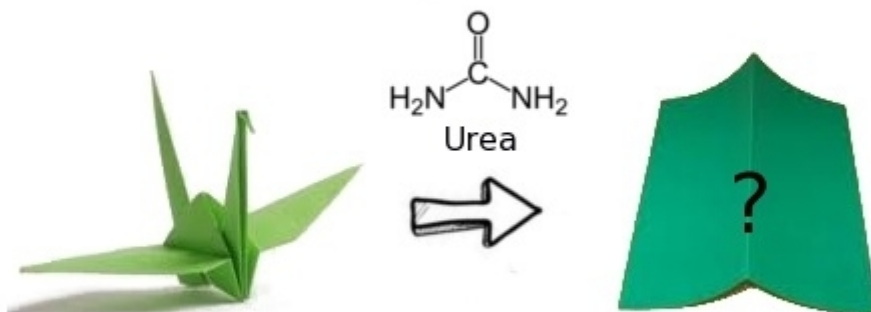
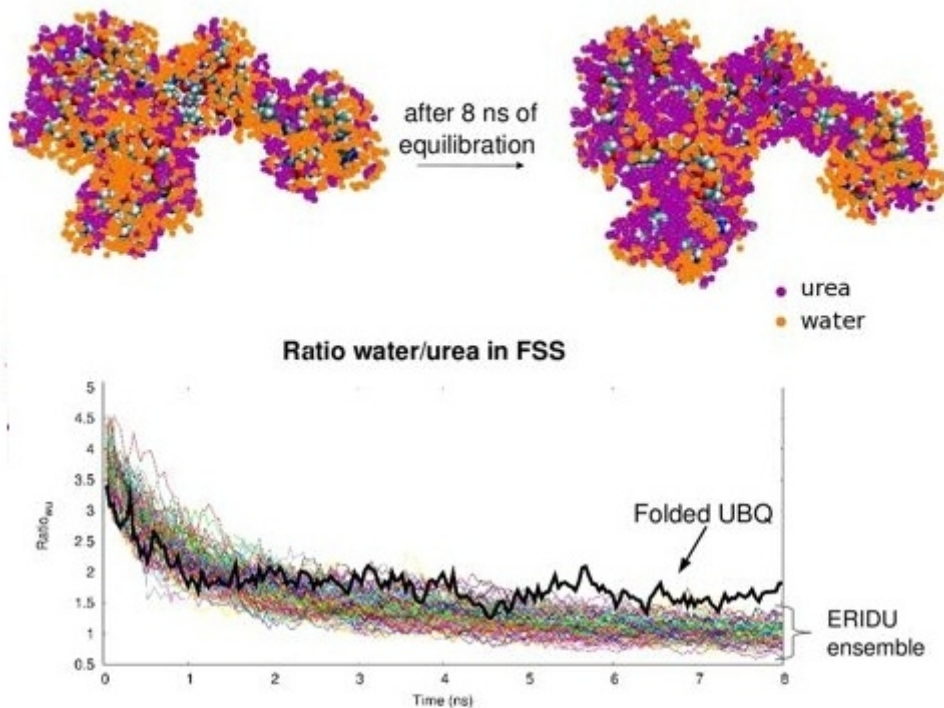


## Las proteínas al detalle

Investigadores del programa conjunto del IRB Barcelona y el BSC-CNS han descubierto una nueva manera de estudiar la forma de las proteínas. El estudio ha estado liderado por Modesto Orozco, y Xavier Salvatella, ambos investigadores ICREA en el IRB Barcelona.



Investigadores del [programa conjunto](#) del IRB Barcelona y el BSC-CNS han descubierto una nueva manera de estudiar la forma de las proteínas. El estudio ha estado liderado por **Modesto Orozco**, jefe de grupo del

laboratorio de [Modelización Molecular y Bioinformática](#), y **Xavier Salvatella**, jefe de grupo del laboratorio de [Biofísica Molecular](#), ambos investigadores ICREA en el IRB Barcelona. Según **Orozco**, también catedrático de la Universidad de Barcelona y director del Departamento de Ciencias de la Vida del BSC-CNS, “gracias a combinar métodos de simulación molecular por ordenador con técnicas fisicoquímicas experimentales, hemos podido averiguar la estructura de proteínas para las cuales antes existían obstáculos técnicos”. Los resultados están disponibles a partir de hoy en la versión electrónica de la prestigiosa revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

Este proyecto desarrollado en el IRB Barcelona, presenta un avance en la investigación de la estructura de las proteínas. En palabras de la primera autora, la estudiante de doctorado italiana **Michela Candotti**, “saber la forma que adoptan las proteínas es vital para poder hacer cualquier estudio. No es lo mismo que un alambre coja la forma de un clip, de una grapa o de una muelle”. Esto es especialmente relevante cuando una misma proteína puede hacer varias funciones.

El estudio en cuestión tiene varias implicaciones científicas que se pueden resumir en los siguientes tres puntos. En primer lugar, los investigadores han podido describir los mecanismos químicos por los cuales las proteínas se despliegan en presencia de compuestos como la urea. En palabras de **Orozco**, “este era un debate que estaba abierto desde los años 60 y que con este trabajo se puede considerar cerrado”. Por otro lado, han establecido una nueva estrategia experimental que permitirá descubrir la conformación de las Proteínas Intrínsecamente Desordenadas (PID). Las PID son un grupo de proteínas sin una estructura rígida y representan una parte importante del proteoma de la cual se saben muy pocas cosas. “Nuestros resultados podrán ayudar en la investigación sobre enfermedades donde las PID estén implicadas, como el cáncer, el Parkinson o el Alzheimer”, explica **Salvatella**. Finalmente, han descubierto cuales son los primeros pasos en el plegamiento de las proteínas, un aspecto también objeto de muchas discusiones.

#### **Artículo de referencia:**

##### **Towards an atomistic description of the urea-denatured state of proteins**

Michela Candotti, Santiago Esteban-Martín, Xavier Salvatella and Modesto Orozco

*Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)* (2013) online Early Edition the week of March 25.

[- Nota de premsa en català](#)

[- Press Release](#)

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

---

**Source URL (retrieved on 19 Mar 2025 - 23:38):** <https://www.bsc.es/es/news/bsc-news/las-prote%C3%ADnas-al-detalle>