

Dime con quién andas... y te diré qué te pasa

- Investigadores del [Centro de Regulación Genómica \(CRG\)](#) han desarrollado un nuevo método para detectar interacciones directas entre proteínas.
- Técnicas de cribado como ésta son necesarias para conocer el entramado de piezas que hay en las células y también cuáles son sus interacciones, algo crucial para comprender cómo funcionan las células y qué pasa cuando enfermamos.
- El método, [publicado en la revista *Nature Communications*](#), se ha diseñado para que sea barato y factible, haciéndolo así accesible a cualquier laboratorio de investigación biomédica estándar.

Investigadores del [Centro de Regulación Genómica](#) han desarrollado un nuevo método más barato y accesible de cribado de alto rendimiento para detectar interacciones entre proteínas. Las proteínas son piezas muy importantes para la célula, hacen casi todo el trabajo y son esenciales para la estructura, la función y la regulación dinámica de la célula y los tejidos y órganos del cuerpo humano. Las proteínas raramente funcionan de forma aislada, acostumbran a interactuar formando complejos de proteínas o uniéndose al genoma y al ARN para controlar lo que la célula debe hacer. Esos complejos de proteínas son piezas clave para muchas reacciones importantes dentro de la célula, como el metabolismo energético y la regulación de los genes. Cualquier pequeño cambio en estas interacciones, causado por ejemplo por una mutación, podría tener una gran repercusión y marcar la diferencia entre la salud y la enfermedad. Para estudiar cómo funcionan las células o descubrir qué es lo que falla cuando no funcionan, es vital saber cómo interactúan sus elementos principales: las proteínas.

Las nuevas tecnologías han permitido que en las últimas décadas los científicos puedan acceder a la información genética de cada organismo y saber qué porción del genoma se está utilizando y qué proteínas se están creando en el interior de las células en cada momento y circunstancia. Tenemos un gran catálogo de información con muchas proteínas identificadas pero, el reto actual es saber qué moléculas interactúan entre ellas y cómo se combinan para formar los complejos necesarios para el funcionamiento de la célula. En otras palabras, conocemos las diez mil piezas que forman la célula pero no sabemos cómo ni con quién se juntan.

En un artículo [publicado en la revista *Nature Communications*](#), científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) describen el desarrollo de un nuevo método, llamado “rec-YnH”, que ha sido diseñado para identificar los complejos que se forman entre cientos de proteínas y moléculas de ARN al mismo tiempo.

El método, desarrollado bajo el liderazgo de [Sebastian Maurer](#) en colaboración con el laboratorio de [Luis Serrano](#), es la primera técnica que permite la detección de interacciones entre un gran número de proteínas y fragmentos de ARN al mismo tiempo. Además, los investigadores se esforzaron para conseguir un método que sea factible y económico, para que pueda ser utilizado en cualquier laboratorio.

“Nuestro método mide fielmente las interacciones entre grandes cantidades de proteínas y entre proteínas con fragmentos de ARN, sin necesidad de contar con equipos caros ni complicados,” explica [Sebastian Maurer](#). “Esta metodología la puede usar cualquier laboratorio de investigación biomédica estándar y puede servir tanto para estudiar un proceso molecular concreto dentro de la célula, como para explorar millones de interacciones entre proteínas al mismo tiempo con el fin de encontrar aquellos complejos implicados en una enfermedad en particular”, concluye.

Dos grupos de investigación del CRG han combinado su experiencia en bioinformática, bioquímica y biología molecular para desarrollar y validar experimentalmente el método. “Nuestra colaboración ha dado lugar a un método factible y económico que produce mapas de gran calidad de las interacciones entre proteínas y proteínas-ARN”, afirma Jae-Seong Yang, investigador postdoctoral y uno de los primeros autores de trabajo.

“Las interacciones entre proteínas y ARN son esenciales para muchos procesos biológicos, como la regulación de los genes, y nuestro método es el primero que puede detectarlas entre cientos de proteínas y ARN al mismo tiempo. Contar con una nueva herramienta tan eficiente, será extremadamente útil para responder preguntas importantes relacionadas con muchas enfermedades”, añade Mireia Garriga, primera autora del trabajo e investigadora del CRG.

Referencia: Jae-Seong Yang, Mireia Garriga-Canut, Nele Link, Carlo Carolis, Katrina Broadbent, Violeta Beltran, Luis Serrano, and Sebastian P. Maurer. “rec-YnH: An assay for the many-by-many detection of direct protein-protein and protein-RNA interactions” Nature Communications (2018). DOI: [10.1038/s41467-018-06128-x](https://doi.org/10.1038/s41467-018-06128-x)

Información sobre financiación: Este estudio ha contado con el apoyo y la financiación del Ministerio de Economía, Industria y Competitividad mediante el programa Juan de la Cierva – Incorporación (IJCI-2014-22070) y las ayudas BFU2015-63571-P, BFU2014-54278-P, y BFU2015-62550-ERC, “Centro de Excelencia Severo Ochoa 2013-2017” (SEV-2012-0208), plan estatal (PE 2013-2016 PN FEDER), el programa CERCA de la Generalitat de Cataluña y los Fondos Europeos para el Desarrollo Regional (FEDER).

Para más información y entrevistas:

Laia Cendrós, responsable de prensa, Centro de Regulación Genómica (CRG)
laia.cendros@crq.eu – Tel. +34 933160237 – Móvil +34607611798