

## **Partes del genoma sin función conocida podrían tener un papel clave en la formación de nuevas proteínas**

*Una buena parte del genoma humano se transcribe, copiándose a moléculas de ARN, pero la función biológica de muchos de estos ARNs (long non-coding RNA o lncRNA) no está clara. Esta cuestión está generando mucha controversia a nivel científico.*

*El estudio ha analizado experimentos realizados en seis especies diferentes y se han identificado casi 2.500 lncRNAs que no constan en las bases de datos. La mayoría de los lncRNAs están sólo en una sola especie, lo que indica que tienen un origen reciente.*

*El hallazgo más importante es que, en todas las especies, una fracción importante de los lncRNAs se asocia a la maquinaria celular que sintetiza proteínas a partir de ARN. Así pues, en contra de la opinión dominante, muchos lncRNAs podrían producir proteínas.*

**Barcelona, a 17 de septiembre de 2014.-** Investigadores del Programa de Investigación en Informática Biomédica del IMIM (Instituto Hospital del Mar de Investigaciones Médicas) y de la Universidad Politécnica de Cataluña (UPC) acaban de publicar un estudio en eLife que pone en evidencia que el ARN llamado no codificante (lncRNA) tiene un papel importante en la evolución de nuevas proteínas que podrían tener importantes funciones celulares aún por descubrir.

Los ribosomas fabrican proteínas a partir de las instrucciones que hay en la molécula de ARN. Sin embargo, sólo un 2% del genoma humano es ARN que tiene información para la síntesis de proteínas, o sea, es codificante. Otras partes del genoma que se transcriben podrían ser solo "ruido evolutivo", es decir, partes del ADN que se copian al azar a ARN pero sin una función biológica concreta. Ahora, una nueva técnica de secuenciación ha revelado que muchos de estos transcritos (lncRNA) también podrían traducirse en proteínas, lo que está siendo objeto de un intenso debate.

***"Hemos confirmado que en las seis especies estudiadas -seres humanos, ratones, peces, moscas, levadura y una planta- muchos de los lncRNAs estaban asociados con los ribosomas y parecían estar preparados para la traducción del ARN en proteínas, lo que sugiere que pueden actuar como repositorio para la síntesis de nuevas proteínas"*** explica Mar Albà, profesora ICREA y coordinadora del grupo de investigación en Genómica Evolutiva del IMIM.

El estudio encontró casi 2.500 lncRNAs aún no estudiados, aparte de los identificados previamente, y ha constatado que muy pocos lncRNA se encuentran en más de una especie, lo que sugiere que han evolucionado recientemente. Esta hipótesis se ve corroborada por el hecho de que las propiedades de las moléculas lncRNA muestran

muchas similitudes con las propiedades de genes "jóvenes" que se sabe que producen proteínas.

*"El nacimiento de una nueva proteína funcional es un proceso de ensayo error que muy probablemente requiere de la existencia de muchos transcritos que no sobrevivirán la prueba del tiempo, y el lncRNA parece encajar en este papel. El estudio de especies cercanas nos permitirá entender mejor los procesos de formación de nuevos genes codificantes e identificar aquellos que puedan ser funcionales. También será interesante estudiar cómo la alteración en los patrones de expresión de los lncRNAs está ligado a determinadas enfermedades "*concluye Mar Albà.

#### **Artículo de referencia:**

---

"Long non-coding RNAs as a source of new peptides". Jorge Ruiz-Orera (Fundacion IMIM), Xavier Messeguer (Universidad Politécnica de Cataluña), Juan Antonio Subirana (Universidad Politécnica de Cataluña), and M.Mar Alba (Fundacion IMIM and ICREA). Tracking no: 29-05-2014-RA-eLife-03523R1

#### **Más información:**

---

Servicio de Comunicación IMIM: Marta Calsina 93 316 0680 [mcalsina@imim.es](mailto:mcalsina@imim.es) i Rosa Manaut 699 094 833 [rmanaut@imim.es](mailto:rmanaut@imim.es) .