



El nuevo mapa de interacciones entre proteínas proporcionará datos sobre el cáncer

El investigador del CIC de Salamanca, Javier de las Rivas, participa desde hace cinco años en el estudio más avanzado

muchos de los tratamientos del cáncer consisten en restablecer relaciones normales para dichas oncoproteínas», concluyen desde el CIC.

REDACCIÓN / WORD

SALAMANCA. El investigador principal del Centro de Investigación del Cáncer (CIC-IBMCC), centro mixto de la Universidad de Salamanca y del Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Javier de las Rivas, ha dirigido los estudios de bioinformática de un proyecto que ha desarrollado el «más avanzado mapa de interacciones entre proteínas humanas». Este mapa, resultante de un estudio científico realizado durante los últimos cinco años, supone una mejora respecto a los estudios publicados en las últimas décadas al ser aproximadamente un 30% mayor.

Las proteínas constituyen la maquinaria molecular de las células humanas y gracias a las nuevas tecnologías de escala ómica global, basadas en el manejo del genoma humano completo, se han podido testar en el laboratorio millones de pares de proteínas para comprobar



Javier de las Rivas

cuales interactúan molecularmente entre sí. «Al igual que las secuencias del genoma revolucionaron la genética humana, los mapas de la referencia de redes de interactoma serán fundamentales para comprender plenamente las relaciones genotipo-fenotipo, para comparar la información contenida en los cromosomas con su manifestación y relación con el medio», explican desde el CIC.

En el trabajo 'A Proteome-Scale Map of the Human Interactome Network' se ha descrito un mapa de aproximadamente 14.000 interacciones binarias 'proteína-proteína' humanas y de «alta calidad».

Aunque la información actual de la red presentada cubre «una porción relativamente pequeña del proteoma», el mapa es «más homogéneo» y revela «una red más amplia» de las interacciones de las proteínas de los humanos, que proporciona datos para precisar aspectos funcionales del cáncer, explica.

Para este fin, el equipo dirigido por el doctor De las Rivas ha testado 1.000 proteínas del set de referencia, y las muestras se han analizado mediante tres métodos «independientes y cotejados por métodos bioinformáticos». Y el estudio ha permitido describir con «más precisión» las proteínas implicadas en el desarrollo del cáncer y se ha constatado «una gran cantidad de relaciones entre ellas».

«Este avance puede tener una aplicación directa en clínica debido a que