



CENTRO DE INVESTIGACIÓN
DEL CÁNCER

Instituto de Biología Molecular y Celular
del Cáncer (IBMCC)



Centro de Investigación del Cáncer
Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer
Universidad de Salamanca – CSIC
Campus Miguel de Unamuno
37007, Salamanca
España

Tel.: 923 294720
Fax: 923 294743

www.cicancer.org

Publicado el mapa global de las comunicaciones entre las proteínas humanas: el interactoma humano

- El extenso trabajo científico, publicado esta semana en NATURE, ha permitido obtener un mapa de las comunicaciones moleculares entre las proteínas humanas, a escala global del proteoma humano (que incluye unas 20,000 proteínas codificadas por genes en el genoma humano).
- Este complejo mapa de relaciones, llamado interactoma y basado en el proteoma humano, analiza e identifica a nivel global las interacciones moleculares binarias proteína-proteína. De modo que nos permite construir un mapa de miles de relaciones, que se puede equiparar al facebook de las proteínas humanas. Esta investigación multidisciplinar e internacional (liderada por el Dr. Marc Vidal del Dana-Farber Cancer Institute de Boston, en la que ha participado el grupo del Dr. Javier De Las Rivas del Centro de Investigación del Cáncer (CIC-IBMCC, centro mixto del CSIC y de la Universidad de Salamanca) permitirá mejorar los estudios de una gran cantidad de funciones celulares fisiológicas y patológicas en los que las relaciones moleculares no estaban claras.

La investigación, publicada en la revista Nature (A reference map of the human binary protein interactome), permite comprender cómo se conectan las proteínas entre sí y cómo interactúan a nivel molecular con otras proteínas para constituir las máquinas celulares que realizan las distintas funciones en nuestro organismo. Por tanto, el mapa presentado ayudará a comprender mejor todos los procesos que ocurren en nuestras células y la base molecular de los procesos vitales. Como si de un mapa de carreteras y comunicaciones se tratara, estos estudios con una fuerte base bioinformática permiten comprender la arquitectura molecular de nuestras células (qué piezas se engranan con qué piezas), así como las rutas y procesos complejos en los que a menudo participan múltiples proteínas.

Dado que las proteínas constituyen la esencia de la maquinaria molecular de nuestro organismo, cuando se producen daños o mutaciones en el material genético que las codifica, estos repercuten en sus funciones, llegando a ser la causa del desarrollo de muchas enfermedades. La importancia de haber presentado este mapa de referencia del interactoma humano, donde se plasma la interacción de las proteínas humanas, guarda una similitud con un mapa detallado de carreteras y vías que permite identificar los puntos en los que se debe intervenir para garantizar la seguridad de las comunicaciones. En este sentido, esta comprensión de la interacción entre proteínas es clave para desvelar, por ejemplo, dianas que permitan desarrollar fármacos que estimulan relaciones perdidas o bloquean ciertas relaciones patológicas. El mapa del interactoma humano se puede comparar también con el facebook de las proteínas humanas, ya que es un mapa relacional complejo que nos indica con qué "amigas" se relaciona cada proteína; generando una galaxia compleja de conexiones que releva y muestra afinidades y funcionalidades concretas.

Los conocimientos globales sobre la organización celular y la función del genoma requieren una comprensión integral de las redes del interactoma, que median la relación entre el genotipo-fenotipo. El mapa presentado analiza las interacciones binarias proteína-proteína humanas, y de esta manera se sabe qué proteína interactúa con otra proteína. La identificación de esta comunicación entre proteínas permitirá reconstruir un mapa de la estructura molecular, en definitiva, la reconstrucción de la maquinaria molecular de las células humanas.

La secuencia del genoma humano a lo largo de las últimas dos décadas ha permitido el estudio sistemático de la genética y de la variabilidad de expresión de organismos, tejidos y células. A pesar de los avances en la secuenciación no sólo de genomas (conjunto completo de genes de un organismo), sino también de proteomas (conjunto de proteínas expresadas) y transcriptomas (conjunto de moléculas de ARN), todavía se necesita profundizar más en los mecanismos celulares que median la variabilidad fenotípica y tisular o celular. En la actualidad, la comunidad científica tiene una comprensión mecanicista de la función y organización celular gracias al estudio de cómo los genes y sus productos, principalmente proteínas, interactúan entre sí. Dicho espacio relacional forma lo que se llama un interactoma (relación entre todas las proteínas de un proteoma completo) dinámico que impulsa la función biológica. De manera análoga a la secuencia que se ha realizado del genoma humano, la comunidad científica ve necesaria la creación de un mapa global de referencia del interactoma de las proteínas humanas. Mediante este mapa se ampliará el conocimiento de los mecanismos biológicos en todo el proteoma, en general y dentro de contextos celulares específicos. Por esta razón tiene especial importancia, el mapa de referencia del interactoma binario entre proteínas humana publicado en Nature.

Esta investigación ha sido coordinada por el investigador Marc Vidal, de la Universidad de Harvard y del Dana Faber Cancer Institute de Boston, Estados Unidos y ha implicado la colaboración de múltiples grupos de investigación que desarrollan su trabajo en Canadá, Bélgica, Hungría, Israel, Reino Unido, Italia, Francia y España. La aportación realizada por el grupo de investigación dirigido por el Dr. Javier De Las Rivas, investigador principal del Centro de Investigación del Cáncer (CIC-IBMCC; Centro mixto de la Universidad de Salamanca y del Consejo Superior de Investigaciones Científicas) ha sido en el campo de la Bioinformática y de la Biología Computacional, en concreto ha estructurado y analizado el big data generado por el proyecto. La colaboración del grupo dirigido por Javier De Las Rivas con el coordinador del proyecto Marc Vidal se remonta a 2009.