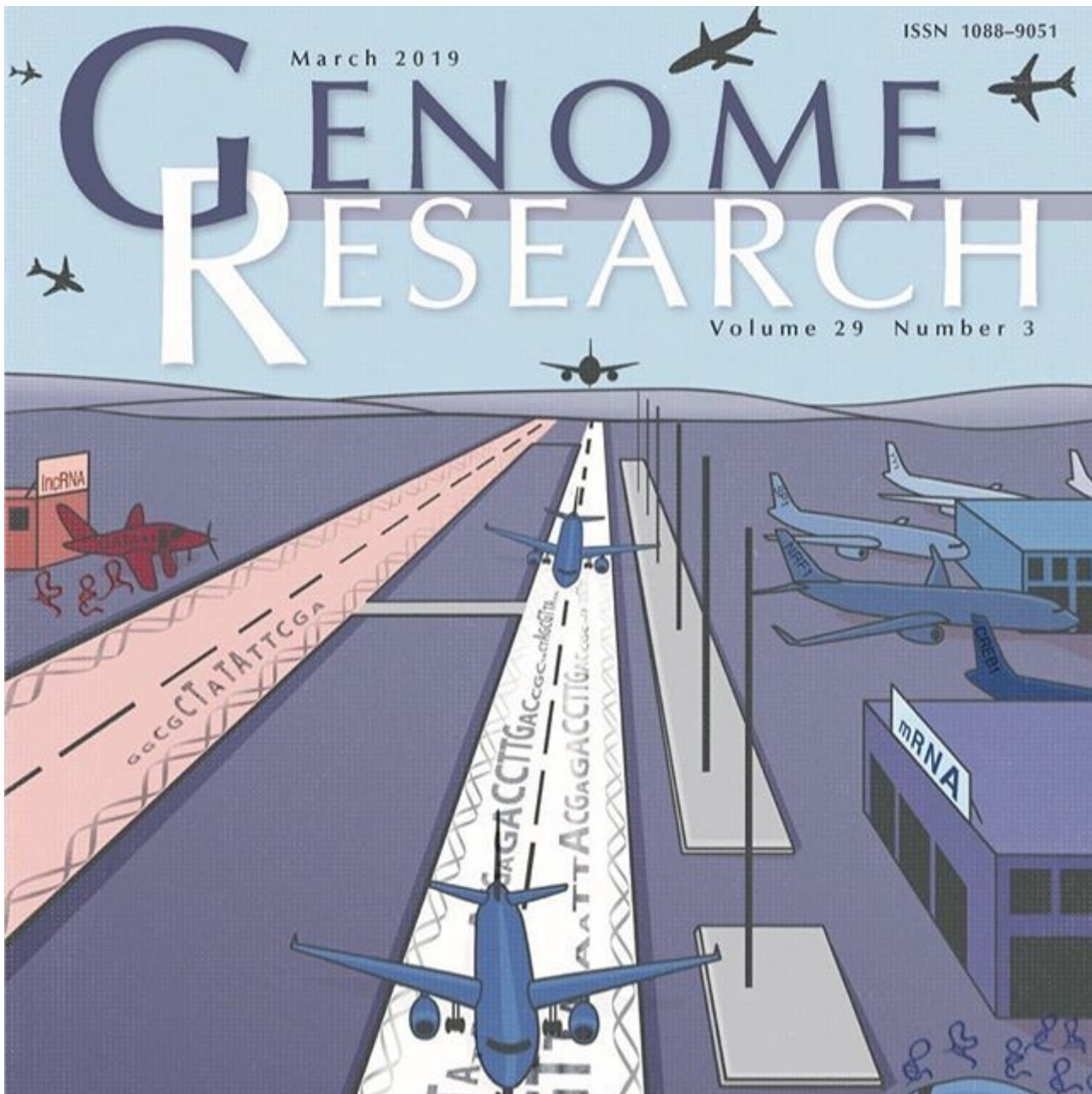


[Inici](#) > Un estudi ajuda a desxifrar el codi de l'ADN que determina l'especificitat de teixit dels gens

Un estudi ajuda a desxifrar el codi de l'ADN que determina l'especificitat de teixit dels gens



Una investigació en què ha participat el Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación (BSC) posa de relleu que la simplicitat en els motius de l'ADN determina l'especificitat de teixit dels gens. El resultat d'aquest estudi, on ha participat com a co-última autora Marta Melé, investigadora del BSC, és article de portada de la revista [Genome Research](#) del mes de març.

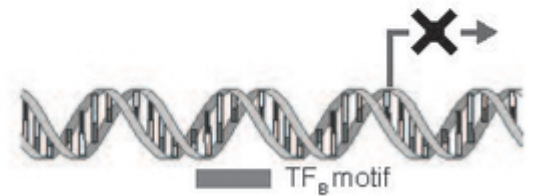
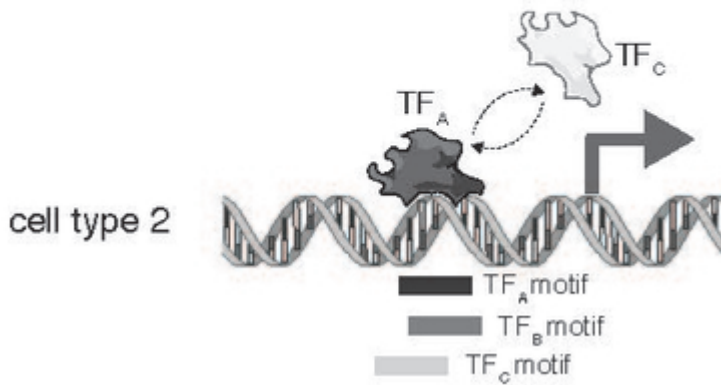
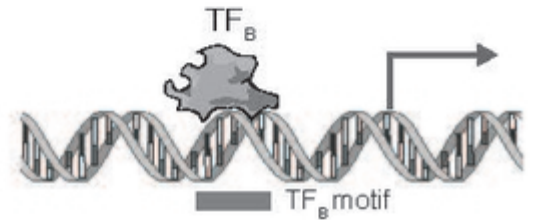
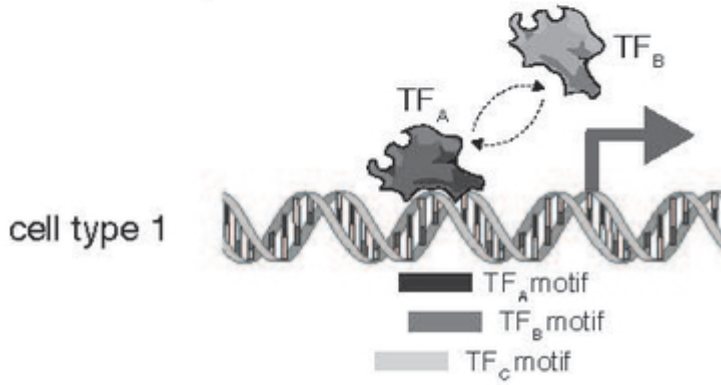
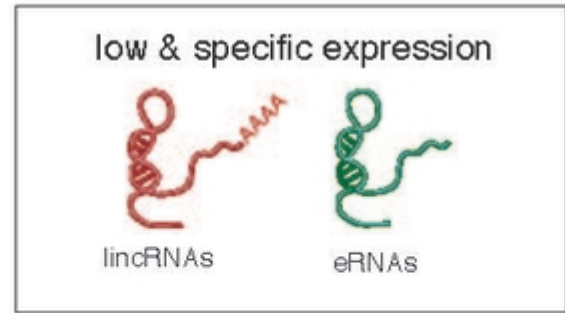
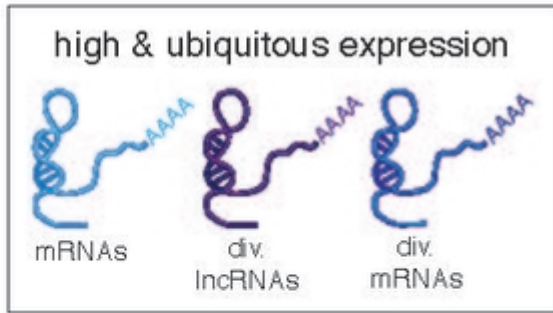
Fins ara, la majoria d'investigacions se centraven en els gens codificants, mentre que en aquest projecte s'han analitzat un tipus de gens no codificants, que són molt específics de teixit (només s'expressen en alguns teixits com fetge, pulmó, cervell, etc). L'objectiu era entendre com des d'una seqüència d'ADN present a totes les cèl·lules, aquests gens s'expressen només a cèl·lules de determinats teixits de forma molt específica.

Per a això, s'ha emprat una tècnica relativament nova, denominada Massively Parallel Reporter Assays (MPRA), que ha permès analitzar milers de seqüències de ADN alhora i veure com són capaces d'activar l'expressió gènica. La conclusió és que a més simplicitat del motiu de l'ADN que determina l'expressió d'aquests gens, més específica de teixit és la seva expressió. En canvi, com més complex és el motiu, més ubiqua és l'expressió gènica. Aquest és el cas dels gens codificants, que tenen uns motius de seqüència molt més complexos, que permeten que s'expressin en molts més teixits.

Aquest descobriment pot tenir una aplicació en el coneixement de malalties complexes, com ara el Parkinson, l'Alzheimer o la diabetis, on les mutacions en aquests motius d'ADN augmenten el risc de desenvolupar-les. “Si entenem com funciona el codi de l'ADN, quan hi hagi alguna mutació, podem predir quines seran les seves conseqüències”, conclou Melé, que es va incorporar fa un mes al BSC com a investigadora principal del grup de Transcriptòmica i Genòmica Funcional.

Marta Melé és co-última autora d'aquest treball, que ha tingut també la participació d'altres sis investigadors d'altres centres de recerca, com ara la Universitat de Harvard, la Universitat de Ghent, l'Institut Broad del MIT i Harvard o la Universitat de Colorado, entre altres.

Article: [High-throughput functional analysis of lncRNA core promoters elucidates rules governing tissue-specificity](#) – DOI: 10.1101/gr.242222.118



Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 15 jul 2024 - 05:54): <https://www.bsc.es/ca/noticies/noticies-del-bsc/un-estudi-ajuda-desxifrar-el-codi-de-l%E2%80%99adn-que-determina-l%E2%80%99especificitat-de-teixit-dels-gens>