

BIOTECNOLOGÍA

Mejora el conocimiento acerca de la reparación del ADN

→ Fernando Moreno-Herrero, del Centro Nacional de Biotecnología, ha publicado en *Molecular Cell* cómo una pequeña secuencia de ADN permite a

la proteína AddAB separar las cadenas del ADN para repararlas. Se trata de un hallazgo clave para el estudio de las helicasas.

Redacción

La información genética está guardada de forma ordenada en los cromosomas, pero la rotura de la doble hélice puede convertirse en uno de los sucesos más dañinos para una célula. Este problema, bastante frecuente, requiere de la aparición de diversos sistemas celulares encargados de reparar el daño genético.

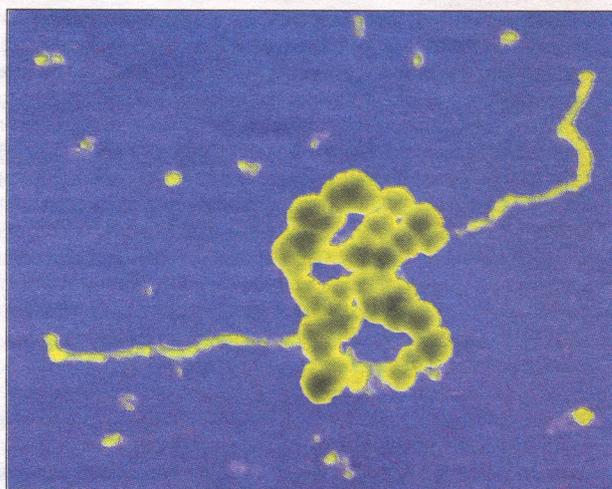
Fernando Moreno-Herrero, del Centro Nacional de Biotecnología (CNB), ha estudiado uno de estos sistemas, que se basa en el motor molecular AddAB. La intención de su grupo es aportar luces nuevas sobre determinados mecanismos moleculares que pueden estar involucrados en fenómenos tumorales. En colaboración con el laboratorio de Mark Dillingham, en la Universidad de Bristol (Inglaterra), Moreno-Herrero ha publicado un trabajo en el que, empleando técnicas que permiten ver cómo trabaja de forma individual cada enzima, se ha podido descifrar el mecanismo general por el que la enzima AddAB es capaz de procesar una molécula de ADN que se ha roto con el fin de repararla.

Estructura anillada

Tras una rotura de la doble hélice, lo primero que ocurre es la separación de las dos hebras en el punto en el que se ha producido el corte. A continuación, una serie de enzimas se encargan



Mark S. Dillingham y Fernando Moreno-Herrero,



Estructuras en forma de anillo generadas por AddAB.

de eliminar una de las cadenas, dejando así en la zona del corte tan sólo una de las copias. Utilizando la microscopía de fuerzas atómicas, los investigadores han demostrado por primera vez

cómo una pequeña secuencia de ADN se mantiene unida a la proteína, mientras ésta se desplaza generando una estructura en forma de anillo. Esta estructura es esencial para mantener

las hebras separadas mientras la proteína AddAB se desplaza a lo largo del ADN.

Mecanismo complejo

Estos descubrimientos revelan un nuevo concepto: el grado de acoplamiento entre translocación y actividad de las helicasas debe verse como un factor complejo en su funcionamiento. Moreno-Herrero señala, además, que la comparación con otras helicasas sugiere que el mecanismo utilizado por AddAB, generando un anillo de ADN de hebra sencilla, es una estrategia de estas proteínas para que translocación y separación de las cadenas de ADN se produzcan al mismo tiempo.

■ (*Molecular Cell* 2011; DOI:10.1016/j.molcel.2011.04.012).

ÚTIL PARA DET

Una nueva replicación del diagnóstico

DM

Un equipo de investigadores de la Universidad de British Columbia, Canadá, ha desarrollado una nueva plataforma de diagnóstico de ADN que permite establecer nuevos criterios en la sensibilidad del cribado de tras. El hallazgo se publica en el último número de *Nature*. Podría mejorar el diagnóstico genético en los casos en los que la sensibilidad es más necesaria, como la detección temprana de cáncer, el diagnóstico prenatal, la detección de patógenos alimentarios y el análisis de expresión de genes de células específicas.

El nuevo sistema se basa en una tecnología digital de la reacción en cadena de la polimerasa.

POSIBLES DIAGNÓSTICOS

Dos microbios desarrollados

DM

Investigadores de la Universidad de Texas, en los Estados Unidos, han identificado un nuevo modulador de estructuras de proteínas que, según explican Eric Ning Liu, del Centro de Investigación de Southwestern, este proceso está relacionado con las miopatías nucleares.

Según afirman en el último número de *Journal of Biological Chemistry*.