

El genoma humano es mucho más complejo de lo que se creía

Los genes se interrelacionan y el 'ADN basura', el 90%, no es tan inútil

Descifran el manual de instrucciones de una porción de toda la información disponible

ANTONIO MADRIDEJOS
cordobaf@cordoba.elperiodico.com
BARCELONA

Si los genes son elementos aislados, colocados de forma ordenada y separados por imaginarias fronteras, ni el mal llamado ADN basura, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía. Todo es mucho más complejo y difícil de sintetizar. Esta es la principal conclusión de un consorcio internacional que ha logrado descifrar tras cuatro años de trabajo el manual de instrucciones de una pequeña porción de toda la información disponible. Es únicamente un 1%, "pero ya da una idea de cómo van las cosas", resume el investigador catalán Roderic Guigó, uno de los participantes en el trabajo.

En el consorcio Encode (Encyclopedia of DNA Elements), el mayor proyecto de este ámbito tras la secuenciación del genoma humano, han participado 80 organizaciones, entre ellas el Centro de Regulación Genómica (CRG), la Universitat Pompeu Fabra (UPF) y el Instituto Municipal de Investigaciones Médicas (IMIM), los tres de Barcelona, así



►► Roderic Guigó (delante) y su equipo en el CRG de Barcelona, ayer.

como el Centro de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid. Los resultados se publican esta semana en las revistas *Nature* y *Genome Research*.

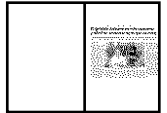
DE 470 A 30.000 // Los investigadores han analizado con detalle una porción de la información en bruto que surgió de la secuenciación del genoma humano, presentada en el 2003. No es un 1% lineal, sino 44 fragmentos procedentes de todos los cromosomas, precisa Guigó: "Hasta ahora se habían analizado genes

concretos, pero no una porción tan grande del genoma". De las 44 partes, 14 fueron escogidas porque se sabía que en ellas había genes vinculados a determinadas enfermedades, pero las 30 restantes se tomaron al azar.

El trabajo ha elaborado un mapa de cómo son y dónde se encuentran los genes. En el 1% analizado se localizaron alrededor de 470, aunque no es un resultado extrapolable para determinar si en total hay, como se cree, entre 25.000 y 30.000 genes.

El estudio sostiene claramente

que la información genética no se acaba en los genes: el ADN basura, secuencias duplicadas que parecían no tener utilidad alguna, tendrá que cambiar de nombre. "Hemos descubierto que muchas regiones son más activas de lo que pensábamos, aunque aún desconocemos sus funciones exactas", dice Guigó. La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están interconectadas, tanto que es difícil distinguir dónde empieza uno y acaba otro. ≡



RESULTADO DEL PROYECTO ENCODE EN EL QUE PARTICIPAN CIENTÍFICOS DE TODO EL MUNDO

El genoma humano es más complejo y difícil de sintetizar de lo que se creía

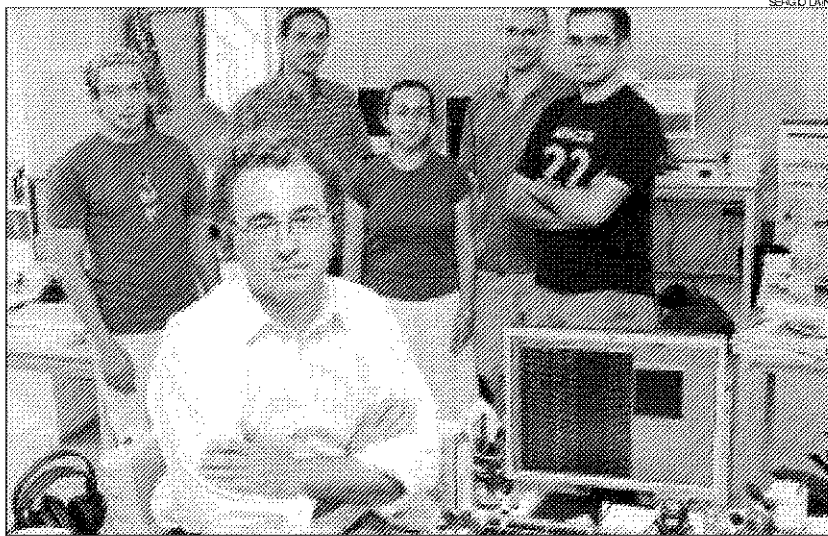
Los genes están interrelacionados y el llamado 'ADN basura', que supone el 90% del total, no es tan inútil

Los científicos han conseguido descifrar el manual de instrucciones del 1% del elemento genético

ANTONIO MADRIDEJOS
sociedad@epmediterraneo.com
BARCELONA

Ni los genes son elementos aislados, colocados de forma ordenada y separados por imaginarias fronteras, ni el mal llamado *ADN basura*, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía. Todo es mucho más complejo y difícil de sintetizar. Esta es la principal conclusión de un consorcio internacional que ha logrado descifrar tras cuatro años de trabajo el manual de instrucciones de una pequeña porción de toda la información disponible. Es únicamente un 1%, "pero ya da una idea de cómo van las cosas", resume el investigador catalán Roderic Guigó, uno de los españoles participantes en el trabajo.

En el consorcio Encode (Encyclopedia of DNA Elements), el mayor proyecto de este ámbito tras la secuenciación del genoma humano, han participado 80 organizaciones, entre ellas el Centro de Regulación Genómica (CRG), la Universitat Pompeu Fabra (UPF) y el Instituto Municipal de Investigaciones Médicas



►► El investigador Roderic Guigó (delante) y su equipo en el CRG de Barcelona, ayer.

(IMIM), los tres de Barcelona, así como el Centro de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid. Los resultados se publican esta semana en las revistas *Nature* y *Genome Research*.

En esencia, lo que han hecho los investigadores es analizar

con detalle una porción de la información en bruto que surgió de la secuenciación del genoma humano, presentada en el 2003. No es un 1% lineal, sino 44 fragmentos procedentes de todos los cromosomas, precisa Guigó, bioinformático adscrito al CRG y

el IMIM: "Hasta ahora se habían analizado genes concretos, pero no una porción tan grande del genoma". De las 44 partes, 14 fueron escogidas porque se sabía que en ellas había genes vinculados a determinadas enfermedades, pero las 30 restantes se to-

maron al azar. El trabajo ha elaborado un mapa de cómo son y dónde se encuentran los genes. En el 1% analizado se localizaron unos 470, pero el resultado no es extrapolable para determinar si en total hay, como se cree, entre 25.000 y 30.000 genes.

SORPRESA // El estudio sostiene claramente que la información genética no se acaba en los genes: el *ADN basura*, secuencias duplicadas que parecían no tener utilidad alguna, tendrá que cambiar de nombre. "Hemos descubierto que muchas regiones son más activas de lo que pensábamos, aunque aún desconocemos sus funciones exactas", dice Guigó. La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están interconectadas, tanto que es difícil distinguir dónde empieza uno y acaba otro. "Antes se pensaba que los genes se relacionaban como las cuentas de un collar, con fronteras claras, pero hemos visto que a veces no están separados, sino superpuestos, e incluso cuesta distinguirlos".



CIENCIA

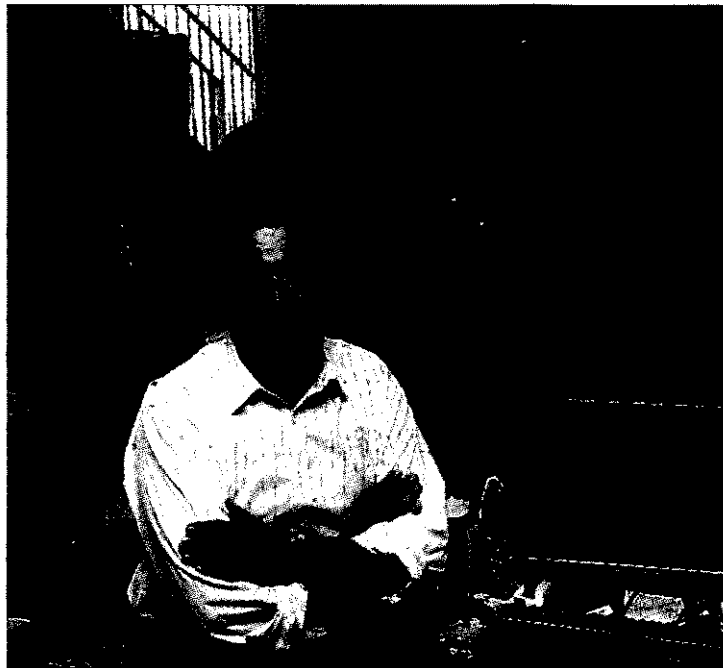
El genoma humano es mucho más complejo de lo que se creía

Los genes están interrelacionados y el 'ADN basura', el 90% del total, no es tan inútil

ANTONIO MADRIDEJOS
eperagon@elperiodico.com
BARCELONA

Si los genes son elementos aislados, colocados de forma ordenada y separados por imaginarias fronteras, ni el mal llamado ADN basura, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía. Todo es mucho más complejo y difícil de sintetizar. Esta es la principal conclusión de un consorcio internacional que ha logrado descifrar tras cuatro años de trabajo el manual de instrucciones de una pequeña porción de toda la información disponible. Es únicamente un 1%, «pero ya da una idea de cómo van las cosas», resume el investigador español Roderic Guigó, uno de los participantes en el trabajo desarrollado.

En el consorcio Encode (Encyclopedia of DNA Elements), el mayor proyecto de este ámbito tras la secuenciación del genoma humano, han participado 80 organizaciones, entre ellas el Centro de Regulación



►► Roderic Guigó (delante) y su equipo, ayer.

SERGIO LAJNZ

Genómica (CRG), la Universitat Pompeu Fabra (UPF) y el Instituto Municipal de Investigaciones Médicas (IMIM), los tres de Barcelona, así como el Centro de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid. Los resultados se publican esta semana en las revistas *Nature* y *Genome Research*.

DE 470 A 30.000 // En esencia, lo que han hecho los investigadores es analizar con detalle una porción de la información en bruto que surgió de la secuenciación del genoma humano, presentada en el 2003. No es un 1% lineal, sino 44 fragmentos procedentes de todos los cromosomas, precisa Guigó, bioinformático ad-

crito al CRG y el IMIM: «Hasta ahora se habían analizado genes concretos, pero no una porción tan grande del genoma». De las 44 partes, 14 fueron escogidas porque se sabía que en ellas había genes vinculados a determinadas enfermedades, pero las 30 restantes se tomaron al azar.

El trabajo ha elaborado un mapa de cómo son y dónde se encuentran los genes. En el 1% analizado se localizaron alrededor de 470, aunque no es un resultado extrapolable para determinar si en total hay, como se cree, entre 25.000 y 30.000 genes.

El estudio sostiene claramente que la información genética no se acaba en los genes: el ADN basura, secuencias duplicadas que parecían no tener utilidad alguna, tendrá que cambiar de nombre. «Hemos descubierto que muchas regiones son más activas de lo que pensábamos, aunque aún desconocemos sus funciones exactas», dice Guigó. La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están interconectadas, tanto que es difícil distinguir dónde empieza uno y acaba otro. «Antes se pensaba que los genes se relacionaban como las cuentas de un collar, con fronteras claras, pero hemos visto que a veces no están separados, sino superpuestos, e incluso cuesta distinguirlos». ■



El genoma humano es más complejo de lo que se creía

Los genes están interrelacionados y el 'ADN basura', el 90% del total, no es tan inútil

En el estudio, que ha durado cuatro años, han participado 80 organizaciones

ANTONIO MADRIDEJOS
sociedad@lavoz.elperiodico.com
MADRID

Si los genes son elementos aislados, colocados de forma ordenada y separados por imaginarias fronteras, ni el mal llamado *ADN basura*, que representa más del 90% de las secuencias de nuestro genoma, es tan inútil como se creía. Todo es mucho más complejo y difícil de sintetizar. Esta es la principal conclusión de un consorcio internacional que ha logrado descifrar tras cuatro años de trabajo el *manual de instrucciones* de una pequeña porción de toda la información disponible. Es únicamen-

te un 1%, «pero ya da una idea de cómo van las cosas», resume el investigador catalán Roderic Guigó, uno de los participantes en el trabajo.

En el consorcio Encode (Encyclopedia of DNA Elements), el mayor proyecto de este ámbito tras la secuenciación del genoma humano, han participado 80 organizaciones, entre ellas el Centro de Regulación Genómica (CRG), la Universidad Pompeu Fabra (UPF) y el Instituto Municipal de Investigaciones Médicas (IMIM), los tres de Barcelona, así como el Centro de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid. Los resultados se publican esta semana en las revistas *Nature* y *Genome Research*.

DE 470 A 30.000 // En esencia, lo que han hecho los investigadores es analizar con detalle una porción de la información en bruto que surgió de la secuenciación del genoma humano, presentada en el 2003. No es un 1% lineal, sino 44 fragmentos procedentes de todos los cromosomas, precisa Guigó, bioinformático adscrito al CRG y el IMIM: «Hasta ahora se habían analizado genes concretos, pero no una porción tan grande

del genoma». De las 44 partes, 14 fueron escogidas porque se sabía que en ellas había genes vinculados a determinadas enfermedades, pero las 30 restantes se tomaron al azar.

El trabajo ha elaborado un mapa de cómo son y dónde se encuentran los genes. En el 1% analizado se localizaron alrededor de 470, aunque no es un resultado extrapolable para determinar si en total hay, como se cree, entre 25.000 y 30.000 genes.

El estudio sostiene claramente que la información genética no se acaba en los genes: el ADN basura, secuencias duplicadas que parecían no tener utilidad alguna, tendrá que cambiar de nombre. «Hemos descubierto que muchas regiones son más activas de lo que pensábamos, aunque aún desconocemos sus funciones exactas», dice Guigó. La otra gran sorpresa ha sido comprobar que las regiones donde se encuentran los genes están interconectadas, tanto que es difícil distinguir dónde empieza uno y acaba otro. «Antes se pensaba que los genes se relacionaban como las cuentas de un collar, con fronteras claras, pero hemos visto que a veces no están separados, sino superpuestos». ≡