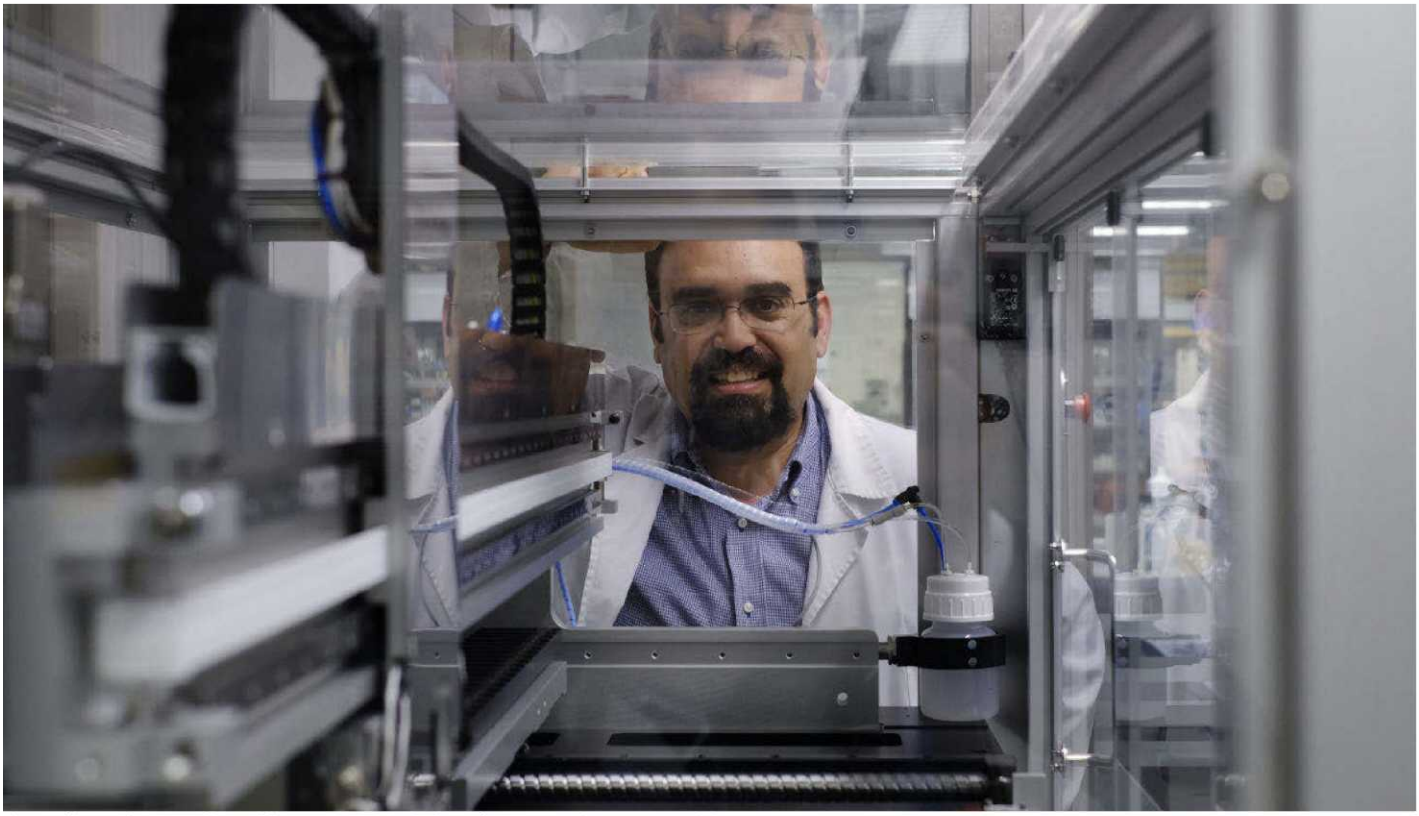
EL MUNDO
El Mundo (Diario de Castilla y León) -Innovadores 19/01/21
Castilla y León
Pr: Semanal (Martes)
Tirada: 15.131
Dif: 12.197
Cod: 136658034
Pagina: 4
Secc: OTROS Valor: 4.658,14 € Area (cm2): 819,9 Ocupac: 97,35 % Doc: 1/1 Autor: Num. Lec: 48788



El científico salmantino Manuel Fuentes con una de las máquinas que forman parte del proyecto. ENRIQUE CARRASCAL

> SALAMANCA

El traductor del código de la vida

Un científico salmantino participa en la publicación del primer mapa del proteoma humano / Busca mejorar la comprensión de la biología celular y molecular humana para aplicar este conocimiento a la medicina de precisión. Por **E. Lera**

Son los que dan voz a la literatura, pero también los que consiguen que un mensaje llegue a cualquier parte del mundo sin importar el idioma en el que esté. Los traductores son figuras clave. Trabajan con el mismo esmero con el que se trata la producción de los originales. Y es que cuidan las lenguas y los dialectos en todos los sentidos. El registro, las expresiones, los giros, la terminología… Su meta es respetar el espíritu sin dejar de lado las normas ortográficas, gramaticales y de calidad.

Ahora bien, no todos los profesionales de este arte se enfrentan a mensajes tanto escritos como orales. Existen algunos que quieren *interpretar* el código de la vida. Un investigador salmantino participa en la publicación del primer mapa del proteoma humano, un proyecto que se inició en el año 2010 como un esfuerzo conjunto de científicos de 25 países. Y con el objetivo de establecer el mapa de las proteínas humanas, es decir, conocer las proteínas codificadas en dicho genoma. Un trabajo que tiene en cuenta «el papel fundamental» de las proteínas en la dinámica celular, tejidos y la fisiología tanto en condiciones normales como patológicas.

La innovación de este proyecto reside, a juicio de Manuel Fuentes, investigador del Centro de Investigación del Cáncer, profesor titular de Inmunología de la Universidad de Salamanca y miembro del IBSAL, tanto en el concepto para realizar investigación científica cooperativa entre muchos países, como, desde el punto de vista científico-técnico, en permitir establecer secuencias peptídicas únicas de proteínas humanas con una resolución y sensibilidad muy altas. Además, comenta que toda la información se encuentra disponible y accesible para toda la comunidad científica. ¿Con qué fin? Mejorar la comprensión de la biología celular y molecular humana para aplicar este conocimiento a la medicina de precisión.

En la publicación del mapa del proteoma humano se han empleado tres pilares metodológicos principales: la espectrometría de masas, los inmunoensayos y la bioinformática, con la cual se ha integrado todos los datos obtenidos a nivel experimental.

«Constituyen el mapa desde donde descubrir nuevas dianas terapéuticas o nuevas aproximaciones diagnósticas o pronósticas en muchas de las enfermedades; abriendo nuevas opciones para la medicina de precisión; de manera que se puedan iniciar caminos nuevos de investigación en patologías que hoy en día se consideran incurables, como también lograr incrementar la eficacia terapéutica de muchas patologías y generar aproximaciones para un diagnóstico precoz. En definitiva, a largo plazo va a tener un efecto en todos los aspectos de la salud, incrementando así la calidad de vida», expone Fuentes.

Una vez descifrado el genoma humano, cuenta el científico salmantino, uno de los grandes retos en investigación biomédica era descifrar las proteínas que se codifican en dichos genes. «Teniendo en cuenta que la expresión de las proteínas es dinámica, depende de los tipos celulares, tejidos, órganos… y los cambios a lo largo de la edad, se planteó como un esfuerzo internacional y colaborativo. En ese tiempo, España tenía ya en funcionamiento la plataforma ProteoRed –plataforma nacional de laboratorios de proteómica–, por lo que fue una sinergia para comenzar a formar parte de este proyecto».

Se inició en septiembre de 2010, en Sídney, y desde entonces todos los años se ha realizado una actualización de los avances en septiembre-octubre de cada año, y en los diferentes países que formaban parte del proyecto –Suiza, Estados Unidos, Taiwán, Suecia, España, Canadá, Irlanda…–. En nuestro país, se acogió la reunión anual en octubre de 2014 en Madrid.

Recalca que esta iniciativa a largo-medio plazo va a permitir abrir nuevas líneas de investigación biomédica enfocadas a nuevos diagnósticos, terapias, entre otros, en múltiples patologías, con el fin de aumentar la calidad de vida. Por ello, los planes de futuro pasan por continuar con el trabajo enfocado a establecer el proteoma en las patologías más relevantes y también con la integración con otras técnicas como la genómica, transcriptómica y metabolómica para ir buscando una mejor y rápida traslación en la clínica.

Según informa el Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca, mientras el genoma es el conjunto de instrucciones genéticas que se encuentra en una célula, el proteoma engloba el conjunto completo de proteínas elaboradas, de forma dinámica, por un organismo. Estas investigaciones permiten determinar el papel del genoma y el proteoma humano en la salud y la enfermedad. La proteómica proporciona información crucial que la genómica per se no puede entregar, por tanto, la investigación internacional del genoma y proteoma se complementan mutuamente.

Este estudio pormenorizado sobre el proteoma tiene como meta identificar proteínas involucradas en diversas enfermedades, como por ejemplo el cáncer, pues gracias a este conocimiento detallado se asienta la base para el desarrollo de fármacos dirigido al tratamiento de dichas enfermedades. Por tanto, la comunidad científica está trabajando de manera coordinada para identificar las proteínas del organismo, sino también cuándo son elaboradas, cuáles son sus funciones y cómo interactúan las proteínas entre sí. Para ilustrar las muchas innovaciones históricas paralelas realizadas por la comunidad científica que han impulsado los avances de la proteómica, la Organización del Proteoma Humano ha creado una línea de tiempo histórica interactiva disponible en hupo.org/Proteomics-Timeline.