

Las proteínas al detalle

Científicos del IRB Barcelona y el Barcelona Supercomputing Center (BSC) abren la puerta a describir las conformaciones de las proteínas sin estructura definida. Los científicos han podido describir los mecanismos químicos por los cuales las proteínas se despliegan en presencia de compuestos como la urea y han establecido una nueva estrategia experimental que permitirá descubrir la conformación de las Proteínas Intrínsecamente Desordenadas (PID).

IRB Barcelona

27/3/2013 11:23 CEST

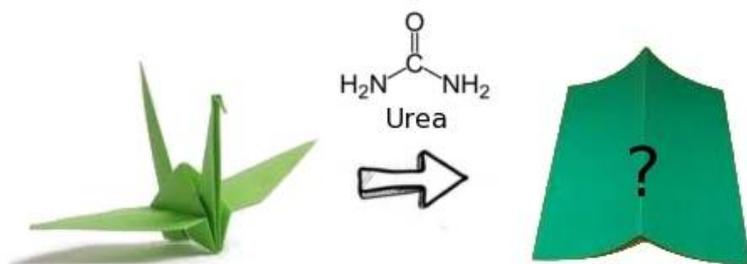


Diagrama del despliegue de las proteínas en presencia de urea./ M Candotti © IRB Barcelona.

Investigadores del programa conjunto del IRB Barcelona y el Barcelona Supercomputing Center (BSC) han descubierto una nueva manera de estudiar la forma de las proteínas. El estudio ha estado liderado por Modesto Orozco, jefe de grupo del laboratorio de Modelización Molecular y Bioinformática, y Xavier Salvatella, jefe de grupo del laboratorio de Biofísica Molecular.

Según Orozco, también catedrático de la Universidad de Barcelona y director del Departamento de Ciencias de la Vida del BSC, “gracias a combinar métodos de simulación molecular por ordenador con técnicas fisicoquímicas experimentales, hemos podido averiguar la estructura de proteínas para las cuales antes existían obstáculos técnicos”. Los resultados están disponibles a partir de hoy en la versión electrónica de la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

“Saber la forma que adoptan las proteínas es vital

para poder hacer cualquier estudio. No es lo mismo que un alambre coja la forma de un clip, de una grapa o de un muelle”

Este proyecto desarrollado en el IRB Barcelona, presenta un avance en la investigación de la estructura de las proteínas. En palabras de la primera autora, la estudiante de doctorado italiana Michela Candotti, “saber la forma que adoptan las proteínas es vital para poder hacer cualquier estudio. No es lo mismo que un alambre coja la forma de un clip, de una grapa o de una muelle”. Esto es especialmente relevante cuando una misma proteína puede hacer varias funciones.

El estudio en cuestión tiene varias implicaciones científicas que se pueden resumir en los siguientes tres puntos.

En primer lugar, los investigadores han podido describir los mecanismos químicos por los cuales las proteínas se despliegan en presencia de compuestos como la urea.

En palabras de Orozco, “este era un debate que estaba abierto des de los años 60 y que con este trabajo se puede considerar cerrado”. Por otro lado, han establecido una nueva estrategia experimental que permitirá descubrir la conformación de las Proteínas Intrínsecamente Desordenadas (PID). Les PID son un grupo de proteínas sin una estructura rígida y representan una parte importante del proteoma de la cual se saben muy pocas cosas.

“Nuestros resultados podrán ayudar en la investigación sobre enfermedades donde las PID estén implicadas, como el cáncer, el Parkinson o el Alzheimer”, explica Salvatella. Finalmente, han descubierto cuales son los primeros pasos en el plegamiento de las proteínas, un aspecto también objeto de muchas discusiones.

Referencia bibliográfica:

Michela Candotti, Santiago Esteban-Martín, Xavier Salvatella and Modesto Orozco. "Towards an atomistic description of the urea-

denatured state of proteins". *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)* (2013) online semana del 25 de marzo.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

BIOINFORMATICA | IDP | ESTRUCTURA | MODELIZACIÓN | RMN |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)