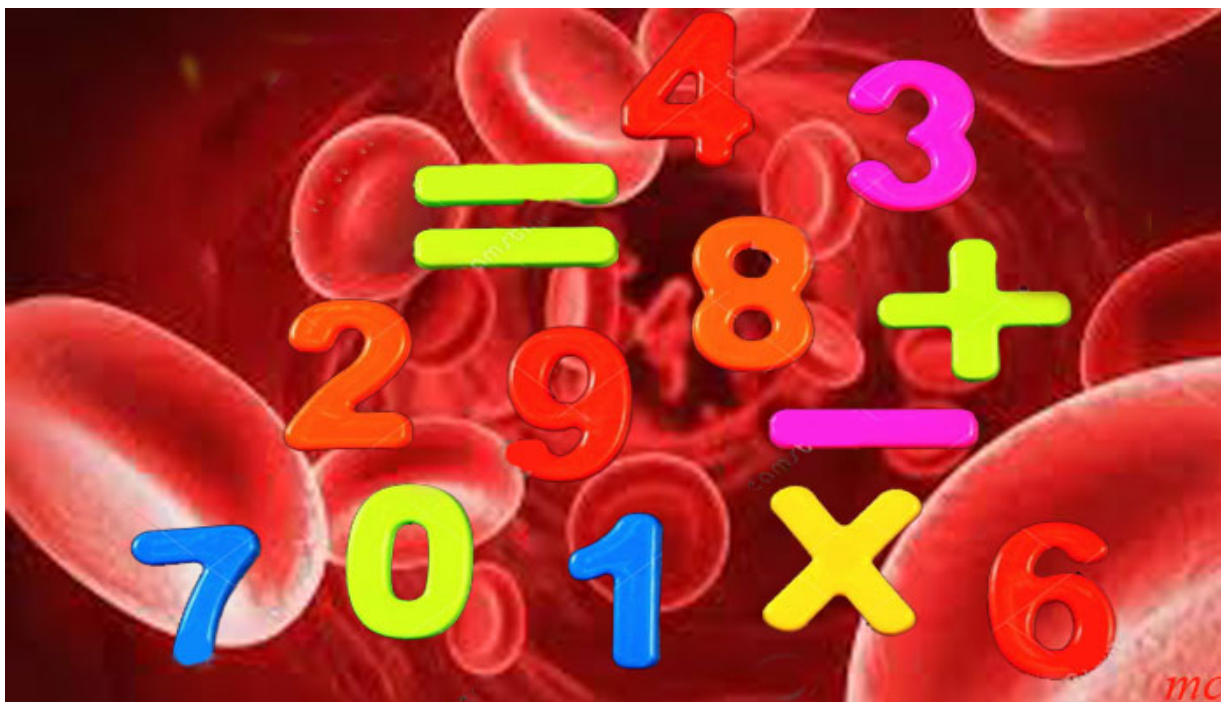


Simple cálculos matemáticos predicen estabilidad de las proteínas



Cálculos matemáticos predicen estabilidad de las proteínas. Imagen:MC

Washington, 26 sep- Las mutaciones afectan la estabilidad de las proteínas, demuestra un estudio publicado hoy en Nature, que puede acelerar el desarrollo de nuevos tratamientos para enfermedades o el diseño de otras moléculas con aplicaciones industriales.

Las proteínas son cadenas formadas por 20 tipos diferentes de aminoácidos y una sola mutación cambia un aminoácido por otro, y esto modifica la forma de la proteína, lo que puede marcar la diferencia entre la salud y la enfermedad.

Simple cálculos matemáticos pueden predecir la estabilidad de las proteínas y predecir cómo las mutaciones alteran la forma de una proteína es fundamental para comprender su contribución a patologías como el cáncer, explican los autores, del Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Wellcome Sanger Institute (Reino Unido)

Sin embargo, con tantos aminoácidos en una proteína, existe un elevado número de combinaciones de mutaciones. Es más, probar cada combinación posible para ver cómo afectan a una proteína es prácticamente imposible.

Permitiendo solo un cambio en cada posición, hay 17 mil millones de combinaciones diferentes en una proteína de 34 aminoácidos de longitud, explican.

Si tuviéramos un segundo para probar una sola combinación, tardaríamos un total de 539 años para probarlas todas. No es un experimento factible, afirma Aina Martí Aranda, coautora del estudio.

El estudio reveló que, si bien las mutaciones interactúan, es un hecho relativamente raro, y la gran mayoría afectan a la proteína de forma independiente.

Nuestro descubrimiento muestra que las infinitas posibilidades de las mutaciones de las proteínas se reducen a reglas sencillas.

Los hallazgos ayudan a comprender mejor y abordar las enfermedades genéticas como algunos trastornos causados por muchas mutaciones en una proteína. Los pacientes pueden tener diferentes combinaciones de mutaciones, lo que constituye un desafío para predecir la gravedad de la enfermedad y la respuesta a los tratamientos.

El estudio también puede llevar a un desarrollo de fármacos más eficiente, algunos corrigen las proteínas mal plegadas, como en la enfermedad de Alzheimer, donde la forma cambiante de las proteínas betaamiloides forman placas en el cerebro. (Fuente:PL)

<https://www.radiohc.cu/noticias/salud/366074-simples-calculos-matematicos-predicen-estabilidad-de-las-proteinas>



Radio Habana Cuba