aquest tema. Per tal d’identificar millor i mapar aquests “gens de la matèria fosca”, han desenvolupat un nou mètode que millora el rendiment i la precisió dels mètodes actuals.

“El 98% del nostre ADN no codifica per proteïnes. Aquestes regions d’ADN contenen milers de gens no codificants que no estan caracteritzats i encara queda un llarg camí fins que compreguem les seves funcions i el seu paper en les malalties. Per aconseguir-ho, caldrà tenir mapes complets de tots els gens. El nostre mètode representa un pas molt important cap a aquesta direcció”, explica Rory Johnson, antic investigador al CRG que actualment és cap de grup a la Universitat de Berna, i colíder d’aquest treball.

La principal característica d’aquest nou mètode, anomenat RNA Capture Long Seq (CLS), és que se centra específicament en les regions no codificants del genoma. Aquestes s’han amplificat i analitzat mitjançant les tècniques més avançades de seqüenciació. “D’aquesta manera, hem pogut produir un mapa detallat de més de 3.500 ARN llargs no codificants en humans i ratolí. I això ens ha permès descriure les característiques genòmiques d’ARN llargs no codificants per comprendre millor com funcionen”, comenten els investigadors Julien Lagarde i Barbara Uszczyńska, primers autors del treball al CRG.

Els investigadors van fer servir aquest nou mètode per millorar una de les bases de dades genòmiques més importants: GENCODE, que és la referència mundial per als gens codificants dels genomes humà i de ratolí. “Científics a tot el món estan utilitzant GENCODE per als seus projectes de recerca com a dades de referència. Així que millorar GENCODE, implica contribuir a la recerca biomèdica mundial”, afirma Roderic Guigó, coordinador del programa de Bioinformàtica i Genòmica al CRG i col·líder del treball. El Dr. Guigó va iniciar GENCODE l’any 2003 com a part del projecte ENCODE ‘L’Enciclopèdia dels Elements de l’ADN’. Ara, gràcies a aquest nou mètode, Guigó i col·laboradors han millorat substancialment els catàlegs de gens, en concret, els gens d’ARN llargs no codificants. “Hem trobat un mètode més ràpid, precís i econòmic que ens ha permès millorar un catàleg que beneficiarà en un primer moment als científics, per després, arribar a tota la societat”, conclou Guigó.

Quasi 20 anys després del Projecte del Genoma Humà, aquest treball il·lustra com la nostra comprensió sobre la informació compresa al genoma encara evoluciona gràcies al desenvolupament de tecnologia cada vegada més potent. Una millor comprensió del genoma ens portarà cap a una millor comprensió de la salut i la malaltia.

Referència:

Julien Lagarde, Barbara Uszczyńska-Ratajczak, Sílvia Carbonell, Sílvia Pérez-Lluch, Amaya Abad, Carrie Davis, Thomas R Gingeras, Adam Frankish, Jennifer Harrow, Roderic Guigó and Rory Johnson. ‘High-throughput annotation of full-length long noncoding RNAs with capture long-read sequencing’. *Nature Genetics*. 2017. DOI: [10.1038/ng.3988](https://doi.org/10.1038/ng.3988)

Informació sobre finançament:

Aquest treball i la seva publicació han comptat amb el suport del National Human Genome Research Institute dels US National Institutes of Health (ajuts U41HG007234, U41HG007000 i U54HG007004) i el Wellcome Trust (ajut WT098051). Rory Johnson ca comptar amb el suport del Subprograma Ramón y Cajal del Ministeri d’Economia i Competitivitat (ajut RYC-2011-08851). El treball al laboratori de Roderic Guigó ha comptat amb el suport del National Human Genome Research Institute (ajuts U54HG0070, R01MH101814 i U41HG007234). Aquesta recerca ha estat finançada parcialment per NCCR RNA & Disease, per la Swiss National Science Foundation (a Rory Johnson). També constem el suport del Ministeri d’Economia i Competitivitat, Centro de Excelencia Severo Ochoa 2013–2017 (SEV-2012-0208), i del programa CERCA de la Generalitat de Catalunya.

Contacte per a mitjans:

Laia Cendrós, Oficina de premsa, Centre de Regulació Genòmica (CRG)
Tel.+34 93 316 02 37 – Mòbil +34 607 611 798 – E-correu: laia.cendros@crg.eu