



Español

Notícies



Els doctors Roderic Guigó, Montserrat Vendrell i Ivo Gut a la roda de premsa d'aquest matí - Foto: © Biocat, Héctor Fuentes.

(http://www.biocat.cat/sites/default/files/SMAAP_01.jpg.crop_display.jpg)



(http://www.biocat.cat/sites/default/files/CNAG_02_0.jpg)



(http://www.biocat.cat/sites/default/files/CNAG_03_0.jpg)



(http://www.biocat.cat/sites/default/files/CNAG_01_0.jpg)

Una cinquantena d'investigadors internacionals busquen nous mètodes d'anàlisi de la seqüència del genoma humà

És la primera vegada que s'organitza a l'Estat espanyol una trobada científica competitiva d'aquestes característiques

(<http://www.addthis.com/bookmark.php?v=250&username=xa-4b699392151c15f0>)

05.04.2011 | [0 comentaris \(#comentari\)](#)



REDACCIÓ

Una cinquantena d'investigadors de l'Estat espanyol, Gran Bretanya, Itàlia, Rússia, França, Alemanya, Canadà i la Xina, es reuneixen els dies 5, 6 i 7 d'abril al Museu Colet de Barcelona, en el [Sequence Mapping and Assembly Assessment Project dnGASP/RGASP3 Workshop](#) (<http://www.biocat.cat/cidc/programa-dactivitats/sequence-mapping-and-assembly-assessment-project-smaap>) (SMAAP).

Es tracta d'una competició per comparar i determinar els millors mètodes i estratègies de seqüenciació, mapatge, assemblatge i lectura de dades de l'alineació del genoma, emprant eines de seqüenciació de segona generació.

Des de la seqüenciació del primer genoma humà, ara fa deu anys, la tecnologia ha avançat moltíssim des d'aleshores. Som definitivament a l'era de la genòmica i avui ja es poden obtenir seqüències de genomes de forma molt més ràpida i econòmica. Si bé s'han engegat un gran nombre de projectes de seqüenciació massiva de genomes (projecte de seqüenciació del Genoma del Càncer, projecte dels 1.000 genomes...), la comunitat científica encara no s'ha posat d'acord sobre quina metodologia és la més adequada per a la seva anàlisi.

Barcelona és un punt clau a Europa que participa i lidera diversos projectes de seqüenciació i que ara acull aquest workshop que busca determinar els millors mètodes i sistemes per a la seqüenciació i la gestió de les dades resultants. Els participants en aquesta trobada competitiva han estat seleccionats per haver presentat les millors solucions d'avaluació informàtica als dos reptes plantejats pel comitè científic organitzador. Les propostes presentades aporten solucions en el marc de l'RGASP3 (RNASeq Genome Annotation Assessment Project 3) i el dnGASP (de novo Genome Assembly Assessment Project).

És la primera vegada que s'organitza a l'Estat espanyol una trobada científica d'aquestes característiques competitives, que obre el camí per dur a terme una nova manera de fer ciència. "En una època en què el *thinking outside the box* (pensar fora de la caixa) és universalment reconegut com un dels camins que acceleren el progrés científic i la innovació tecnològica, els concursos són vistos com una de les maneres més creatives de generar idees innovadores, en part, gràcies a les aportacions i les aproximacions realitzades des de múltiples i diferents disciplines, a la resolució de nous reptes científics" explica [Miquel Martí](#) (<http://www.biocat.cat/punts-de-vista/apostem-pel-debat-fronterer-i-la-idea-de-potenciar-la-marca-catalunya-com-sinonim-de-pais-dexcel%C2%B7lencia-ciencia>), director del [Centre Internacional per al Debat Científic](#) (<http://www.biocat.cat/cidc>) (CIDC), una de les institucions organitzadores de l'SMAAP.

Una competició científica per desentrellar el genoma humà

Durant tres dies, es presentaran les diferents propostes per solucionar els reptes plantejats, posant en comú els diversos mètodes i estratègies per a establir uns estàndards. Un comitè científic avaluarà les propostes i puntuarà els projectes seguint uns criteris establerts. Al final s'obtidrà tot un ventall de propostes amb les puntuacions detallades per criteris i d'aquí, la comunitat científica podrà valorar quin sistema considera el més adequat per als seus projectes. Gràcies a la discussió conjunta de totes les propostes presentades, s'espera poder obtenir uns estàndards de treball que, de forma transversal, permetin avançar en la identificació de tots els elements funcionals en la seqüència del genoma humà.

Aquest model de *workshops* tenen un doble impacte en la comunitat científica, "d'una banda, en els usuaris dels mètodes, els quals disposen de més informació a l'hora de decidir sobre mètodes alternatius; i d'altra banda, en els desenvolupadors dels mètodes, que poden identificar els problemes més rellevants i les solucions més imaginatives i prometedores", assegura Roderic Guigó, coordinador del programa de Bioinformàtica i Genòmica del [Centre de Regulació Genòmica](#) (<http://www.biocat.cat/directory/centre-de-regulacio-genomica-crg>) (CRG) i coordinador científic de l'SMAAP, juntament amb Ivo Gut, director del [Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica](#) (<http://www.cnag.cat>) (CNAG).

"Aquesta és una nova manera de fer ciència, que implica un grau més alt de cooperació o coordinació entre els grups de recerca. D'altra banda, necessitem nous mètodes molt més sofisticats dels que existeixen avui en dia per tal de tractar adequadament les dades de seqüenciació", afirma Roderic Guigó. "A curt i mig termini, les conclusions d'aquesta trobada contribuiran a treure major rendiment dels mètodes de seqüenciació d'àcids nucleics, i a facilitar-ne la seva aplicació a àmbits diversos com ara la medicina i la biotecnologia", afegeix Guigó.

L'SMAAP està organitzat pel CIDC, una iniciativa de Biocat impulsada per l'Obra Social de la Fundació "la Caixa", el CRG i el CNAG. I compta amb el suport de la [Wellcome Trust Sanger Institute](#) (<http://www.sanger.ac.uk/>) (WTSI); l'[European Bioinformatics Institute](#) (<http://www.ebi.ac.uk/>) (EBI); el projecte europeu [Revolutionary Approaches and Devices for Nucleic Acid analysis](#) (<http://www.cng.fr/READNA/>) (READNA) i l'[Encyclopedia Of DNA Elements](#) (<http://www.genome.gov/10005107>) (ENCODE Consortium).

En el marc del consorci internacional ENCODE

Aquesta competició d'idees s'emmarca en el treball fet pel [consorci internacional ENCODE](#) (<http://www.genome.gov/10005107>) (Encyclopedia Of DNA Elements), un dels projectes més importants del National Human Genome Research Institute (NHGRI), i que té per objectiu identificar tots els elements funcionals en la seqüència del genoma humà. Durant la fase de prova pilot experimental del projecte es van comparar els mètodes existents per analitzar amb rigor una part definida de la seqüència del genoma. Els resultats van demostrar l'èxit del projecte per identificar i caracteritzar els elements funcionals en el genoma humà. I d'altra banda, en la fase de desenvolupament tecnològic, també es van obtenir bons resultats en la promoció de noves tecnologies per generar dades d'alt rendiment en els elements funcionals.

L'èxit d'aquests dos components de la prova pilot va fer que l'NHGRI ampliés el projecte ENCODE amb una fase de producció de tot el genoma, juntament amb altres estudis a escala pilot. Aquesta fase de producció també inclou la creació d'un Centre de Coordinació de Dades per registrar-les, guardar-les i mostrar-les juntament amb un Centre d'Anàlisi de Dades per ajudar en l'anàlisi integrat d'aquestes. Totes les dades generades per l'ENCODE són públiques i disponibles a través del Centre de Coordinació de

Dades.

El juliol de 2010 es va realitzar a Barcelona la primera trobada que es feia fora dels Estats Units dels principals representants del grup d'anàlisi de dades del consorci ENCODE. Durant el simposi, organitzat pel CIDC i el CRG, els millors genetistes i bioinformàtics del món van presentar els darrers resultats del projecte i els reptes de futur per comprendre la seqüenciació del genoma humà. En aquesta reunió van participar més de 60 especialistes bioinformàtics internacionals, que s'encarreguen de l'anàlisi computacional de les dades experimentals recollides en el projecte de seqüenciació del genoma humà. Els grups de treball van aprofitar les jornades per compartir, analitzar i integrar les dades obtingudes, valorar els resultats i dissenyar les noves estratègies per al projecte.

- [Nota de premsa](http://www.biocat.cat/sala-de-premsa/una-cinquantena-dinvestigadors-internacionals-busquen-nous-metodes-danalisi-de-la-sequeencia-del-genoma-huma) (<http://www.biocat.cat/sala-de-premsa/una-cinquantena-dinvestigadors-internacionals-busquen-nous-metodes-danalisi-de-la-sequeencia-del-genoma-huma>) (5/4/2011)
- [Convocatòria de premsa](http://www.biocat.cat/sites/default/files/20110331_Convo_SMAAP_cat.pdf) (http://www.biocat.cat/sites/default/files/20110331_Convo_SMAAP_cat.pdf) (5/4/2011, a les 11h, al Museu Colet de Barcelona)
- [Notícia relacionada](http://www.biocat.cat/noticies/noves-maneres-de-fer-ciencia-aprofundir-en-la-sequeencia-del-genoma-huma) (<http://www.biocat.cat/noticies/noves-maneres-de-fer-ciencia-aprofundir-en-la-sequeencia-del-genoma-huma>) (1/4/2011)
- [Entrevista de Biocat a Miquel Martí, director del Centre Internacional per al Debat Científic](http://www.biocat.cat/punts-de-vista/apostem-pel-debat-fronterer-i-la-idea-de-potenciar-la-marca-catalunya-com-sinonim-de-pais-dexcel%C2%B7lencia-ciencia) (<http://www.biocat.cat/punts-de-vista/apostem-pel-debat-fronterer-i-la-idea-de-potenciar-la-marca-catalunya-com-sinonim-de-pais-dexcel%C2%B7lencia-ciencia>) (març 2011)

Comentaris

[Enviar nou comentari \(/comment/reply/27252\)](#)

El teu nom: *

E-mail: *

Assumpte:

Comentari: *

Codi: *   [Reproduir en audio \(#\)](#)

Escriu els caràcters que veus a la imatge de dalt, si no els pots llegir recarregui la pàgina per que es generi una altra imatge.

ENVIAR