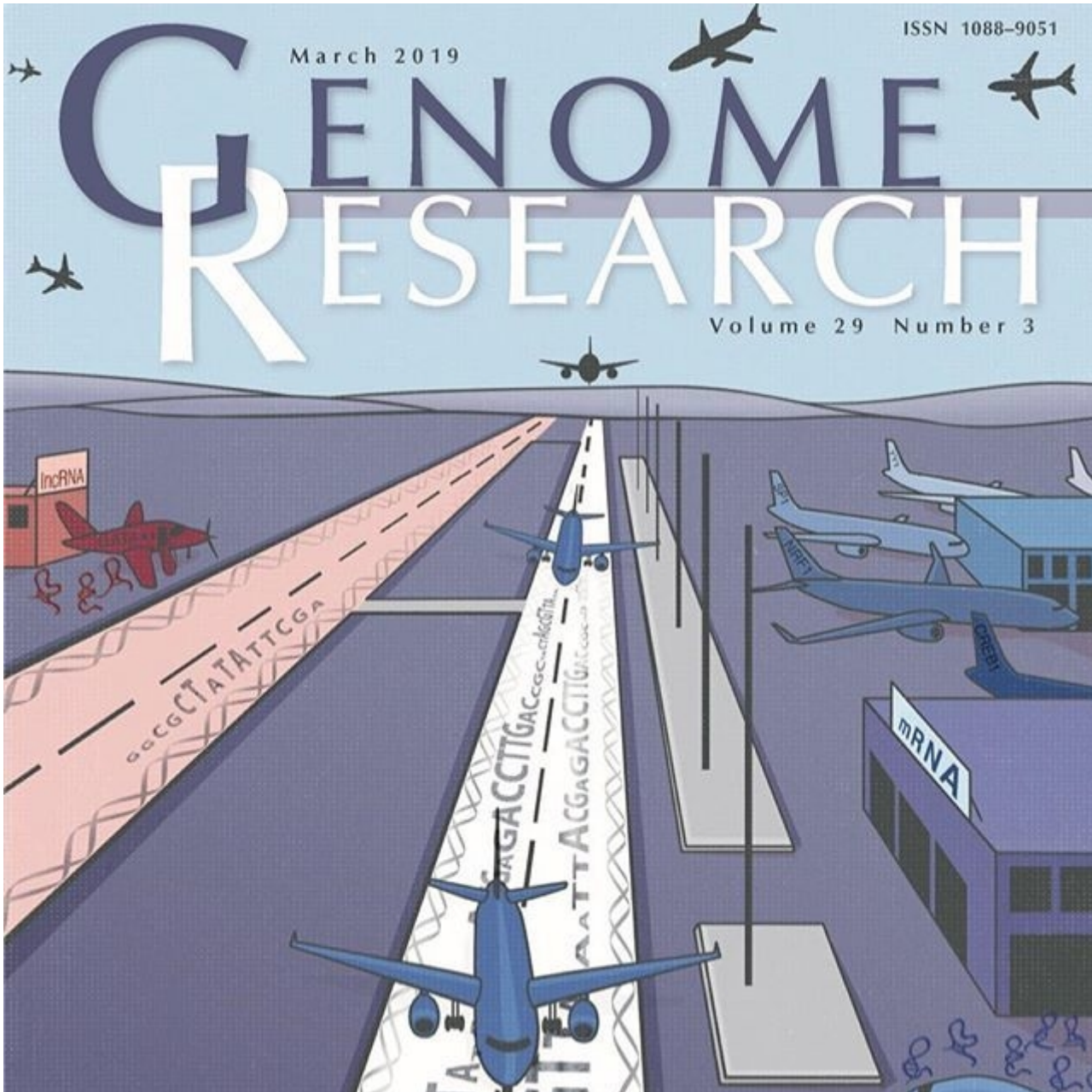


[Inicio](#) > Un estudio ayuda a descifrar el código del ADN que determina la especificidad de tejido de los genes

Un estudio ayuda a descifrar el código del ADN que determina la especificidad de tejido de los genes



Una investigación en la que ha participado el Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación (BSC) pone de manifiesto que la simplicidad en los motivos del ADN determina la especificidad de tejido de los genes. El resultado de este estudio, en el que ha participado como co-última autora Marta Melé, investigadora del BSC, es artículo de portada en la revista [Genome Research](#) del mes de marzo.

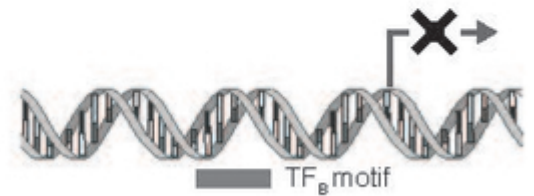
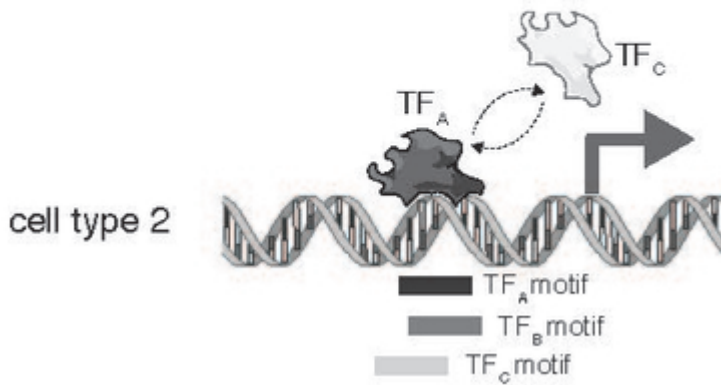
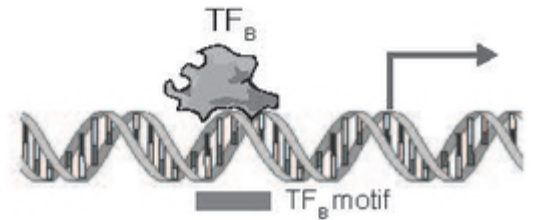
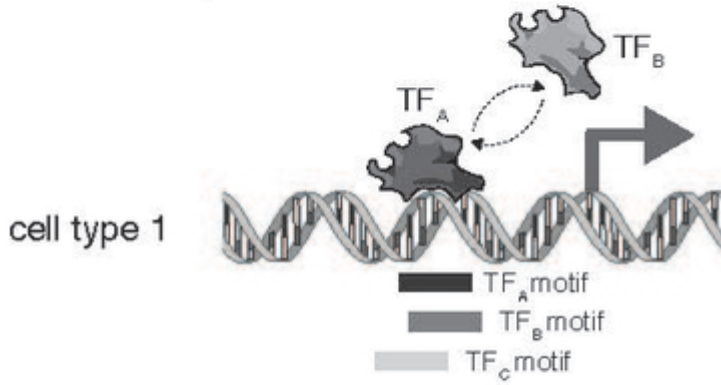
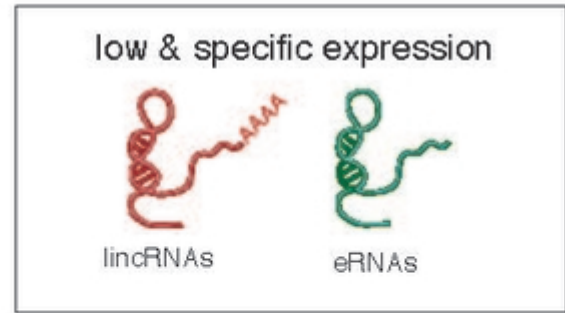
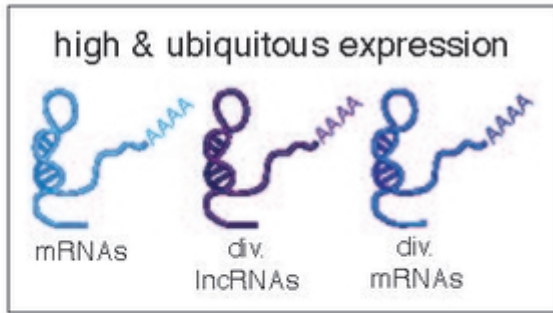
Hasta el momento, la mayoría de investigaciones se centraban en los genes codificantes, mientras que en este proyecto se han analizado un tipo de genes no codificantes, que son muy específicos de tejido (hígado, pulmón, cerebro, etc). El objetivo era entender cómo desde una misma secuencia de ADN presente en todas las células, estos genes se expresan solo en las células de determinados tejidos de manera muy específica.

Para ello, se ha utilizado una técnica relativamente nueva, denominada Massively Parallel Reporter Assays (MPRA), que ha permitido analizar miles de secuencias genómicas a la vez y ver cómo son capaces de activar la expresión génica. La conclusión a la que han llegado los autores del estudio es que a mayor simplicidad del motivo de ADN que determina la expresión de estos genes, más específica de tejido es su expresión. En cambio, cuanto más complejo es el motivo, más ubicua es la expresión génica. Este es el caso de los genes codificantes, que tienen unos motivos de secuencia mucho más complejos, que permiten que se expresen en muchos más tejidos.

Este hallazgo puede tener una aplicación en el conocimiento de enfermedades complejas, como el Parkinson, el Alzheimer o la diabetes, en las que mutaciones en estos motivos de ADN tienen un papel importante en las probabilidades de cada persona para desarrollar estas dolencias. “Si entendemos cómo funciona el código del ADN, cuando se produzca alguna mutación, podemos predecir cuáles serán las consecuencias”, concluye Melé, que se incorporó recientemente al BSC como líder del grupo de Transcriptómica y Genómica Funcional.

Marta Melé es co-última autora de este trabajo, que ha contado con la participación de otros seis investigadores de otros centros de investigación, como la Universidad de Harvard, la Universidad de Ghent, el Instituto Broad del MIT y Harvard o la Universidad de Colorado, entre otros.

Artículo: [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 14 Jul 2024 - 21:44): <https://www.bsc.es/es/noticias/noticias-del-bsc/un-estudio-ayuda-descifrar-el-c%C3%B3digo-del-adn-que-determina-la-especificidad-de-tejido-de-los-genes>