



Científicos de la USAL hallan un nuevo nivel de información en el ADN

SALAMANCA

El laboratorio del grupo de Organización Funcional del Genoma Eucariótico del Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG) de la Universidad de Salamanca, dirigido por Francisco Antequera, acaba de identificar «un nuevo nivel de información en la secuencia del ADN». El hallazgo, que se realizó en colaboración con el catedrático en Lenguajes y Sistemas Informáticos de la Usal, Luis Quintales, fue publicado recientemente en la revista científica 'Genome Research'.

Para entender este estudio, es necesario revisar cómo se organiza la información genética en un organismo. En todos los núcleos de las células de los seres vivos se encuentran unas estructuras encargadas de la herencia biológica, los cromosomas, compuestos por fragmentos denominados genes que, a su vez, están formados por moléculas de ADN o ácido desoxirribonucleico, informó la Usal.

El conjunto de toda esta información genética se denomina genoma y almacena las claves para la diferenciación de las células que forman los distintos seres vivos. Pero, para la configuración de los distintos organismos no solo importa la información contenida en el genoma, sino que también es esencial cómo está organizada para facilitar el acceso físico a las proteínas que lo regulan.

Así, la comunidad científica constató hace tiempo que el tamaño de la secuencia de cromosomas es mucho mayor que el tamaño del núcleo de las células, por lo que debe compactarse enormemente a la vez que mantiene su funcionalidad. Además, la secuencia de ADN varía a lo largo del genoma, mientras que la posición de los nucleosomas está muy conservada. Esto hizo preguntarse a los científicos del IBFG si la molécula de ADN poseía un código de información que determinase su posición.

Sobre las particularidades de este orden programado, el catedrático de la Usal, Luis Quintales, explica que «a través de la elaboración de mapas genómicos, teniendo en cuenta los algoritmos y los datos obtenidos en las investigaciones de secuenciación masiva, se ha observado que los nucleosomas de una especie siempre se sitúan en la misma posición dentro del genoma», advierte.