

Un atlas revela el “código físico” oculto en la secuencia del ADN

10.9.2026 - Nahia Barberia | IRB Barcelona

Un consorcio internacional liderado por el IRB Barcelona ha elaborado el primer atlas completo que muestra cómo la secuencia del ADN determina su forma, flexibilidad y movimientos a nivel de hexámeros.

- Estas propiedades físicas influyen en cómo el ADN interactúa con las proteínas y se organiza dentro de la célula, y son esenciales para comprender la regulación del genoma.
- El análisis de los 2.080 hexámeros únicos mediante simulaciones de dinámica molecular de larga duración aporta indicios de que este comportamiento físico del ADN ha influido en la evolución del genoma.

La secuencia del ADN no solo contiene las instrucciones necesarias para producir proteínas. El orden de sus cuatro letras (A, T, C y G) también determina cómo se dobla la molécula, cuánto puede deformarse y cómo interactúa con otros componentes celulares. Estas propiedades influyen en procesos fundamentales y pueden condicionar cómo se regula el genoma.

Un estudio internacional liderado por el IRB Barcelona presenta ahora la caracterización más completa hasta la fecha de este «código físico» del ADN. El trabajo, publicado en *Nature Communications*, analiza los 2.080 hexámeros únicos mediante simulaciones de dinámica molecular. Para llevar a cabo esta caracterización, 14 grupos del Ascona B-DNA Consortium trabajaron durante tres años en la simulación de dos réplicas de 190 fragmentos de ADN de doble hélice, cada uno de 20 pares de bases de longitud. En conjunto, las simulaciones generaron unos 250 terabytes de datos con resolución atómica.

“Para funcionar, el ADN debe doblarse, abrirse e interactuar con numerosas proteínas. Por eso, conocer cómo la naturaleza de la secuencia condiciona su comportamiento físico es esencial para comprender la regulación y la evolución del genoma, más allá de la información contenida en los genes”, explica el **Dr. Modesto Orozco**, investigador ICREA, jefe del laboratorio de Modelización Molecular y Bioinformática del IRB Barcelona y catedrático de la Universidad de Barcelona, que ha liderado el estudio.

Una molécula dinámica

El atlas muestra que fragmentos de ADN con una composición similar pueden comportarse de forma muy distinta dependiendo del orden de sus bases. La duración de las simulaciones también permitió observar fenómenos poco frecuentes, como aperturas transitorias y desenrollamientos parciales de la doble hélice.

“Hemos podido observar tanto el comportamiento habitual de cada secuencia como movimientos excepcionales que normalmente quedan fuera del alcance de las simulaciones. El resultado es un mapa de referencia para entender la diversidad física del ADN”, señala la **Dra. Federica Battistini**, primera autora del trabajo, profesora lectora de la Universidad de Barcelona y investigadora en el IRB Barcelona.

Una huella en la evolución del genoma

El equipo quiso averiguar si estas propiedades físicas habían influido en la evolución del genoma. Para ello, estudió regiones que no contienen instrucciones para producir proteínas y observó que las secuencias más frecuentes suelen resistir mejor los pequeños cambios: aunque se sustituya una de sus letras, su forma y sus movimientos apenas se alteran.

Aunque la tendencia observada es moderada, los resultados sugieren que la evolución habría favorecido secuencias capaces de conservar las propiedades físicas necesarias para el funcionamiento del ADN.

Los datos generados se han puesto a disposición de la comunidad científica siguiendo los [principios FAIR](#). Este recurso podrá utilizarse para desarrollar modelos computacionales simplificados y sistemas de inteligencia artificial capaces de representar el ADN y la cromatina a escalas mayores.

En el trabajo han participado los 14 grupos del Ascona B-DNA Consortium, con participación de instituciones de España, Francia, Reino Unido, Estados Unidos, Alemania, Polonia, Suiza, Uruguay y Lituania. Ha recibido financiación de la Comisión Europea, a través de BioExcel y el proyecto MDDB; del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades; del Instituto de Salud Carlos III; del Fondo Europeo de Desarrollo Regional; y de la Generalitat de Catalunya a través de AGAUR. También ha contado con recursos de computación del Barcelona Supercomputing Center y de otras infraestructuras internacionales.

Artículo de referencia:

hexABC seeking the physical code of DNA

Federica Battistini, Miłosz Wieczór, Adam Hospital, Marco Pasi, Juan Pablo Arcón, Israel Serrano-Chacón, Alba Sala, Subhamoy Deb, Agustín García-Doñate, Matthew Burman, Elliot W. Chan, Liwei Chang, Gabriela da Rosa, Jorge R. Espinosa, Gia Linh Hoang, Kazi A. Hossain, Michał Jurkowski, Romain Poupon, Rahul Sharma, Ran Sun, Thomas C. Bishop, Paolo Carloni, Thomas E. Cheatham III, Rosana Collepardo-Guevara, Jacek Czub, Pablo D. Dans, Sarah A. Harris, Charles Laughton, Rodrigo Galindo-Murillo, John H. Maddocks, Agnes Noy, Alberto Pérez, Daiva Petkevičiūtė-Gerlach & Modesto Orozco

Nature Communications (2026) DOI: [10.1038/s41467-026-74390-5](https://doi.org/10.1038/s41467-026-74390-5)

IRB Barcelona

El Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona) trabaja para conseguir una vida libre de enfermedades. Desarrolla una investigación multidisciplinar de excelencia para curar el cáncer y otras enfermedades vinculadas al envejecimiento. Establece colaboraciones con la industria farmacéutica y los principales hospitales para hacer llegar los resultados de la investigación a la sociedad, a través de la transferencia de tecnología, y realiza diferentes iniciativas de divulgación científica para mantener un diálogo abierto con la ciudadanía. El IRB Barcelona es un centro internacional que acoge alrededor de 400 científicos de más de 30 nacionalidades. Reconocido como Centro de Excelencia Severo Ochoa desde 2011, es un centro CERCA y miembro del Barcelona Institute of Science and Technology (BIST).

<https://www.irbbarcelona.org/es/news/cientificas/un-atlas-revela-el-codigo-fisico-oculto-en-la-secuencia-del-adn>