NOTA DE PRENSA

La gran ‘enciclopedia’ de las proteínas humanas

- *El centro vasco de investigación CIC bioGUNE participa en uno de los mayores proyectos científicos en el ámbito internacional, después del Proyecto Genoma Humano.*

- *Entidades de todo el mundo, integradas en la Human Proteome Organisation, HUPO, participan en este proyecto que pretende identificar todas las proteínas que se expresan en el cuerpo humano.*

- *CIC bioGUNE, que ya participa en el subproyecto de HUPO dedicado a descubrir las proteínas presentes en el hígado, colaborará también en la nueva iniciativa destinada a catalogar todas las proteínas codificadas en el genoma.*

(Bilbao, 25 febrero de 2013).- El centro vasco de investigación en biociencias CIC bioGUNE está participando activamente en una de las grandes obras colectivas de la ciencia mundial. Se trata de la creación de la gran ‘enciclopedia’ de las proteínas del cuerpo humano, una ambiciosa iniciativa que se engloba en el proyecto internacional Human Proteome Organisation (HUPO) y que pretende descifrar las proteínas que se expresan en nuestro organismo. Esta iniciativa afronta un reto de una magnitud equiparable a la del Proyecto Genoma Humano, que descifró en 2001 la secuencia de ADN del ser humano, compuesta de unos 20.300 genes.

HUPO es una organización internacional sin ánimo de lucro creada en 2003 en la que participan la mayoría de los países europeos, EE.UU., Canadá, China, Australia, Nueva Zelanda, Brasil, Korea del Sur, Tailandoa, Taiwan y Japón.

Su objetivo es conseguir el mapa del proteoma humano, es decir, identificar todas las proteínas del cuerpo humano. Se considera que la aplicación de este conocimiento al ámbito de la salud puede favorecer la identificación de nuevos marcadores de diagnóstico y el desarrollo de nuevas terapias, más aún si tenemos en cuenta que la mayor parte de los fármacos actúan sobre proteínas.

HUPO es una plataforma internacional a gran escala que en un principio se planteó con un enfoque organocéntrico, es decir: se pusieron en marcha un total de 13 subproyectos de investigación que trataban de identificar las proteínas presentes en el plasma (HPPP, Plasma Project) y los órganos del cuerpo humano, como el cerebro

(HBPP, Brain Project) o el hígado (HLPP, Liver Project). Precisamente, el responsable de la plataforma de proteómica de CIC bioGUNE, Félix Elortza, viene participando desde un inicio en el consorcio español que interviene en este último.

Al avanzar las investigaciones se ha descubierto que centrar la búsqueda de las proteínas humanas en los órganos y el plasma conlleva algunas limitaciones, ya que las proteínas expresadas en los diferentes órganos son muy similares. Por ello, se ha producido un replanteamiento que, sin abandonar las investigaciones citadas, ha llevado a la plataforma HUPO a crear un nuevo gran proyecto centrado en la búsqueda de las proteínas codificadas por los genes: el *Chromosome-Centric Human Proteome Project* (C-HPP).

Este gran proyecto internacional que ha comenzado a funcionar recientemente pretende identificar al menos una proteína codificada por cada uno de los 20.300 genes del genoma humano. Los genes codifican proteínas para que éstas cumplan una función determinada. La investigación del C-HPP se ha dividido en 24 grupos de trabajo, uno por cada cromosoma humano. Los cromosomas son los segmentos en los que se divide el ADN, y pueden contener desde unos pocos genes (cromosoma Y) hasta unos 2.000 (cromosoma 1).

Para hacer frente a la enorme dimensión de este reto, cada uno de esos grupos de trabajo está formado por varios centros de investigación procedentes de un mismo país. El reparto de los cromosomas se realizó entre los países con mayor proyección en el ámbito de la proteómica, la disciplina que estudia las proteínas expresadas por una célula, tejido u organismo.

Recientemente se ha publicado un número especial de la revista Journal of Proteome Research en el que se detallan los resultados obtenidos hasta la fecha en la iniciativa C-HPP.

- **Cromosoma 16**

Al grupo de trabajo español se le ha adjudicado el estudio de las proteínas representativas de cada gen codificado por el cromosoma 16. En la primera fase, el objetivo es detectar las proteínas codificadas en el citado cromosoma y que nunca antes han sido observadas. Para ello se han aglutinado 16 centros e institutos de investigación en el marco de ProteoRed-ISCIII, la red española de investigación proteómica. Entre estos centros se encuentra CIC bioGUNE -con el apoyo de la Fundación BBVA-.

Aunque la mayoría de las enfermedades no se pueden relacionar con los genes de un único cromosoma, se considera que el cromosoma 16 codifica genes relacionados con el cáncer, la obesidad, las enfermedades neurodegenerativas, enfermedades del metabolismo, etc. Se estima que al menos un tercio de las proteínas codificadas por el cromosoma 16 nunca han sido detectadas.

El proyecto, aún en fase preliminar, está testando nuevas metodologías de espectrometría de masas (técnica ultrasensible que permite detectar e identificar proteínas), que harán posible obtener un nivel de detección y cuantificación de proteínas muy alto. Así se podrán monitorizar numerosas proteínas en un mismo

experimento, aumentando por ejemplo la capacidad de descubrir nuevos mecanismos moleculares, lo cual ofrecerá la posibilidad de conseguir una mejor diagnosis.

En opinión de Félix Elortza, “este proyecto internacional otorga a ProteoRed-ISCIII la oportunidad de formar parte activa del primer mapa del proteoma humano”. “El mapa que logremos será una versión 1.0, pero permitirá por un lado colocar a los laboratorios de proteómica españoles en el marco histórico de ese logro científico, y por otro lado, ayudará a acelerar la puesta en marcha de los exigentes métodos analíticos que este tipo de proyecto exige”, afirma Elortza.

“Huelga decir que esto revertirá en el desarrollo de proyectos científicos biomédicos más complejos, que ayudarán a esclarecer problemas hasta ahora no resueltos y que redundarán en mejoras de diagnosis, prognosis y descubrimiento en el área de la biomedicina”, concluye el investigador de CIC bioGUNE.

- **Proteínas**

Las proteínas son un tipo de macromoléculas biológicas que, junto a los lípidos, los ácidos nucleicos (DNA y RNA) y los polisacáridos, forman los principales constituyentes de los organismos vivos. Las proteínas facilitan la mayoría de las actividades que se dan en la célula, y están construidas a partir de una secuencia de pequeñas moléculas (aminoácidos) y el detalle de esta secuencia está codificado en los genes. Mediante unos procesos biológicos, las células leen la información contenida en los genes y la emplean para fabricar proteínas, que se convierten en auténticas herramientas celulares con múltiples funciones (estructural, mecánica, respuesta inmune, etc.). La secuencia de las proteínas viene determinada por cada uno de los genes desvelados en el anterior Proyecto Genoma Humano.

Referencias del estudio

Spanish human proteome project: dissection of chromosome 16

Segura V, Medina-Aunon JA, Guruceaga E, Gharbi SI, González-Tejedo C, Sánchez Del Pino MM, Canals F, Fuentes M, Casal JI, Martínez-Bartolomé S, Elortza F, Mato JM, Arizmendi JM, Abian J, Oliveira E, Gil C, Vivanco F, Blanco F, Albar JP, Corrales FJ.

Journal of Proteome Research 2013 Jan 4;12(1):112-22.