

Índice

Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético @ AGENCIASINC.ES	3
¿Un límite para la evolución? ¿Dónde tienen la imaginación? @ BLOGGER	5
Hallan la razón por la que el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones de años La Opinión el Correo de Zamora 03/05/2016 , Pág: 31	6
Descifran por qué el Código Genético dejó de Crecer @ BLOGGER	7
Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético - JANO.es - ELSEVIER @ BLOGGER	9
Descobreixen per què el codi genètic va deixar de créixer fa 3.000 milions d'anys Diari de Tarragona 03/05/2016 , Pág: 35	13
El código genético se paró hace 3.000 millones de años Diario de Teruel 03/05/2016 , Pág: 35	14
Explican por qué dejó de crecer el código genético El Correo Gallego 03/05/2016 , Pág: 37	15
Explican por qué el ADN dejó de evolucionar hace 3.000 millones de años La Voz de Galicia 03/05/2016 , Pág: 26	16
Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años @ DIARIO DE NOTICIAS DE ÁLAVA	17
Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años @ DIARIO DE NOTICIAS DE GIPUZKOA	19
Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años @ EL DIA	21
BARCELONA, 3 May. (EUROPA PRESS) - @ INFOSALUS.COM	23
Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético @ JANO.ES	25
Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético @ MADRIMASD.ORG	27
Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años @ Noticias de Navarra	30
Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético @ NUEVA ALCARRIA	31
CATALUNYA.-Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años @ LA VANGUARDIA	33
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ ABC	34
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones de años @ BLOGGER	36

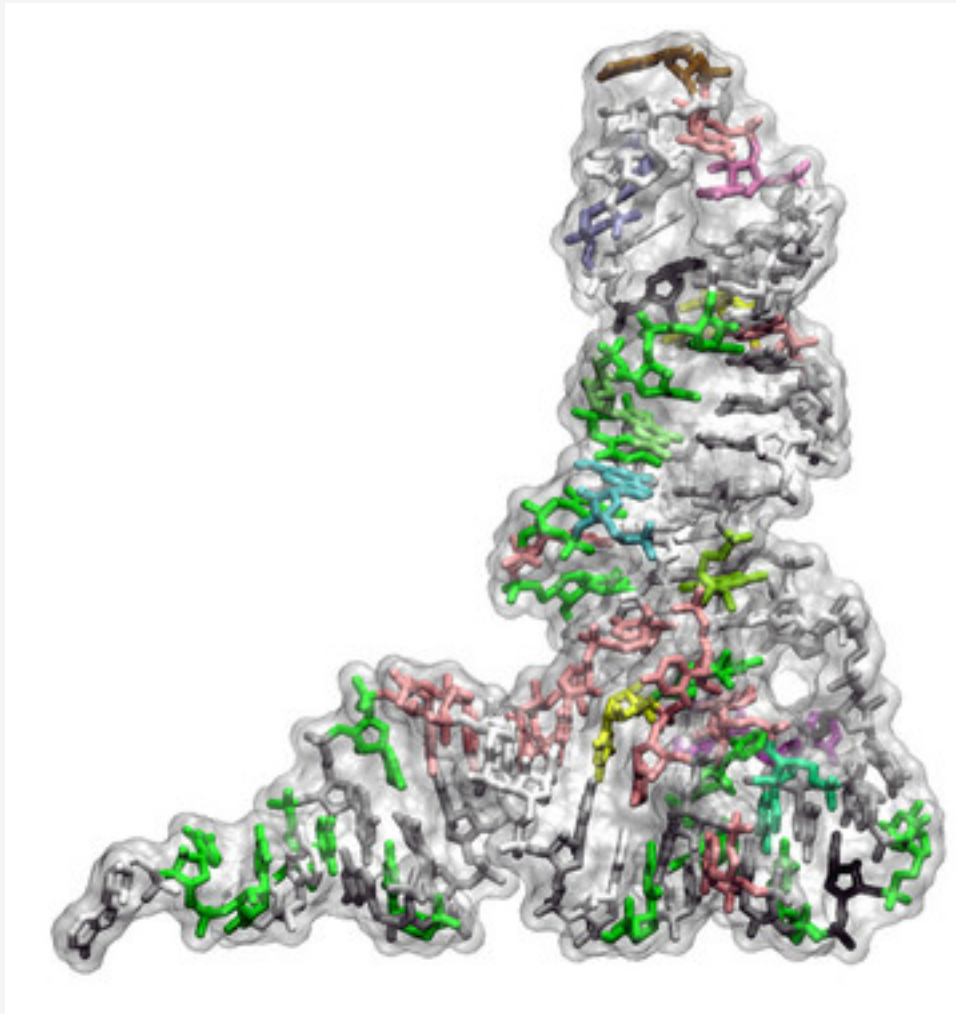
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ CANARIAS 7	40
El stop en la evolución del código genético @ CATALUNYAVANGUARDISTA.COM	42
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ EL DIA	46
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ ELCONFIDENCIAL.COM	48
¿Por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años? @ ELECONOMISTA.ES	49
Expliquen la raó que va frenar l'evolució del codi genètic fa 3.000 milions d'anys @ EUROPA PRESS	50
Descubierto un límite a la evolución del código genético @ JANO.ES	51
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ RADIOINTERECONOMIA.COM	53
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ TERRA NOTICIAS	55
Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años @ WORDPRESS.COM	58



Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético

Una investigación del Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona propone una explicación a por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años. La razón se halla en la estructura de los ARN de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

IRB Barcelona | Seguir a @IRBBarcelona | 05 mayo 2016 09:03



Representación 3D de un ARN de transferencia (tRNA). Estas moléculas son centrales en la traducción de genes a proteínas. En ellas está la razón por la que el código genético no puede crecer más allá de 20 aminoácidos / Pablo Dans, IRB Barcelona

La naturaleza está en constante evolución, solo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del código genético. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances*, la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana en el Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov del Centro de Regulación Genómica (CRG) y



Modesto Orozco del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

La maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética “de consecuencias catastróficas”, destaca Ribas. “La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad”, continua el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

“Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20”, expone Ribas.

Nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. “Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos”, concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.

Referencia bibliográfica:

Adélaïde Saint-Léger, Carla Bello-Cabrera, Pablo D. Dans, Adrian Gabriel Torres, Eva Maria Novoa, Noelia Camacho, Modesto Orozco, Fyodor A. Kondrashov, and Lluís Ribas de Pouplana "Saturation of recognition elements blocks evolution of new tRNA identities" *Science Advances* (29 April 2016). DOI: 10.1126/sciadv.1501860



Hallan la razón por la que el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones de años

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años. La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN).



URL:
PAÍS: España
TARIFA: 2 €

UUM: -
UUD: -
TVD: -
TMV: -



► 3 Mayo, 2016

[Pulse aquí para acceder a la versión online](#)



Cerro de la Calavera, BCS

Editores: Freddy López y Jesus Montaña. México 1130. Colonia Vicente Guerrero CP 23020 La Paz, Baja California Sur.
Teléfonos 612 14 19445 y 612 13 75365

EEFE en Barcelona



El código genético, o lo que es lo mismo el diccionario que usan los seres vivos para traducir los genes en proteínas, dejó de crecer hace 3 mil millones de años y ahora un equipo de expertos ha señalado a la estructura de los ácidos ribonucleicos de transferencia como la responsable.

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona publicaron ayer un estudio en la revista Science Advances en el que aseguran que el descubrimiento puede ser utilidad en la biología sintética.

La razón por la que el código genético dejara de crecer se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

El código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas fatales para la vida.

Los biólogos explicaron que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana, demostró que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3 mil millones de años, antes de que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según explicó Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría

Suscríbete a nuestro Boletín informativo

Submit

Visítanos en Facebook

Seguir Registrarte para ver a quien están siguiendo

Síguenos en Twitter

Tweets por el @diariolatalacha



La talacha.- Salud

Cargando...

Medicina Natural

Cargando...

Páginas Amigas del Diario La Talacha

[Síguenos en Facebook](#)

Al Rojo Vivo



URL:
PAÍS: España
TARIFA: 2 €

UUM: -
UUD: -
TVD: -
TMV: -



► 3 Mayo, 2016

[Pulse aquí para acceder a la versión online](#)

mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas". La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", indicó.

Y es que llegó un momento, dijo el experto, "en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20".

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos".

Publicado por fredy lopez valdez y jesus montaña cota en 14:46:00



[Temas y Sucesos](#)
[Contrastes de Comondú](#)

Nuestra política de privacidad

[Ver](#)

[Entrada más reciente](#)

[Página principal](#)

[Entrada antigua](#)



URL:
PAÍS: España
TARIFA: 2 €

UUM: -
UUD: -
TVD: -
TMV: -



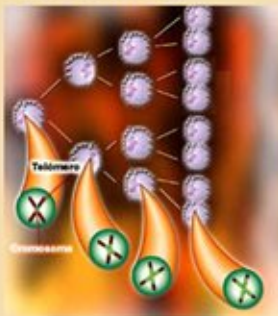
► 3 Mayo, 2016

Pulse aquí para acceder a la versión online

herenciageneticayenfermedad

Los avances de la medicina en el campo de la genética, por ende de la herencia, están modificando el paisaje del conocimiento médico de las enfermedades. Este BLOG intenta informar acerca de los avances proveyendo orientación al enfermo y su familia así como información científica al profesional del equipo de salud de habla hispana.

TELÓMEROS

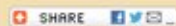


la llave de las ciencias médicas en los próximos cien años

herencia genética y enfermedad

Cargando...

AddThis



Translate

Archivo del blog

▼ 2016 (4324)

▼ mayo (125)

- Alertan de que los resultados de numerosos ensayos...
- La combinación de radiación e inmunoterapia puede ...
- Descubierta una limitación crucial a la evolución ...
- El estrés y la depresión, vinculados con problemas...
- Identifican un síndrome que causa propensión a los...
- Demostrada la eficacia de los antioxidantes ante L...
- La vacunación de la tos ferina en embarazadas redu...
- La realidad virtual, eficaz para el tratamiento de...
- Reconstruyen parte del cráneo de un paciente de c...
- El manejo de la dolencia por parte de los paciente...
- Casi el 40% de la población adulta española presen...
- La estandarización de los procesos, clave de los a...
- El Hospital Rey Juan Carlos extiende el empleo del...
- Descubren cinco nuevos genes vinculados al cáncer ...
- Científicos del CIBER-BBN diseñan un implante que ...
- New on NCI's Websites May 2016 - National Cancer I...
- Un nuevo biomaterial que repele las bacterias podr...
- El implante de cadera metálico más propenso a fall...
- Una cuarta parte de la población adulta española s...
- Glicopirrotato y una nueva tecnología de nebulizac...
- Un nuevo tipo de célula inmunitaria podría ser clá...
- Los expertos apuestan por la autonomía y el autoco...
- IVI libre, por primera vez en España, el nacimient...

martes, 3 de mayo de 2016

Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético - JANO.es - ELSEVIER

[Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético - JANO.es - ELSEVIER](#)

PUBLICADO EN 'SCIENCE ADVANCES'

Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético

JANO.es · 02 mayo 2016 12:08

Una investigación del IRB Barcelona propone una explicación a por qué el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.



En el tRNA (en la imagen, en 3D) está la razón por la que el código genético no pudo crecer más allá de 20 aminoácidos. / PABLO DANS - IRB BARCELONA

La naturaleza está en constante evolución, sólo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del código genético. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances* la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos, liderado por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana, del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov, del Centro de Regulación Genómica

(CRG) y Modesto Orozco, del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas. Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética "de consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continua el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.

[Web Relacionadas](#)



RECERCA ■ PUBLICAT UN ESTUDI CABDAL, D'UTILITAT EN BIOLOGIA SINTÈTICA

Descobreixen per què el codi genètic va deixar de créixer fa 3.000 milions d'anys

■ Científics de l'Institut de Recerca Biomèdica (IRB) i del Centre de Regulació Genòmica (CRG) de Barcelona han descobert per què el codi genètic, el diccionari que fan servir tots els éssers vius per traduir els gens a proteïnes, va deixar de créixer fa 3.000 milions d'anys. La raó es troba en l'estructura dels àcids ribonucleics (ARN) de transferència, les molècules centrals en la traducció de gens a proteïnes. Segons l'estudi que publica la revista *Science Advances*, el codi genètic està limitat als 20 aminoàcids amb què es fabriquen les proteïnes, el nombre màxim que evita caure en mutacions sistemàtiques, fatals per a la vida.

Els investigadors han assegurat que el descobriment pot ser d'utilitat en biologia sintètica.

L'equip de biòlegs de l'IRB ha explicat que una limitació va frenar en sec l'evolució del codi genètic, el conjunt universal de normes que fan servir tots els organismes per traduir les seqüències de gens dels àcids nucleics (ADN i ARN) a la seqüència d'aminoàcids de les proteïnes que faran les funcions cel·lulars.

L'equip de científics liderats per l'investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en col·laboració amb

Està limitat a 20 aminoàcids per evitar caure en mutacions sistemàtiques fatals

Fyodor A. Kondrashov (CRG) i Modesto Orozco (IRB), ha demostrat que el codi genètic no va poder créixer més per una limitació funcional dels ARN de transferència, les molècules que fan d'interprets entre el llenguatge dels gens i el de les proteïnes.

Aquest fre en el creixement de la complexitat de la vida es va produir fa més de 3.000 milions d'anys, abans que bacteris, eucariotes i arqueobacteris evolucionessin per separat.

La saturació del codi té l'origen en els ARN de transferència (tRNA), les molècules que reconeixen la informació genètica i porten l'aminoàcid al ribosoma, on es fabriquen les proteïnes encadenant els aminoàcids un rere l'altre segons la informació d'un gen determinat.



▶ 3 Mayo, 2016

El código genético se paró hace 3.000 millones de años

Hallazgo científico del Centro de Regulación Genómica

EFE
Barcelona

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista *Science Advances*, el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos

para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares. El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones cons-

tantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.



Explican por qué dejó de crecer el código genético

Barcelona. La explicación a por qué el código genético, es decir, el lenguaje que emplean los seres vivos para traducir la información de los genes a las proteínas dejó de crecer hace 3.000 millones de años ha sido descubierta por un grupo de científicos del Instituto de Investigación Biomédica y del Centro de Regulación Genómica de Barcelona.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas. Según el estudio, que publica la revista *Science Advances*, el código genético está limitado a los 20 aminoácidos que fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida. Los biólogos explicaron que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares. Esta parada en el crecimiento de la complejidad de la vida tuvo lugar hace más de 3.000 millones de años, antes de que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran solas.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana, en colaboración con Fyodor A. Kondrashov y Modesto Orozco, aseguró que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética. **EFE**



ESTUDIO

Explican por qué el ADN dejó de evolucionar hace 3.000 millones de años

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años. La razón se halla en la estructura del ADN, que realiza esta función. EFE



noticias de Álava

INICIO | SOCIEDAD | DEPORTES | ALAVÉS | ARABA | BASKONIA | OCIO Y CULTURA

introducir texto a buscar

BUSCAR



hemeroteca

[Entrar] [Registrarse]

Inicio > Sociedad

LIMITACIÓN FUNCIONAL DE LOS ARN DE TRANSFERENCIA

Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años

EP - Martes, 3 de Mayo de 2016 - Actualizado a las 11:14h

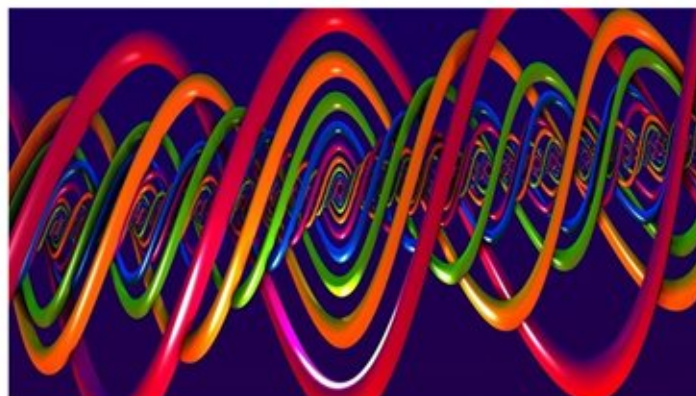
¡comenta!



Me gusta

Compartir

1



Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años. (PIXABAY)

BARCELONA. Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado.

El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas.

Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos.

Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas.

La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas".

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y

publicidad

publicidad

LO + LEÍDO

VIDEOS

FOTOS

GALERÍAS

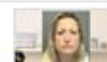
Más sobre ¡Qué mundo!

Impiden al 'pequeño Nicolás' asistir a la fiesta de la Comunidad de Madrid



Ai parecer, asistió de acompañante de su madre que tenía invitación oficial

Detenida una mujer por defecar en la mesa de su jefe después de ganar 3 millones en la lotería



Aficionados alemanes animan a una mujer cuando intenta aparcar su coche



El 'Solar Impulse' vuela en 62 horas entre Hawaii y San Francisco



Cubre la vuelta al mundo por etapas a una velocidad media de 45 kms. por hora

Hallan una momia de mujer de 4.500 años de antigüedad en Perú

Corresponde a una mujer de alto estatus social de la civilización Caral

[Ir a ¡Qué mundo!](#)

publicidad

Vista:

Más texto

Más visual





noticias de Gipuzkoa

introducir texto a buscar **BUSCAR**

INICIO | OPINIÓN | SOCIEDAD | POLÍTICA | BERTAN | ECONOMÍA | LA REAL | DEPORTES | OCIO Y CULTURA

hemeroteca  

Euskadi **España**

[\[Entrar | Registrarse\]](#)

Inicio > Sociedad > España

LIMITACIÓN FUNCIONAL DE LOS ARN DE TRANSFERENCIA

LO + LEÍDO | LO + VOTADO | LO + COMENTADO

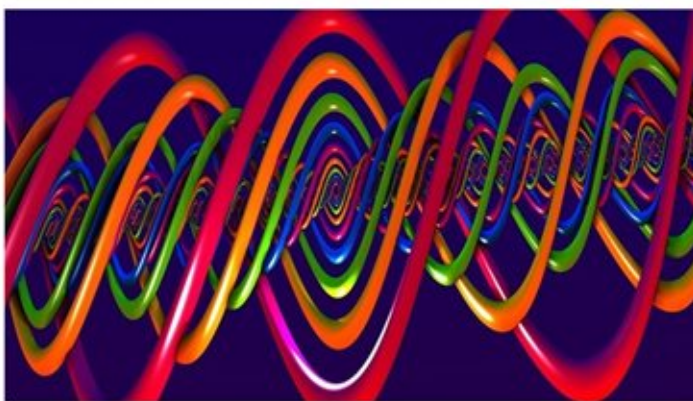
Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años

EP - Martes, 3 de Mayo de 2016 - Actualizado a las 11:14h

VÍDEOS | FOTOS | GALERÍAS

0 votos | [¡comenta!](#)

 [Tweet](#)  [Me gusta](#) [Compartir](#) 



Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años. (PIXARAY)

BARCELONA. Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado.

El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas.

Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos.

Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas.

La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas".

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20.

Ver:

[Más texto](#)
[Más visual](#)





PUBLICIDAD

HEMEROTECA PROMOCIONES SUPLEMENTOS ANUNCIOS  

Buscar en eldia.es



NOTICIAS DE AGENCIA

LO ÚLTIMO:

Bruselas prevé que España incumpla también el déficit en 2017 y menos crecimiento [leer](#)

Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años

03/05/2016 10:06

Barcelona, Europa Press Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado.

El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas.

Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos.

Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas.

La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas".

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat, el European Research Council (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.

También te puede interesar:

- INVESTIGACIÓN GENÉTICA Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años
- Familias de menores afectados por daño cerebral piden a los grupos parlamentarios un 'Código Ictus Infantil'
- FÚTBOL ITALIA Boban sobre crisis Milan: "Hace años que la era Berlusconi no es auténtica"
- MONTAÑISMO EEUU Hallan cuerpos de montañero y camarógrafo desaparecidos hace 16 años en Tíbet
- REFUGIADOS UE CE dice que si se liberalizan visados para turcos habrá freno de emergencia

Noticias en portada



El barranco Los





Destacamos ► virus Zika Ictus pomelo benzodiacepinas ganglios resiliencia temperatura Agua con limón

Editado por europa press

3 de Mayo 2016

infosalus.com

SALUD FARMACIA ACTUALIDAD MUJER NUTRICIÓN ESTÉTICA ASISTENCIA MAYORES ENFERMEDADES

Lo más leído en...

Infosalus



1
Diez factores que desgastan nuestras caderas y rodillas



2
El VPH se 'alimenta' del estrés y la depresión



3
Consejos para vencer al bruxismo



4
Cúrcuma: color saludable



5
5 consejos imprescindibles si tu hijo tiene alergia

Hoy

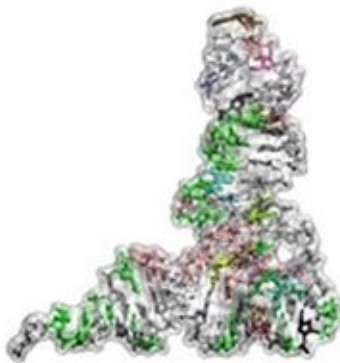
Una semana

Un mes

IRB BARCELONA

Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años

Menéalo



Publicado 03/05/2016 11:08:36 CET

BARCELONA, 3 May. (EUROPA PRESS) -

Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado.

El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas.

Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A.Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos.

Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas.

Últimas noticias de salud



La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas".

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat, el European Research Council (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.

[Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años](#)

[Los bailarines tienen movimientos más lentos y precisos](#)

[Los análogos de la vitamina D mejoran el efecto de la quimioterapia en cáncer de mama](#)

[Descifran uno de los primeros pasos en la conversión de células adultas en células madre pluripotentes](#)

[Primero la alergia, luego el asma](#)

[El estilo de vida tiene un fuerte impacto en las bacterias intestinales](#)



Rompe con la otitis externa
...y presume de oído sano!



OTIX[®]
Gotas Oticas

Tratamiento
de la otitis
externa



JANO.es

MEDICINA Y HUMANIDADES

ELSEVIER

NEWSLETTER ►

Martes, 03 de mayo del 2016

Buscar

Últimas noticias

PUBLICADO EN 'SCIENCE ADVANCES'

Descubierta una limitación crucial a la evolución del código genético

JANO.es · 02 mayo 2016 12:08

Una investigación del IRB Barcelona propone una explicación a por qué el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La naturaleza está en constante evolución, sólo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del código genético. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances* la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos, liderado por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana, del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov, del Centro de Regulación Genómica (CRG) y Modesto Orozco, del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas. Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética "de consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continúa el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no puedo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación

Lo más leído

Hoy

El manejo de la dolencia por parte de los pacientes, clave en enfermedades urinarias

ATENCIÓN PRIMARIA

La estandarización de los procesos, clave de los avances en reproducción asistida

REPRODUCCIÓN ASISTIDA

El Hospital Rey Juan Carlos extiende el empleo del robot Da Vinci a la cirugía de cabeza y cuello, tórax y ginecología

CIRUGÍA GENERAL

La realidad virtual, eficaz para el tratamiento de la fibromialgia

ENGAGING MEDIA FOR MENTAL APPLICATIONS

Identifican un síndrome que causa propensión a los cambios de humor y dificulta el control del apetito

PUBLICADO EN 'THE AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS'

Últimos diez días

Por secciones

agenda médica

► Ver todo

51 Congreso Andaluz de las Enfermedades Cardiovasculares

Málaga, España

05/05/2016 - 07/05/2016

8as Jornadas Nacionales Cardiovasculares de SEMERGEN

Santander, España

19/05/2016 - 21/05/2016

31º Congreso Nacional de la Sociedad Española de Fertilidad

Málaga, España

19/05/2016 - 21/05/2016

Simposio Internacional de Inmunonutrición Avanzada: Microbiota e Inmunidad Intestinal

Toluca, Mexico

23/05/2016 - 25/05/2016

1er Congreso SEMERGEN Cataluña

Barcelona, España

27/05/2016 - 28/05/2016

- Cursos
- Congresos
- Jornadas
- Premios/Becas
- Reuniones
- Simposios
- Otras Activ.

fisterra.com
Atención Primaria en la Red



m i d ■■■■■■



- Noticias
- Análisis
- Entrevistas
- mi+d
- Multimedia
- Agencia
- Noticias



Noticias

Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético

Una investigación del **Institute for Research in Biomedicine** IRB Barcelona propone una explicación a por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años. La razón se halla en la estructura de los ARN de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas. El código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida. El descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

FUENTE | IRB Barcelona

03/05/2016

Compartir noticia

Facebook Twitter



Sugiéranos su noticia Suscribirse

La naturaleza está en constante evolución, sólo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del código genético. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances*, la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana en el Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov del **Centro de Regulación Genómica** (CRG) y Modesto Orozco del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas. Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética "de consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continúa el investigador.

UNA LIMITACIÓN MARCADA POR LA FORMA

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la

buscador

Texto a buscar:

Tema:

Desde:

Hasta:

Buscar

búsqueda por categorías

Nube de tags

recuerda que puedes seguimos en:

Seguir @madrimasd

agenda mi+d



La energía nos mueve. Ciencia para una energía más limpia,...

CSIC - Instituto



información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

APLICACIONES EN BIOLOGÍA SINTÉTICA

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del [Ministerio de Economía y Competitividad](#), la [Generalitat de Catalunya](#), el [Consejo Europeo de Investigación](#) (ERC) y la fundación norteamericana [Howard Hughes Medical Institute](#).

Enlaces de interés

- [Blog madri+d Bio \(Ciencia+Tecnología\)](#)

Noticias relacionadas

- [Un segundo código genético podría explicar el origen de la vida](#)

Prohibida la reproducción de los contenidos de esta noticia sin la autorización de [IRB Barcelona](#)

Añada un comentario a esta noticia

Para el envío de comentarios, Ud. deberá rellenar todos los campos solicitados. Así mismo, le informamos que su nombre aparecerá publicado junto con su comentario, por lo que en caso que no quiera que se publique, le sugerimos introducir un alias.

Nombre:

Correo electrónico:

¿Desde dónde nos escribe?:

Ciudad:

País:

Escriba su comentario a esta noticia:

Normas de uso:

- Las opiniones vertidas serán responsabilidad de su autor y en ningún caso de [www.madrimasd.org](#)
- No se admitirán comentarios contrarios a las leyes españolas o buen uso.
- El administrador podrá eliminar comentarios no apropiados, intentando respetar siempre el derecho a la libertad de expresión.
- Una vez aceptado el envío, el autor recibirá en el mail facilitado, una confirmación de publicación de su comentario.

Le informamos que de acuerdo a la normativa de Protección de Datos Personales, 15/99 y 8/2001, sus datos pasarán a formar parte de un fichero automatizado de acuerdo a la [Política de Privacidad](#).

Fundación

[Quiénes somos](#)
[Portal del contratante](#)
[Sala de prensa](#)
[Premios madri+d](#)
[Redes y Proyectos Europeos](#)
[Publicaciones madri+d](#)

Acreditación

[Nosotros](#)
[Calidad Interna](#)
[Evaluación, Acreditación y Verificación](#)
[Relaciones Institucionales](#)
[Normativa](#)
[Evaluación ENQA](#)

Investigación y Empresas

[Transferencia de Tecnología](#)
[Emprendedores de base Tecnológica](#)
[Servicios Horizon 2020](#)
[Empleo I+D+i](#)
[Formación](#)
[M+Visión COFUND](#)

Cultura Científica

[Semana de la Ciencia](#)
[Noche de los Investigadores](#)
[PlazaScience](#)
[Ciencia y Cultura](#)
[Ciencia y Patrimonio](#)
[Talleres y Experimenta](#)

Noticias I+D+I Madrid Ciencia y Tecnología

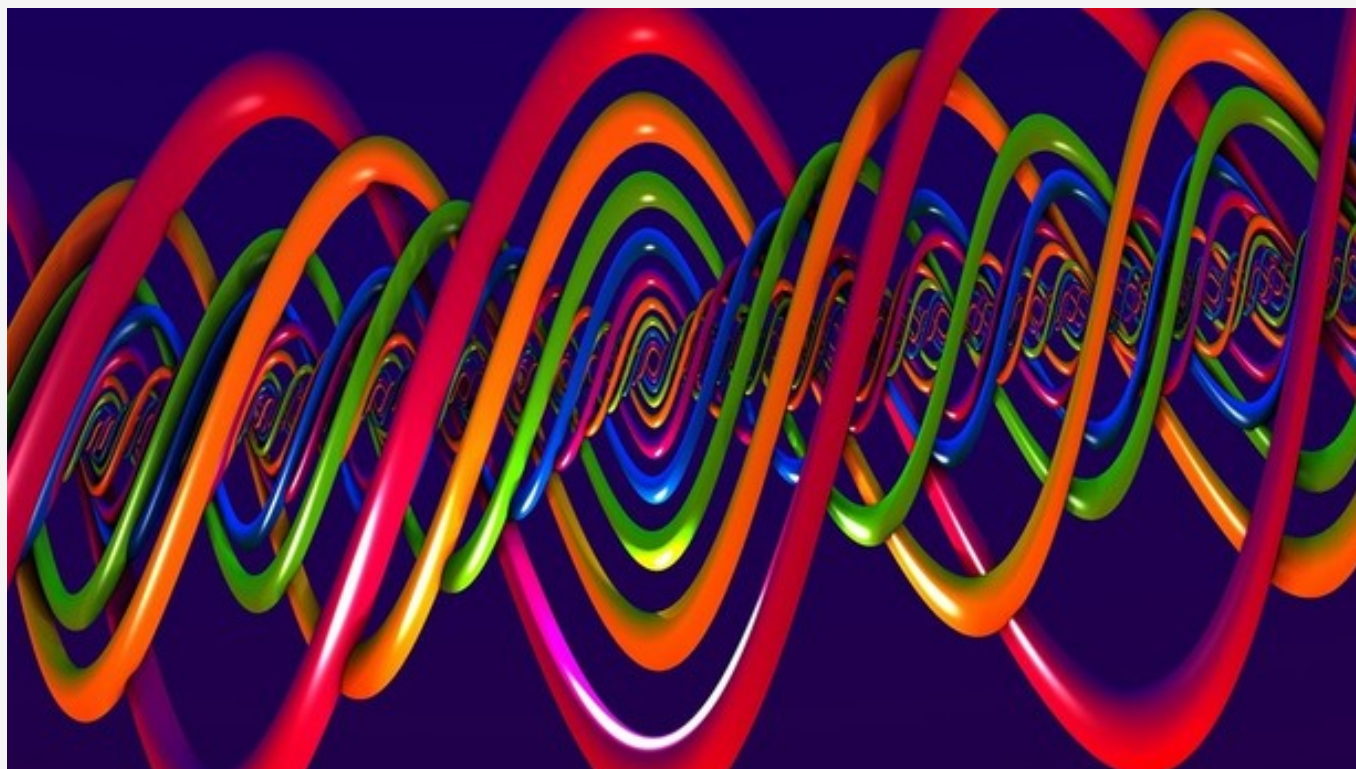
[Noticias](#)
[Convocatorias](#)
[Programas I+D](#)
[Entrevistas](#)
[MDEA](#)
[mi+d tv](#)
[Red de Laboratorios](#)
[Multimedia](#)
[Indicadores](#)
[Agenda](#)
[Notiweb](#)
[e-ciencia](#)
[Planes Regionales](#)

Portal de transparencia

[Información institucional](#)
[Información Jurídica](#)



Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años



BARCELONA. Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado.

El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas.

Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A.Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos.

Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas.

La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas".

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat, el European Research Council (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute



consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continúa el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.

[Tweet](#)

Please enable JavaScript to view the [comments powered by Disqus](#).

SECCIONES	NUEVA ALCARRIA	MÁS INFORMACIÓN	OTROS ENLACES
Local >	Quiénes somos >	Aviso Legal >	Sistemas Integrales Cualificados >
Provincia >		Política de Cookies >	Entrada Bloggers >
Sociedad y cultura >		Mas informacion sobre las cookies >	Aviso Legal >
Economía >			Empleo Trabajando.es >
Deportes >			
Opinión >			
Región >			



CATALUNYA.-Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años

CATALUNYA.-Explican la razón que frenó la evolución del código genético hace 3.000 millones de años. Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado. 02/05/2016 13:12 BARCELONA, 2 (EUROPA PRESS) Un estudio del Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicado la razón que frenó en seco la evolución del código genético hace 3.000 millones de años: una "limitación funcional" de la estructura de los ARN de transferencia (tRNA), según publica la revista 'Science Advances', ha informado este lunes el centro en un comunicado. El estudio, liderado por el investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana en el IRB, ha demostrado que "el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia", unas moléculas centrales en la traducción de los genes a proteínas. Los autores del trabajo, que también ha contado con los investigadores Fyodor A.Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB Barcelona), describen que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos. Este hecho produciría mutaciones constantes en las proteínas y una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas, según Lluís Ribas. La saturación del código genético tiene el origen en los tRNA, las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Sin embargo, la cavidad donde deben encajar los tRNA dentro del ribosoma "impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas". "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque se usan más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", ha explicado Ribas, quien ha añadido que llegó un momento en el que la naturaleza no pudo hacer nuevos tRNA que fueran suficientemente diferentes a los que había sin que entraran en conflicto al identificar el aminoácido correcto, lo que sucedió al llegar a 20. Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat, el European Research Council (ERC) y la fundación norteamericana Howard Hughes Medical Institute.



Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista "Science Advances", el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

El equipo de biólogos del IRB ha explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador.

Noticias relacionadas

- **La biografía virtual de Feliciano López**

...de retirarme en breve. Me tomo las cosas año a año porque cuando llegas a una edad ya no puedes pensar tan en futuro, pero para mí están yendo bien las cosas. Y espero que me pasen más para que ...

- **Manuela Malasaña, la costurera de 17 años que plantó cara a Napoleón**

...intentaron abusar de ella y que Manuela se defendió del ultraje usando sus tijeras. Otra versión apunta a que, tras **descubrir** que ocultaba unas tijeras entre su ropa, fue acusada de ...



Los sindicatos celebran el Primero de mayo reclamando un cambio en la política económica

...inicio de una «lucha sin límites» con el objetivo de repartir la riqueza, para lo que reclamó «acabar con el fraude fiscal», que cifró en 80.000 millones de euros, «y perseguir a los ...

- **Kike Figaredo: «En España creer en Dios es casi como ser de una secta»**

¿Qué es ser un héroe? El cine de los últimos años ha sobreexplotado el fenómeno superhéroe: X Men, Iron Man, Spiderman, Deadpool o Capitán América. Incluso enfrentándose en la gran pantalla: Batman ...

- **«Palmeras en la nieve», escalando el Pico Misterio**

...de micro-laboratorio de África. Con poco más de un millón de habitantes, todo se sabía enseguida y todo se vivía de primera mano. Ha crecido mucho, pero entonces Malabo era un ...



URL: -
 PAÍS: España
 TARIFA: 2 €

UUM: -
 UUD: -
 TVD: -
 TMV: -



► 2 Mayo, 2016

[Pulse aquí para acceder a la versión online](#)

Central de Noticias

Rompiendo Fronteras

Nacionales Economía Internacionales Salud Entretenimiento Deportes

LO ÚLTIMO



RADIO CENTRAL DE NOTICIAS 90.6 is on Mixlr

CONSEJO LEGISLATIVO DEL ESTADO BOLIVARIANO DE COJEDES

LEGISLANDO PARA EL Pueblo!



Caracas Tiempo

HISTORIA DE LAS OLIMPIADAS

Loading...

lunes, 2 de mayo de 2016

Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones de años

El código genético, o lo que es lo mismo el diccionario que usan los seres vivos para traducir los genes en proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años y ahora un equipo de expertos ha señalado a la estructura de los ácidos ribonucleicos de transferencia como la responsable.

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona publican hoy un estudio en la revista Science



Avances en el que aseguran que el descubrimiento puede ser utilidad en la biología sintética.

La razón por la que el código genético dejara de crecer se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

El código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas fatales para la vida.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Luis Ribas de

Los especialistas

Trotamundo Tinaguillo

Calzado

Garapich

0238-528948
0238-765409

Dispersión Calle El Socorro Nº 01 Tinaguillo Edo Cojedes

Google+ Followers



TRADUCTOR

ENTRADA DESTACADA

El Consejo Nacional Electoral (CNE) rechazó las "acciones de violencia contra la institucionalidad democrática", tras los hecho...

CNE
CONSEJO NACIONAL ELECTORAL

AUTODIFUSIÓN

El Poder Electoral rechaza la violencia contra la institucionalidad democrática

Ejército, junio 1. De la gran jornada de acciones de hostilidad de la sede central de Consejo Nacional Electoral, en un momento de la misma se exhibieron afiches en Toluca, Toluca, Coahuila, Tlaxcala, Puebla, y en el caso de Coahuila en un momento de la misma se exhibieron afiches en Coahuila. Posteriormente, con el fin de evitar la falta de credibilidad y el orden y se mantendrá regular hasta la mañana.

El Poder Electoral rechazó expresamente cualquier acción que represente una intromisión indebida de naturaleza de poder constituido en democracia, que tienda a poner en riesgo el principio de sujeción al Consejo Nacional Electoral (CNE), por lo que con respecto a las acciones de violencia contra la institucionalidad democrática, se reitera su rechazo y se invita a todos los ciudadanos a mantener el orden y la tranquilidad en las acciones de sujeción al CNE.



El equipo de científicos se basó en parte de la teoría de la biología evolutiva de Jean-Baptiste Lamarck y de Pouplana, demostró que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes de que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según explicó Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", indicó.

Y es que llegó un momento, dijo el experto, "en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20".

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos". EFE

Publicado por Periodismo de Altura

Entrada más reciente Página principal Entrada antigua

El OIEA...
Los Países Bajos...
El OIEA...

LAS MAS POPULARES



La Corporación Eléctrica Nacional (Corpoelec) prevé una parada programada de electricidad para este miércoles 15 de junio en el estado Lara...



La Corporación Eléctrica Nacional (Corpoelec) inicia este jueves el plan de cortes programados de energía en 111 sectores de los nueve munic...

Desde el 1º de marzo, en 13 estados del país, se inició la apertura de cuentas en el Banco de Venezuela para 20 mil primeros beneficiario...

El Servicio Administrativo de Identificación, Migración y Extranjería (Saime) realizará este jueves operativo de cedulación en el Dist...

La campaña electoral va más allá de las redes sociales y los medios masivos, Henrique Capriles Radonski y Hugo Chávez cuentan con "j...

El Servicio Administrativo de Identificación, Migración y Extranjería (Saime) activará este jueves nueve unidades móviles de cedulación e...



AVN- La empresa estatal Hidrosuroeste, filial de Hidroven, anunció un plan de suministro controlado de agua en trece municipios tachirenses...



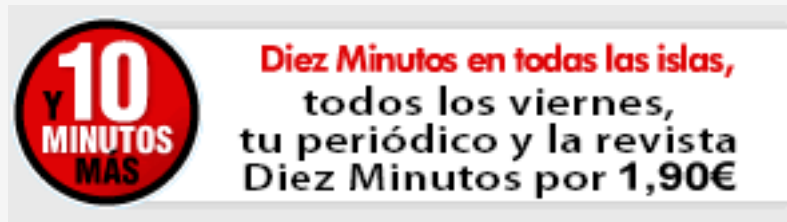
El próximo mes de julio los jubilados y pensionados cobrarán el retroactivo de mayo y junio, correspondiente al aumento del salario mínimo...

AVN-Comisiones mixtas del Cuerpo de Bomberos y Protección Civil y Administración de Desastres controlaron



Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.



Publicidad

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista "Science Advances", el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.



"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador.



[Inicio](#) [Buzón del lector](#) [Contacto](#)

CATALUNYA
Vanguardista

[CIENCIA](#) [SOCIEDAD](#) [ECONOMÍA](#) [CULTURA](#) [GASTRONOMÍA](#) [ENTREVISTAS](#) [OPINIÓN](#) [V SUPLEMENTOS](#)

ÚLTIMAS

NOTICIAS

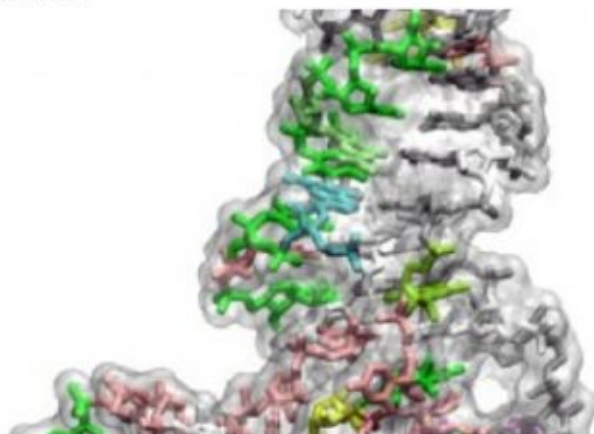
El stop en la evolución del código genético

Síguenos



CATVAN PUBLI

mayo 02, 2016 Sin comentarios Ciencia CV



Los ARN de transferencia son las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas

Descubierto un límite fundamental a la evolución del código genético

Una investigación del IRB Barcelona propone una explicación a por qué el **código genético**, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años. La razón se halla en la estructura de los **ARN de transferencia**, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas. El código genético está limitado a los **20 aminoácidos** con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida. El descubrimiento puede ser de utilidad en **biología sintética**.

IRB / La naturaleza está en constante evolución, sólo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del **código genético**. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances*, la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana en el Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov del Centro de Regulación Genómica (CRG) y Modesto Orozco del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que

El código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de



hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas. Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para **traducir los genes a proteínas*** no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética "de consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continúa el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (**tRNA***), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

los ARN de transferencia

Llegó un momento en que la Naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había, 20

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación norteamericana *Howard Hughes Medical Institute*.

Artículo de referencia:

Saturation of recognition elements blocks evolution of new tRNA identities

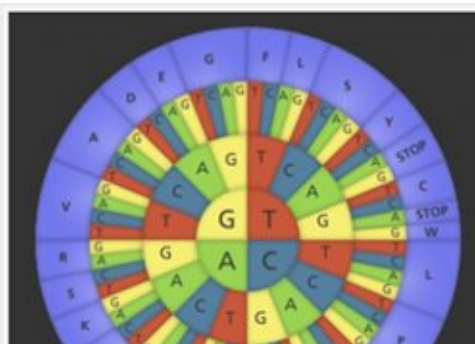
Adélaïde Saint-Léger, Carla Bello-Cabrera, Pablo D. Dans, Adrian Gabriel Torres, Eva Maria Novoa, Noella Camacho, Modesto Orozco, Fyodor A. Kondrashov, and Lluís Ribas de Pouplana

Science Advances (29 April 2016). DOI: [10.1126/sciadv.1501860](https://doi.org/10.1126/sciadv.1501860)

¿Por qué necesitamos el código genético?

La información genética está confinada dentro del núcleo de la célula en forma de ADN. Los genes contienen la información para hacer proteínas, que son las que llevan a cabo la gran mayoría de las funciones de las células, y por tanto de un organismo. Pero las proteínas se producen fuera del núcleo, en el citoplasma.

Además, el lenguaje de los genes y el de las proteínas son diferentes. El primero está basado en las letras del ADN, las 4 bases conocidas como Adenina (A), Timina (T), C (citocina) y G (guanina). En cambio, las





proteínas utilizan el lenguaje de los aminoácidos, 20 moléculas diferentes que combinadas forman una amplia variedad de proteínas.

El código genético es el diccionario que la naturaleza se "inventó" para poder traducir de un lenguaje a otro.

¿Cómo se traducen los genes en proteína?

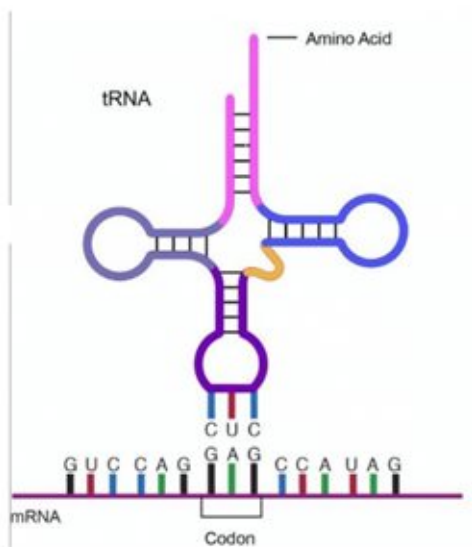
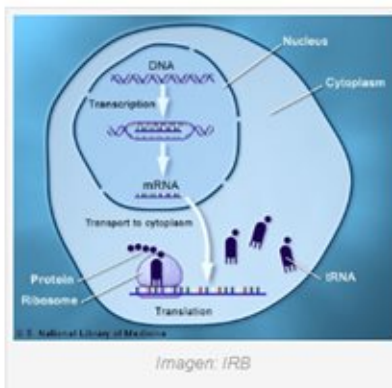
Los genes son secuencias larguísimas de las cuatro bases del ADN (ATGCTTTTCACC...), que el código lee de tres en tres, y que se denominan tripletes o codones (ATG, CTT, TTC, ACC,...). Cada triplete corresponde a un aminoácido. Por ejemplo, el codón ATG codifica para el aminoácido metionina y el codón GCT codifica para el aminoácido alanina.

Primero, los genes se copian en un mensajero de ARN (mRNA), un tipo de ácido nucleico más sencillo que el ADN. Este mensajero se desplaza hasta el citoplasma donde se podrá traducir. En este proceso los protagonistas son el ribosoma, la "fábrica" de proteínas, y los ARN de transferencia (tRNA).

tRNA?

Los tRNAs son la representación física del código genético y hablan el lenguaje de los genes y de las proteínas a la vez. Estas herramientas fundamentales reconocen los codones, e.g. GCT, por un extremo, mientras que en el otro extremo tienen unido el aminoácido correspondiente al codón, i.e. alanina.

A medida que el ARN mensajero se lee en el ribosoma, los aminoácidos de los tRNA se van encadenando hasta formar la proteína codificada en el gen.



Share / Save

ETIQUETAS

aminoácidos

ARN de transferencia

biología sintética

código genético

Fyodor A. Kondrashov

Lluís Ribas de Pouplana



PUBLICIDAD

HEMEROTECA PROMOCIONES SUPLEMENTOS ANUNCIOS  

Buscar en eldia.es



NOTICIAS DE AGENCIA

LO ÚLTIMO:

Iniesta, imagen de CaixaBank para ofrecer 4.000 millones en préstamos al consumo [leer](#)

INVESTIGACIÓN GENÉTICA

Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años

02/05/2016 12:24

Barcelona, EFE Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista "Science Advances", el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que dejó muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sino que entrarían en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador.

También te puede interesar:



Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años

EFE 02/05/2016 (13:27)

Barcelona, 2 may (EFE).- Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista "Science Advances", el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador. EFE

[VOLVER ARRIBA](#)

ACTUALIDAD	OPINIÓN	COTIZALIA	TEKNAUTAS	DEPORTES	ACV	CULTURA	MULTIMEDIA	COMUNIDAD
España	A. Casado	Economía	Móviles	Liga de Fútbol	Bienestar	Libros	Álbumes	Foro Interno
Mundo	C. Sánchez	Empresas	Emprendedores	Tenis	Sexualidad	Arte	Videos	Quiénes somos
Comunicación	J. A. Zarzalejos	Mercados	Apps	Fórmula1	Trabajo	Música	El día en 24 fotos	App Android
Sociedad	El Confidente	Vivienda	Ciencia	Motociclismo	Educación	Cine		App iOS
Viajes	Más columnistas	Blogs	Blogs	Blogs	Blogs	Blogs	Facebook Rss	Twitter



¿Por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años?

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista *Science Advances*, el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida. Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador.



Expliquen la raó que va frenar l'evolució del codi genètic fa 3.000 milions d'anys



Publicat 02/05/2016 13:20:04 CET

BARCELONA, 2 Maig (EUROPA PRESS) -

Un estudi de l'Institut de Recerca Biomèdica (IRB) ha explicat la raó que va frenar en sec l'evolució del codi genètic fa 3.000 milions d'anys: una "limitació funcional" de l'estructura dels ARN de transferència (tRNA), segons publica la revista 'Science Advances', ha informat aquest dilluns el centre en un comunicat.

L'estudi, liderat per l'investigador Icrea Lluís Ribas de Pouplana a l'IRB, ha demostrat que "el codi genètic va evolucionar fins a incloure un màxim de 20 aminoàcids i no va poder créixer més per una limitació funcional dels ARN de transferència", unes molècules centrals en la traducció dels gens a proteïnes.

Els autors del treball, que també han comptat amb els investigadors Fyodor A.Kondrashov (CRG) i Modesto Orozco (IRB Barcelona), descriuen que la maquinària per traduir els gens a proteïnes no pot reconèixer més de 20 aminoàcids perquè els confondria entre ells.

Aquest fet produiria mutacions constants en les proteïnes i una traducció errònia de la informació genètica de conseqüències catastròfiques, segons Lluís Ribas.

La saturació del codi genètic té l'origen en els tRNA, les molècules que reconeixen la informació genètica i porten l'aminoàcid corresponent al ribosoma, on es fabriquen les proteïnes encadenant els aminoàcids un darrere l'altre segons la informació d'un gen determinat.

No obstant això, la cavitat on han d'encaixar els tRNA dins del ribosoma "imposa a totes aquestes molècules una mateixa estructura similar a una L, que deixa molt poc marge de variació entre elles".

"Al sistema li hauria interessat incorporar nous aminoàcids perquè se n'usen més de 20, però s'afegeixen per vies molt complexes, fora del codi genètic", ha explicat Ribas, que ha afegit que va arribar un moment en el qual la naturalesa no va poder fer nous tRNA que fossin suficientment diferents als que hi havia sense que entressin en conflicte a identificar l'aminoàcid correcte, la qual cosa va succeir en arribar a 20.

Aquest treball ha rebut el suport del Ministeri d'Economia i Competitivitat, la Generalitat, l'European Research Council (ERC) i la fundació nord-americana Howard Hughes Medical Institute.



Rompe con la otitis externa
...y presume de oído sano!



OTIX[®]
Gotas Oticas

Tratamiento
de la otitis
externa



JANO.es

MEDICINA Y HUMANIDADES

ELSEVIER

NEWSLETTER ►

Lunes, 02 de mayo del 2016

Buscar:

Últimas noticias

PUBLICADO EN 'SCIENCE ADVANCES'

Descubierto un límite a la evolución del código genético

JANO.es · 02 mayo 2016 12:08

Una investigación del IRB Barcelona propone una explicación a por qué el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La naturaleza está en constante evolución, sólo acotada por las variaciones que hacen peligrar la viabilidad de las especies. Central en la evolución de la vida es el estudio del origen y la expansión del código genético. Un equipo de biólogos expertos en esta cuestión explica en *Science Advances* la existencia de una limitación que frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usamos todos los organismos de la Tierra para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos, liderado por el investigador ICREA Lluís Ribas de Pouplana, del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov, del Centro de Regulación Genómica (CRG) y Modesto Orozco, del IRB Barcelona, ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el lenguaje de las proteínas. Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos usamos el mismo código para producir proteínas.

Los autores del trabajo explican que la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética "de consecuencias catastróficas", destaca Ribas. "La síntesis de proteínas basada en el código genético es el alma de todos los sistemas biológicos y es esencial asegurarse la fidelidad", continua el investigador.

Una limitación marcada por la forma

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido correspondiente al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado. Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas. "Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20 pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un momento en que la naturaleza no puedo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", expone Ribas.

Aplicaciones en biología sintética

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas. Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas. "Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA pre-existentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", concluye el investigador.

Este trabajo ha recibido el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Generalitat de Catalunya, el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y la fundación

Lo más leído

Hoy

Mostrada la eficacia de los antioxidantes ante los daños de la contaminación en la piel
DERMATOLOGÍA

La combinación de radiación e inmunoterapia puede destruir tumores primarios y secundarios
ONCOLOGÍA MÉDICA

Alertan de que los resultados de numerosos ensayos clínicos de radioterapia quedan sin divulgarse
INVESTIGACIÓN EN ONCOLOGÍA RADIOTERÁPICA

La vacunación de la tos ferina en embarazadas reduce los casos en menores de 3 meses
SALUD PÚBLICA

El estrés y la depresión, vinculados con problemas de salud relacionados con el VPH
PEDIATRÍA

Últimos diez días

Por secciones

agenda médica [» Ver todo](#)

- 51 Congreso Andaluz de las Enfermedades Cardiovasculares**
Málaga, España
05/05/2016 - 07/05/2016
- 8as Jornadas Nacionales Cardiovasculares de SEMERGEN**
Santander, España
19/05/2016 - 21/05/2016
- 31º Congreso Nacional de la Sociedad Española de Fertilidad**
Málaga, España
19/05/2016 - 21/05/2016
- Simposio Internacional de Inmunonutrición Avanzada: Microbiota e Inmunidad Intestinal**
Toluca, Mexico
23/05/2016 - 25/05/2016
- 1er Congreso SEMERGEN Cataluña**
Barcelona, España
27/05/2016 - 28/05/2016

Cursos	Congresos	Jornadas
Premios/Becas	Reuniones	Simposios
Otras Activ.		

fisterra.com
Atención Primaria en la Red



DESCUBREN POR QUÉ EL CÓDIGO GENÉTICO DEJÓ DE CRECER HACE 3.000 MILLONES AÑOS

02/05/2016 (11:42)

Barcelona, 2 may.- Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descubierto por qué el código genético, el diccionario que usan todos los seres vivos para traducir los genes a proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años.

La razón se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

Según el estudio, que publica la revista "Science Advances", el código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas, fatales para la vida.

Los investigadores han asegurado que el descubrimiento puede ser de utilidad en biología sintética.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana (IRB), en colaboración con Fyodor A. Kondrashov (CRG) y Modesto Orozco (IRB), ha demostrado que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según ha explicado Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético. Y es que llegó un

PUBLICIDAD

Cargando player...



Confilegal





... momento en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20", ha resumido Ribas.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos", ha concluido el investigador. EFE



GRUPO INTERECONOMÍA
IDEARIO
CONTACTO

LA GACETA
NEGOCIOS
PUNTO PELOTA

RADIO INTERECONOMÍA
RADIO INTER
INTERECONOMIA TV

CLUB DE AMIGOS
APPS
PUNTO PELOTA ONLINE

2016 Intereconomía Publicaciones S.L. Calle Modesto Lafuente 42 28003 Madrid España.

[Presidido por Julio Ariza](#) · [Protección de datos](#) · [Nota Legal](#) · [Publicidad](#) · [Cookies](#) · [Quiénes somos](#) · [Dónde estamos](#) · [Google+](#)



CIENCIA

Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años

2 MAY 2016 15h07



El código genético, o lo que es lo mismo el diccionario que usan los seres vivos para traducir los genes en proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años y ahora un equipo de expertos ha señalado a la estructura de los ácidos ribonucleicos de transferencia como la responsable.

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona publican hoy un estudio en la revista *Science Advances* en el que aseguran que el descubrimiento puede ser útil en la biología sintética.

La razón por la que el código genético dejara de crecer se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

El código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas fatales para la vida.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de

publicidad



Pouplana, demostró que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes de que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según explicó Ribas, "la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas".

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

"Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético", indicó.

Y es que llegó un momento, dijo el experto, "en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto ocurrió cuando se llegó a 20".

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

"Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos".



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

COMPARTIR



COMENTAR



COMENTARIOS



Descubren por qué el código genético dejó de crecer hace 3.000 millones años



BARCELONA.- El código genético, o lo que es lo mismo el diccionario que usan los seres vivos para traducir los genes en proteínas, dejó de crecer hace 3.000 millones de años y ahora un equipo de expertos ha señalado a la estructura de los ácidos ribonucleicos de transferencia como la responsable.

Científicos del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) y del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona publican hoy un estudio en la revista *Science Advances* en el que aseguran que el descubrimiento puede ser útil en la biología sintética.

La razón por la que el código genético dejara de crecer se halla en la estructura de los ácidos ribonucleicos (ARN) de transferencia, las moléculas centrales en la traducción de genes a proteínas.

El código genético está limitado a los 20 aminoácidos con que se fabrican las proteínas, el número máximo que evita caer en mutaciones sistemáticas fatales para la vida.

Los biólogos han explicado que una limitación frenó en seco la evolución del código genético, el conjunto universal de normas que usan todos los organismos para traducir las secuencias de genes de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) a la secuencia de aminoácidos de las proteínas que harán las funciones celulares.

El equipo de científicos liderados por el investigador Lluís Ribas de Pouplana, demostró que el código genético evolucionó hasta incluir un máximo de 20 aminoácidos y no pudo crecer más por una limitación funcional de los ARN de transferencia, las moléculas que hacen de intérpretes entre el lenguaje de los genes y el de las proteínas.

Este freno en el crecimiento de la complejidad de la vida se produjo hace más de 3.000 millones de años, antes de que bacterias, eucariotas y arqueobacterias evolucionaran por separado, dado que todos los seres vivos usan el mismo código para producir proteínas.

Según explicó Ribas, “la maquinaria para traducir los genes a proteínas no puede reconocer más de 20 aminoácidos porque los confundiría entre ellos, lo que produciría mutaciones constantes en las proteínas y por consiguiente una traducción errónea de la información genética de consecuencias catastróficas”.

La saturación del código tiene el origen en los ARN de transferencia (tRNA), las moléculas que reconocen la información genética y llevan el aminoácido al ribosoma, donde se fabrican las proteínas encadenando los aminoácidos uno tras otro según la información de un gen determinado.

Ahora bien, la cavidad donde han de encajarse los tRNA dentro del ribosoma impone a todas estas moléculas una misma estructura similar a una L, que deja muy poco margen de variación entre ellas.

“Al sistema le hubiera interesado incorporar nuevos aminoácidos porque de hecho usamos más de 20, pero se añaden por vías muy complejas, fuera del código genético”, indicó.

Y es que llegó un momento, dijo el experto, “en que la naturaleza no pudo crear nuevos tRNA que fuesen suficientemente diferentes de los que ya había sin que entrasen en conflicto al identificar el aminoácido correcto. Y esto



ocurrió cuando se llegó a 20”.

Uno de los objetivos de la biología sintética es incrementar el código genético, modificarlo para poder hacer proteínas con aminoácidos diferentes para conseguir funciones nuevas.

Se usan organismos, como bacterias, en unas condiciones muy controladas para que fabriquen proteínas con unas características determinadas.

“Pero hacerlo no es nada fácil, y nuestro trabajo demuestra que hay que evitar este conflicto de identidad entre los tRNA sintéticos diseñados en el laboratorio con los tRNA preexistentes para conseguir sistemas biotecnológicos más efectivos”.

Comparte 0 Comparte 0 Comparte 0