



Helmut Grubmüller, Charles Laughton y Modesto Orozco, en Barcelona.

# Un atlas describirá el movimiento de diversas proteínas

El Instituto de Investigación Biomédica (IRB -Barcelona) está clasificando unas 1.900 proteínas por su actividad

BARCELONA  
**KARLA ISLAS PIECK**  
karla.islas@diariomedico.com

Las proteínas, en su estado natural, son dinámicas. Conocer sus movimientos resulta muy útil para poder predecir sus funciones y la presencia de algunas alteraciones podría ayudar a comprender por qué aparecen algunas enfermedades y a diseñar estrategias terapéuticas para poder tratarlas, según ha explicado Modesto Orozco, especialista en modelización y bioinformática del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona) y director del programa conjunto sobre biología computacional del Barcelona Supercomputing Center (BSC), durante la XXII Conferencia Barcelona Biomed organizada por el IRB-Barcelona y la Fundación BBVA.

Esta reunión científica, coordinada por Orozco y Charles Laughton, investigador de la Universidad de Nottingham, ha congregado a más de 150 expertos que trabajan en el diseño de códigos, algoritmos y herramientas de simulación molecular en un área común

donde convergen expertos en química y biología computacional, biología estructural, biofísica y bioinformática y empujan el desarrollo de la dinámica molecular para la simulación de sistemas biológicos.

Tres grupos de trabajo, entre ellos uno del IRB Barcelona, están estudiando la actividad de las proteínas con el objetivo de catalogarlas y crear un atlas según sus movimientos

Conocer la forma en la que se mueven las diferentes proteínas es útil para predecir sus funciones y ayuda a la investigación de las enfermedades y el diseño de fármacos

Actualmente existen tres grupos de investigación en el mundo -entre ellos el que dirige Orozco en Barcelona- que están trabajando en la creación de un atlas que pretende clasificar las proteínas en función de su mo-

vimiento. Hasta el momento el grupo catalán ha categorizado unas 1.900 y en los grupos de Alemania y Estados Unidos tienen una cifra similar.

Según Orozco, los modelos de biosimulación son muy útiles para alcanzar estos objetivos, ya que no se dispone de un sistema de referencia para poder analizar los movimientos de la proteína en estado natural. Por tal motivo este campo ha tenido protagonismo en la última entrega de los premios Nobel de Química y, a juicio de Orozco, lo seguirá teniendo en los próximos años debido a su potencial para el desarrollo de nuevos fármacos.

Helmut Grubmüller, del Instituto Max Planck de Química Biofísica, en Gotinga (Alemania), detalló los resultados del estudio de 112 proteínas que han clasificado en 34 tipos diferentes por sus movimientos. Además, presentó los avances de sus estudios sobre la translocación del ribosoma por medio de una técnica de microscopía de alta resolución y cálculos complejos de dinámica molecular.