

[Buscar](#)

- [Registrarse](#)
- [Iniciar sesión](#)

Master's study in the heart of the city



Medbook.es: la Red Social para profesionales de la Salud de PortalesMedicos.com

- [Principal](#)
- [Mi página](#)
- [Miembros](#)
- [Fotos](#)
- [Vídeos](#)
- [Grupos](#)
- [Notas](#)
- [Foro](#)
- [Chat](#)
- [Revista Medicina](#)
- [Noticias Medicina](#)
- [Todos los posts de blog](#)
- [Mi Blog](#)
- [Agregar](#)



## Investigadores europeos utilizan levaduras para despejar una incógnita de la secuencia del genoma humano

- Publicado por [Dr. James Vallejo Quintero](#) el noviembre 18, 2011 a las 3:04pm
- [Ver blog](#)



Con una levadura como organismo modelo, y tras analizar secuencias genómicas, un equipo de investigadores españoles ha logrado predecir las diferencias entre una persona y otra. Su estudio recibió una subvención de inicio del Consejo Europeo de Investigación (CEI) por valor de 1,1 millones de euros en virtud del Séptimo Programa Marco (7PM) de la Unión Europea.

Los investigadores, en un artículo publicado en Nature Genetics, aseguran que sus descubrimientos influirán en el futuro de la medicina personalizada. Si se puede averiguar qué genes son importantes en un proceso concreto será más fácil predecir con exactitud la composición biológica de una persona.

Todos los humanos poseen más de 20 000 genes y varios miles de estos portan mutaciones. Aún no se sabe qué mecanismos se desencadenan cuando la mayoría de los genes humanos se encuentran modificados, y por tanto aún no se pueden realizar predicciones sobre la salud humana en función de una secuencia genómica. En la práctica esto significa que no se distinguen los genes importantes en la mayoría de las enfermedades humanas más comunes. Por tanto, hoy en día no se puede saber si una persona desarrollará o no una enfermedad sólo fijándose en su secuencia de ADN.

Para subsanar esta carencia y evaluar la posibilidad de hacer predicciones útiles sobre la biología de cada individuo, un equipo de investigadores

españoles realizó ensayos con levaduras, empleadas con asiduidad en todo el mundo como organismos modelo.

«Lo más importante es que en un organismo modelo podemos saber cuán buenas son nuestras predicciones. Conocemos mejor qué genes son importantes para cada proceso y, de esta manera, podemos comprobar si es posible hacer predicciones útiles acerca de la biología de cada cual, como por ejemplo si les afecta un fármaco concreto», afirmó Ben Lehner, del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona (España) y coautor del artículo. «A partir de la levadura se pueden hacer predicciones, y luego realizar un gran número de experimentos rápidos y baratos para comprobar si estas predicciones son correctas. Esto es muy importante para poner a prueba experimentalmente la validez de los métodos de predicción.»

El equipo evaluó predicciones sobre los fenotipos de 19 variedades de levadura. El primer reto al que se enfrentaron los científicos españoles era determinar cuáles de los aproximadamente 3 000 genes mutados en cada organismo ven alterada su función. A continuación debían predecir la probabilidad de que cada individuo sufriese anomalías teniendo un fenotipo determinado, por ejemplo si crecía en condiciones ambientales diferentes.

Los resultados del estudio muestran que deben cumplirse al menos dos condiciones para realizar tales predicciones: tener un muy buen conocimiento de los genes importantes para determinados fenotipos, y realizar experimentos en individuos bajo condiciones controladas para evaluar la exactitud de las predicciones. En el caso de los seres humanos, esto es muy difícil de conseguir pues son miles las variables involucradas (desde las moleculares hasta el entorno) y la mayoría de los genes que afectan a determinados fenotipos e influyen en la incidencia de enfermedades aún están por identificar, por lo que el equipo incide en la importancia de profundizar en estos estudios empleando organismos modelo sencillos como las levaduras.

«Lo más importante es tener un conocimiento amplio sobre los genes que son importantes para un determinado fenotipo. No es posible realizar predicciones con exactitud si sólo conocemos un subconjunto de los genes que son importantes», declaró Rob Jelier, también del CRG y coautor del estudio. «Sin embargo, hemos descubierto que, cuando conocemos a fondo la función genética, se pueden hacer predicciones bastante exactas usando un modelo genético muy simple. Esto anima a albergar esperanzas en el futuro de la medicina personalizada y predictiva en los seres humanos.»

Fuente: Laboratorio Europeo de Biología Molecular - Centro de Regulación Genómica (EMBL-CRG)

Documento de Referencia: Jelier, R. et al. (2011) Predicting phenotypic variation in yeast from individual genome sequences. Nature Genetics. DOI: 10.1038/ng.1007

Visitas: 3

Etiquetas: [actualidad](#), [genetica](#), [genoma](#)

[Compartir](#) [Twitter](#) [Facebook](#)

- [< Entrada anterior](#)

**Los comentarios están cerrados para este post**

Bienvenido a  
Medbook

[Regístrate](#)  
o [Inicia la sesión](#)

PUBLICIDAD



IL3-UB  
MÁSTERS Y POSTGRADOS

**MÁSTER EN  
MEDICINA  
EVALUADORA**

NOVIEMBRE '11 >  
ON-LINE

UNIVERSITAT DE BARCELONA  
IL3 Instituto de Farmacología Clínica