



Científicos de la Usal avanzan en la información de la secuencia del ADN

El hallazgo del Instituto de Biología Funcional y Genómica ha sido publicado recientemente en la revista científica *Genome Research*

REDACCIÓN / WORD

SALAMANCA. Científicos de la Universidad de Salamanca han desvelado un nuevo nivel de información en la secuencia del ADN que abre nuevas líneas de investigación para la manipulación de secuencias genéticas entre organismos de distintas especies.

La investigación ha sido llevada a cabo por uno de los grupos del Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG) de la Universidad de Salamanca, dirigido por Francisco Antequera, explicaron ayer fuentes de la institución académica a través de un comunicado.

El hallazgo, que se realizó en colaboración con el catedrático en Lenguajes y Sistemas Informáticos de la USAL, Luis Quintales, ha sido publicado recientemente en la revista científica *Genome Research*.

El equipo de Antequera ha confirmado que, junto con los distintos niveles de información conocidos del ADN que articulan la organización y funcionamiento de los distintos organismos, la propia molécula posee un nivel de información adicional, desconocido hasta ahora, para determinar el propio empaquetamiento de toda esa cadena de información en los nucleosomas.

Ha servido para constatar que la carga genética de un organismo y su correcta expresión en el individuo también está imprescindiblemente unida al orden en que los nucleosomas estén dispuestos en el interior de la célula.



Dos investigadores comprueban datos en uno de los aparatos utilizados en la investigación. :: WORD

Abre nuevas líneas de investigación para la manipulación de secuencias genéticas

Sobre las particularidades de este orden programado, Quintales ha sostenido cómo «a través de la elaboración de mapas genómicos se ha observado que los nucleosomas de una especie siempre se sitúan en la misma posición dentro del genoma».

Este nivel de información del ge-

nomia, desconocido hasta ahora, es sorprendente «no sólo porque determina la posición nucleosomal, sino porque ésta es específica y exclusiva de cada especie».

Información del genoma

Y así, mediante diferentes observaciones, el grupo de investigación ha identificado este nuevo nivel de información del genoma.

Tras el hallazgo, los científicos se plantearon la remasterización o modificación del patrón de distribución de nucleosomas específico para cada organismo, consistente en la realización de pequeños cambios sobre la secuencia del ADN respetando su codificación original.

En este sentido, los investigadores han precisado que pueden «remasterizar una secuencia genómica de una especie para introducirla en un organismo distinto y que, aunque siga produciendo sus proteínas originales, se adapta a la estructura tridimensional o nucleosomal que posee la célula en la que se va a introducir».

Este éxito es el que ha llevado a los científicos del IBFG a solicitar una patente a nivel europeo para diseñar genomas sintéticos, confiando en que la remasterización de las secuencias genómicas de distintas levaduras pueda mejorar la productividad industrial y biotecnológica, concluyeron las mismas fuentes.