

Cataluña

MÁS ALLÁ DEL GENOMA

El CRG estudia por qué una misma mutación mata a un individuo y a otro no

Directorio

- Centro Regulación Genómica Barcelona
- Nature
- Alejandro Burga
- Caenorhabditis

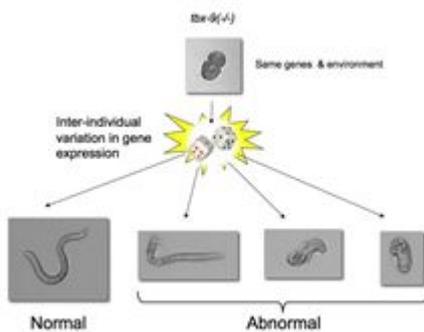


Foto: CRG

BARCELONA, 7 Dic. (EUROPA PRESS) -

El Centro de Regulación Genómica (CRG) estudia por qué una misma mutación genética desencadena una dolencia que puede ser mortal en un individuo y en otro no.

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

Al margen de factores ambientales, la gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

© 2011 Europa Press. Está expresamente prohibida la redistribución y la redifusión de todo o parte de los servicios de Europa Press sin su previo y expreso consentimiento.

LAVOZLIBRE >>>

Director: Manuel Romero
Martes, 13 de diciembre de 2011 | 12:31:22

Suscríbete al BOLETÍN | RSS

PORTADA | MEDIOS | DEPORTES | VIVA LA VIDA
ACTUALIDAD | OPINIÓN | SALUD | TECNOLOGÍA
CONFLICTO | CULTURA | OCIO | MADRID

buscar

ÚLTIMA HORA

MÁS ALLÁ DEL GENOMA

El Centro de Regulación Genómica estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

Europa Press
miércoles, 07 de diciembre de 2011, 19:08

BARCELONA, 7 (EUROPA PRESS)

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes –el grado de activación o represión de un gen– varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

LAVOZLIBRE >>>
hoy en portada

¿Hasta cuándo durará esta foto en la web de la Casa Real?

Amairu tira de picaresca para tener grupo parlamentario en el Congreso



'Isabel': una mujer en un mundo de hombres en TVE

Tom Cruise seduce con su 'Misión Imposible' a la Duquesa

ÚLTIMA HORA

- 12:22 Pío García-Escudero, elegido presidente del Senado >>>
- 12:22 Grecia coloca 1.625 millones en letras a seis meses >>>
- 12:22 Condenan las agresiones a dos docentes en Galapagos (Guadalajara) >>>
- 12:21 El Parlamento catalán no prohibirá la expresión 'España roba a Cataluña' >>>
- 12:21 Urizar dice que Amairu hará su propuesta de grupo tras su ronda y espera que no haya intención de "castigarles" >>>
- 12:20 La Unión de Consumidores aconseja un consumo responsable en Navidad >>>

[adn](#) » [tecnología](#)

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

EFE , Barcelona | 07/12/2011 - hace 5 días | comentarios | +0 -0 (0 votos)

Un estudio realizado por investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Este equipo ha estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, se indica en una nota de prensa del CRG sobre este trabajo que publica mañana la revista Nature.

Los resultados del estudio indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad, explican los autores de este trabajo.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", afirma Lehner.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council, Institució Catalana de Recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

ÚLTIMAS NOTICIAS

09:05 Cataluña confirma hoy si denuncia o no al Es...

09:01 El Ibex 35 sube un 0,38%, hasta los 8.412 pu...

09:00 La tasa de ocupación de Vueling sube en novi...

¿Por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no?

Europa Press | 9/12/2011 - 12:11



Las variaciones de los genes podrían explicar porqué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no.

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá **predecir que le pasará a cada persona** contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen **efectos diferentes según la persona**, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en **el desarrollo de enfermedades**. "Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que

El Centro de Regulación Genómica estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

 Compartir

0

 menéalo

Twittear  0

Me gusta

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

'Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes', asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

'Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental', y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

 Compartir

0

 menéalo

Twittear  0

Me gusta

la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que **dos células nunca son exactamente iguales** y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

La medicina predictiva

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a **predecir con mucha mayor fiabilidad** la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el **gusano microscópico**, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el **premio Nóbel** ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Para poder desarrollar una **medicina personalizada y predictiva** será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con **fondos** del European Research Council (ERC), la Institución Catalana de Recerca y Estudios Avanzados (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Publicidad



¿Necesitas una hipoteca?



Banco Popular te ofrece la Hipoteca Premium: Euribor+0,99%, con un plazo de hasta 30 años. ¿Te llamamos?
Más información »

Curso Técnico Sanitario



Sácate tu título de FP y trabaja conduciendo una ambulancia ¡Infórmate!
Más información »

Vino Solar de Samaniego



Por solo 58€: 8 botellas de Solar de Samaniego Crianza 2006 + 4 botellas Durón Verdejo 2006.
Más información »

Ecoprensa S.A. - Todos los derechos reservados | Cloud Hosting en Acens

YAHOO! NOTICIAS

El Centro de Regulación Genómica estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

Más allá del genoma

 Europa Press – mié, 7 dic 2011

BARCELONA, 7 (EUROPA PRESS)

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

GENÉTICA

Investigan por qué una misma mutación mata a un individuo y a otro no

El Centro de Regulación Genómica estudia cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad.

Efe | 7/12/2011 | Actualizada a las 19:13 h

(5 votos)

Twitter 1

Menéame

Recommend 4

Un estudio realizado por investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Este equipo ha estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, se indica en una nota de prensa del CRG sobre este trabajo que publica mañana la revista Nature.

Los resultados del estudio indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad, explican los autores de este trabajo.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

«Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes», explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

«Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental», apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes «in vivo».

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

«Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes», afirma Lehner.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council, Institució

Catalana de Recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

Compartir

Anuncios Google



Devolución 2% principales recibos. Tarjetas VISA GRATIS. ING DIRECT cuenta NÓMINA



¿Estas embarazada?

Pídenos información sobre la conservación de células: cordón umbilical y te **regalamos** el libro "Células Madre Respuestas"

Webs del grupo [RadioVoz](#) [TV Televisión](#) [Voz Audiovisual](#) [Sondaxe](#) [Canalvoz](#) [Voz Natura](#) [Fundación](#) [Prensa Escuela](#) [Escuela de Medios](#)
Anuncios Clasificados [Inmobiliaria](#) [Motor](#) [Empleo](#) [Mercadillo](#)
Tarifas web [Consulta](#)
Contacte con nosotros webvoz@lavoz.es



© Copyright LA VOZ DE GALICIA S.A.

Polígono de Sabón, Arteixo, A CORUÑA (España)

Inscrita en el Registro Mercantil de A Coruña en el Tomo 2438 del Archivo, Sección General, a los folios 91 y siguientes, hoja C-2141. CIF: A-15000649.

Like 40k

Seguir

Biología

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07/12/2011 | lainformacion.com

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Twitter 0

0

Share

Barcelona (España), 7 dic.- Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista **Nature**, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en **biología** y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando **organismos** muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

(Agencia EFE)

Temas relacionados

MUNDO

CIENCIA Y TECNOLOGÍA

BIOLOGÍA

CIENCIAS ANIMALES

CIENCIAS NATURALES

LUGARES

BARCELONA

ORGANISMOS

NATURE

Twitter 0

Share

Destacamos



Maut Ka Kuan, el pozo de la muerte

Una típica atracción de feria de la India. Muy Mad Max.



El voto por provincias (2008-2011)

El voto a PSOE, PP, IU, UPyD y nacionalistas.



Un robot que mimetiza a un calamar

Harvard crean un prototipo basado en invertebrados



Qué es legal en las redes sociales

Videotest sobre legalidad en redes sociales.



Ciencias Naturales: Ciencias de la Vida

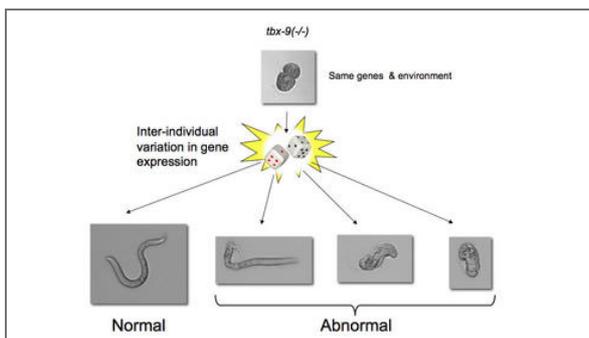
La investigación se publica en la revista 'Nature'

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y a otro no?

Muchas personas poseen mutaciones que causan enfermedades, sin embargo, nunca las desarrollan. Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad. Los expertos concluyen que la información del genoma no será suficiente para predecir qué le ocurrirá a cada persona.

FOTOGRAFÍAS

CRG / SINC | 07 diciembre 2011 19:00



La misma mutación puede afectar de modo diferente a cada individuo de *C. elegans*. Los datos representan el componente estocástico en la expresión de genes. Imagen: CRG

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades (esquizofrenia o cáncer de mama, por ejemplo) tienen efectos diferentes según la persona. Un individuo que posee determinadas mutaciones puede desarrollar la enfermedad, mientras que otro con las mismas mutaciones puede no hacerlo.

Este hecho, es evidente si se compara a dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos. Pero, ¿por qué la misma mutación tiene efectos distintos en cada persona?

“Estudiando organismos muy simples, como bacterias, sabemos que el grado de activación o represión de un gen varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental” explica Alejandro Burga, investigador del CRG y co-autor del estudio que se publica en la revista *Nature*.

Una investigación, en la que han participado científicos del CRG sugiere que aunque llegemos a conocer todos los

genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no podremos predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

Dos células nunca son exactamente iguales y en ocasiones, estas diferencias tienen un componente azaroso o estocástico. Los resultados del estudio muestran que este tipo de variaciones “puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad” añade Burga.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, etc.) en el desarrollo de enfermedades. Aunque Burga apunta que “las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes”.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la expresión de genes in vivo.

“El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias entre individuos, sino el poder predecir que genes son relevantes para cada mutación”, explica Ben Lehner, coordinador del estudio e investigador en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory del CRG.

ÚLTIMAS

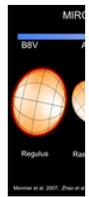
Datos en España

El portal de Biblioteca ha contado de Ingeniería Universid



El plumaj informac

Una inves tamaño y dichas car edad pose extenso.



Proponer temperat

Algunas e de rotació achatada temperatu emplea, d teorema q incompleto



Detectan zumos de restauran

Científicos han analiz preparad establecin comproba

Los autores del trabajo realizaron su estudio utilizando el gusano microscópico *Caenorhabditis elegans*, uno de los organismos modelos más usados en biología debido a su simplicidad.

La importancia de este organismo, que fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado, se demuestra en el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel ha sido otorgado en tres ocasiones a investigadores que lo usaron en sus estudios.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros solo ayudan a unos pocos genes a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", explican los autores.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), Institució Catalana de recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Referencia bibliográfica:

Burga, A; Casanueva, O; Lehner, B. "Predicting mutation outcome from early stochastic variation in genetic interaction partners". *Nature*, 8th of December, .doi:10.1038/nature10665, 2011

Localización: España

Fuente: CRG



Like 9

Tweet 21

Comentarios (0)

[Conectar](#) o [crear una cuenta de usuario](#) para comentar.

superaba
establecid
investigad



Máxima e

Este mart
Investigac
anunciar
búsqueda
esencial p
partículas
seminario
LHC.

Like 40k

Seguir

Ciencias (general)

El Centro de Regulación Genómica estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

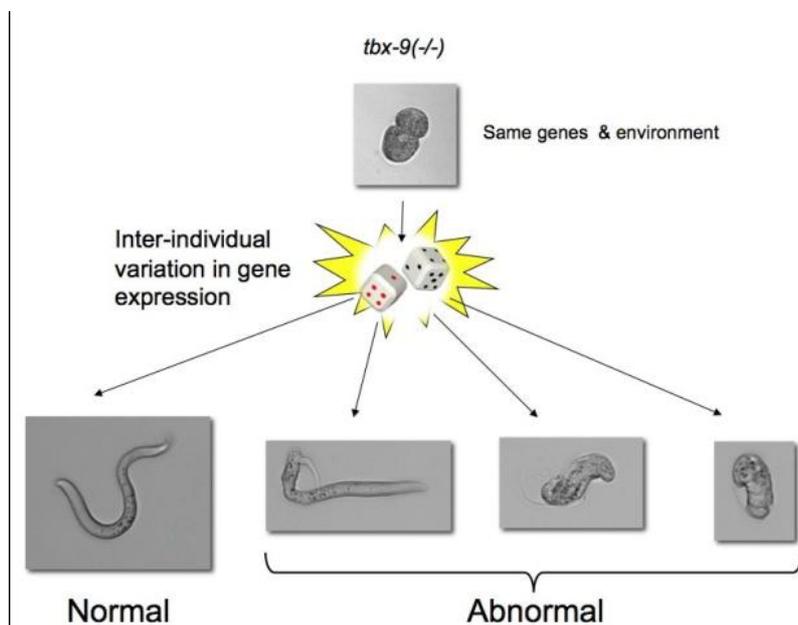
07/12/2011 | lainformacion.com

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

Twitter 0

0

Share



El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

BARCELONA, 7 (EUROPA PRESS)

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

El trabajo del centro, que publica *Nature*, sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

(EuropaPress)

Temas relacionados

CIENCIA Y TECNOLOGÍA

CIENCIAS (GENERAL)

LUGARES

BARCELONA

ORGANISMOS

MINISTERIO DE CIENCIA

ESQUERRA REPUBLICANA DE CATALUNYA

NATURE

Genes ayudarían a personalizar tratamiento

Para desarrollar una medicina personalizada y predictiva es necesario conocer el comportamiento de los genes, dicen científicos

SUMEDICO

México, D.F. a 8 de diciembre 2011

Científicos del **Centro de Regulación Genómica** de Barcelona revelaron que por mucho que se conozcan las características de alguna enfermedad, su comportamiento varía de persona a persona, por lo que es imposible saber de qué forma atacará a un individuo solamente por su genoma.

No obstante, el trabajo de los científicos se ha abocado a investigar si las variaciones genéticas pueden predecir las enfermedades que atacarán a un individuo, inclusive si es posible que lleguen a matarlo.

Los efectos distintos entre dos sujetos con el mismo genoma, como los gemelos monocigóticos, se explica demostrando que cada uno de los gemelos experimenta efectos diferentes a pesar de compartir la secuencia.

Las investigaciones y estudios se han orientado hacia la forma como las variantes genéticas y factores del medio ambiente, como hábitos de consumo y estilo de vida, influyen en el desarrollo de enfermedades, aunque para los científicos esto parece no ser suficiente.

“Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como **bacterias**, que la expresión de los genes varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental”, señaló el investigador Alejandro Burga.

Para conocer qué es lo que permite que una variación genética afecte de diferente forma a un individuo, los científicos desarrollaron un nuevo método para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes con un organismo vivo: el gusano *Caenorhabditis elegans*, un animal con su genoma completamente secuenciado.

Para poder realizar predicciones genéticas, es necesario medir las variaciones en la expresión de los genes, aseguran los científicos.

“Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas”, indicó Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

Esto podría ayudar, de acuerdo con los especialistas, a desarrollar una medicina individualizada y que pueda predecir las enfermedades, pero para esto es necesario conocer el comportamiento y las variaciones de los genes. (Con información de El Universal)

SALUD

Neomundo para Periodismo.com, Actualizado: 09/12/2011



¿Porqué la misma mutación genética afecta a algunas personas y no a otras?

Muchas personas tienen en su ADN mutaciones que se sabe- están muy asociadas al desarrollo de alguna enfermedad. Y, sin embargo, nunca la desarrollan. Ahora, investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han estudiado cómo las variaciones en la expresión de algunos genes pueden ayudar a predecir si una persona desarrollará, o no, una enfermedad.

Compartir

Twitter 0 Me gusta



WWW.NEOMUNDO.COM.AR

Muchas personas tienen en su ADN mutaciones que se sabe- están muy asociadas al desarrollo de alguna enfermedad. Y, sin embargo, nunca la desarrollan. Ahora, investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han estudiado cómo las variaciones en la expresión de algunos genes pueden ayudar a predecir si una persona desarrollará, o no, una enfermedad.

El estudio se publicó en el último número de la revista científica Nature.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades (esquizofrenia o cáncer de mama, por ejemplo) tienen efectos diferentes según la persona que la tenga en su genoma. Un individuo que posee determinadas mutaciones puede desarrollar la enfermedad, mientras que otro -con las mismas mutaciones- puede no hacerlo.

Este hecho, es aún evidente si se compara a gemelos, cuyos genomas son idénticos. Pero, lo que no se sabe es ¿porqué la misma mutación tiene efectos distintos en cada persona?

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas (mutaciones) y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, etc.) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes" comenta Alejandro Burga, investigador del estudio. "Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental. Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso. Los resultados de nuestro estudio nos dicen que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad".

MODELO GUSANO

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo. Debido a su simplicidad, este gusano, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma secuenciado.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la expresión de genes in vivo. "El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias entre individuos, pero el poder predecir que genes son relevantes para cada mutación" añade Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory Centro de Regulación Genómica.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy "generosos" y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros solo ayudan a unos pocos genes a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes".

Esta investigación sugiere, que aunque llegemos a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no podremos predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma. Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

Más información de temas de salud en www.neomundo.com.ar

Periodismo.com

Twitter 0 Me gusta



Recomendar 0% 0%

Compartir

Comparteix Informa d'un abús Bloc següent»

Crear bloc I



•"Sólo dos cosas son infinitas: el universo y la estupidez humana, y de lo primero no es tan seguro..." (Albert Einstein)

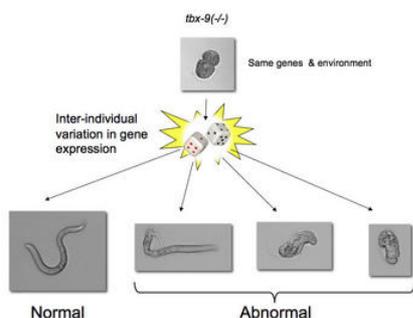
domingo 11 de diciembre de 2011

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y a otro no?

La investigación se publica en la revista 'Nature'

Muchas personas poseen mutaciones que causan enfermedades, sin embargo, nunca las desarrollan. Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad. los expertos concluyen que la información del genoma no será suficiente para predecir qué le ocurrirá a cada persona.

FOTOGRAFÍAS



La misma mutación puede afectar de modo diferente a cada individuo de C. elegans . Los datos representan el componente estocástico en la expresión de genes. Imagen: CRG

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades (esquizofrenia o cáncer de mama, por ejemplo) tienen efectos diferentes según la persona. Un individuo que posee determinadas mutaciones puede desarrollar la enfermedad, mientras que otro con las mismas mutaciones puede no hacerlo.

Este hecho, es evidente si se compara a dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos. Pero, ¿porqué la misma mutación tiene efectos distintos en cada persona?

"Estudiando organismos muy simples, como bacterias, sabemos que el grado de activación o represión de un gen varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental" explica Alejandro Burga, investigador del CRG y co-autor del estudio que se publica en la revista Nature.

Una investigación, en la que han participado científicos del CRG sugiere que aunque llegemos a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no podremos predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

*** BUSCA LA NOTICIA EN ESTE BLOG, EN SUS ENLACES Y EN SUS BLO FAVORITOS ***

Busc

con la tecnología de Google

WEBCAM EN DIRECTO ISLA EL HIERRO

Panorámica general de Restinga

Zona de erupción La Restinga

Mapa de El Hierro

<http://www.hierroendcto.movistar.es/index.html>

<http://astronomia-fisica-misiones-espaciales.blogspot.com/2011/11/webcam-en-directo-la-restinga-isla-el.html>

ULTIMA HORA ISLA EL HIERRO

ULTIMA HORA ERUPCIÓN ISLA EL HIERRO

<http://astronomia-fisica-misiones-espaciales.blogspot.com/2011/10/ultima-hora-erupcion-isla-el-hierro.html>

Dos células nunca son exactamente iguales y en ocasiones, estas diferencias tienen un componente azaroso o estocástico. Los resultados del estudio muestran que este tipo de variaciones "puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad" añade Burga.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, etc.) en el desarrollo de enfermedades. Aunque Burga apunta que "las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes".

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la expresión de genes in vivo.

"El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias entre individuos, sino el poder predecir que genes son relevantes para cada mutación", explica Ben Lehner, coordinador del estudio e investigador en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory del CRG.

Los autores del trabajo realizaron su estudio utilizando el gusano microscópico *Caenorhabditis elegans*, uno de los organismos modelos más usados en biología debido a su simplicidad.

La importancia de este organismo, que fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado, se demuestra en el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel ha sido otorgado en tres ocasiones a investigadores que lo usaron en sus estudios.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros solo ayudan a unos pocos genes a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", explican los autores.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), Institutió Catalana de recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Referencia bibliográfica:
 Burga, A; Casanueva, O; Lehner, B. "Predicting mutation outcome from early stochastic variation in genetic interaction partners". Nature, 8th of December, . doi:10.1038/nature10665, 2011

Localización: España
 Fuente: <http://www.agenciasinc.es/Noticias/Por-que-la-misma-mutacion-mata-a-un-individuo-y-a-otro-no>

Publicado por ordorcar a las domingo, diciembre 11, 2011  [Recomendar esto en Google](#)

Etiquetas: [Biología](#)

0 comentarios:

Publicar un comentario en la entrada

Introduce tu comentario...

Comentar como:

[Entrada más reciente](#) [Página principal](#) [Entrada antigua](#)

Suscribirse a: [Enviar comentarios \(Atom\)](#)

SEGUIMIENTO ERUPCIÓN ISLA EL HIERRO

<http://astronomia-fisica-misiones-espaciales.blogspot.com/2011/10/isla-el-hierro-possible-erupcion.html>

TERREMOTOS EN TIEMPO REAL ISLA EL HIERRO (ISLAS CANARIAS)



YURIESFERA



BUSCAR EN GOOGLE



TRADUCIR EL BLOG



VIDEO DOCUCIENCIA : Asteroides: Impacto mor

DOCUCIENCIA <http://www.docuciencia.e>

SEGUIDORES DEL BLOG



Martes, 13 diciembre 2011

Última actualización: 12:01

HEMEROTECA | PUBLICIDAD |

Portada Ciencia Tecnología Medio Ambiente Salud Psicología Artículos Blogs Libros Reproducción de Noticias
 Arqueología | Astron. y Espacio | [Biología](#) | C. Materiales | Física | Geología | Matemáticas | Paleontología | Política C. |
 Química | Zoología |

Viernes, 9 diciembre 2011

BIOLOGÍA

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y a otro no?

Enviar por email

Me gusta

5

Twitter

8

0

Muchas personas poseen mutaciones que causan enfermedades, sin embargo, nunca las desarrollan. Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad. Los expertos concluyen que la información del genoma no será suficiente para predecir qué le ocurrirá a cada persona.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades (esquizofrenia, por ejemplo) tienen efectos diferentes según la persona. Un individuo que posee determinadas mutaciones puede desarrollar la enfermedad, mientras que otro con las mismas mutaciones puede no hacerlo.

Este hecho, es evidente si se compara a dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos. Pero, ¿porqué la misma mutación tiene efectos distintos en cada persona?

"Estudiando organismos muy simples, como bacterias, sabemos que el grado de activación o represión de un gen varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", explica Alejandro Burga, investigador del CRG y co-autor del estudio que se publica en la revista Nature.

Una investigación, en la que han participado científicos del CRG, sugiere que aunque lleguemos a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no podremos predecir qué le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

Dos células nunca son exactamente iguales y en ocasiones, estas diferencias tienen un componente azaroso o estocástico. Los resultados del estudio muestran que este tipo de variaciones "puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad", añade Burga.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, etc.) en el desarrollo de enfermedades. Aunque Burga apunta que "las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes".

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la expresión de genes in vivo.

Gemelos Divertidos

Gemelos de películas, cómics y más Un toque distinto a tus camisas
www.comicsbarcelona.com

CEFER: 1ª Visita Gratis

Tratamientos de Reproducción, Inseminación Artificial, FIV, ICSI
InstitutoCefer.com/

Pruebas Genéticas

Centro Autorizado Genética Humana Diagnóstico molecular
www.progenie-molecular.com

Anuncios Google

Prueba De Adn:285€

rápidas, acreditadas, 902 115078 Madrid,Barcelona,Sevilla,Valencia
www.ampligen.es

GenOmics Sequencing-Spain

Roche Plus FLX+, Illumina HiSeq... Proven Track Record! High Quality.
WWW.lifesequencing.com

Psicólogos en línea Ahora

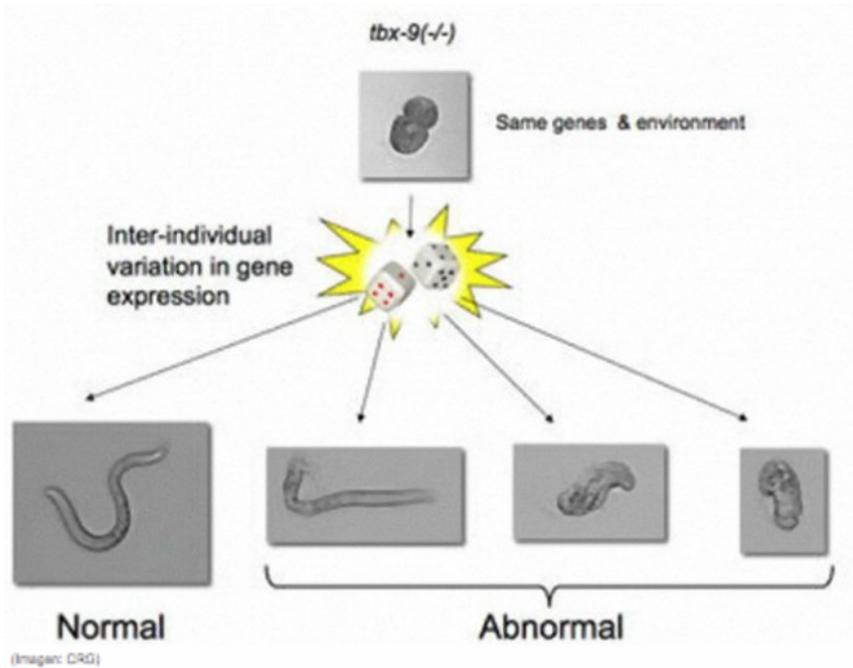
5 Psicólogos están en línea. Pregunte y obtenga su respuesta ya!
JustAnswer.es/psicologia

Anuncios Google

FORMACIÓN Y CURSOS RECOMENDADOS POR NCYT

Grado Farmacia y Biotecnología - Doble Grado
 Grado Biotecnología
 Curso Tecnico en Energia Solar
 Curso Auxiliar Clinica Veterinaria
 Curso Tecnico en Energia Solar
 Curso Auxiliar Veterinario con Practicas (Madrid)
 Curso Tecnico en Gestion de la Calidad (Normas ISO 9000 y Modelo EFQM)
 Master Biotecnología
 Master Sistemas de Gestion de Calidad e Inocuidad Alimentaria
 Curso Auxiliar Veterinario con Practicas





"El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias entre individuos, sino el poder predecir qué genes son relevantes para cada mutación", explica Ben Lehner, coordinador del estudio e investigador en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory del CRG.

Los autores del trabajo realizaron su estudio utilizando el gusano microscópico *Caenorhabditis elegans*, uno de los organismos modelos más usados en biología debido a su simplicidad.

La importancia de este organismo, que fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado, se demuestra en el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel ha sido otorgado en tres ocasiones a investigadores que lo usaron en sus estudios.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros solo ayudan a unos pocos genes a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", explican los autores.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación. (Fuente: SINC/CRG)

Copyright © 1996-2011 NCYT | (Noticiadelaciencia.com / Amazings.com). Todos los derechos reservados.

Depósito Legal B-47398-2009, ISSN 2013-6714

Todos los textos y gráficos son propiedad de sus autores. Prohibida la reproducción total o parcial por cualquier medio sin consentimiento previo por escrito.

Excepto cuando se indique lo contrario, la traducción, la adaptación y la elaboración de texto adicional de este artículo han sido realizadas por el equipo de NCYT.

Comparte esta noticia:



¡Deje su comentario!

Email (No será publicado):

Nombre:

Comentario:

Enviar comentario

[Anuncios Google](#)

[Últimas Noticias Ciencia](#)

[Películas](#)

[Estrenos Recientes](#)

Salud

La hemorragia post-parto de la madre, una complicación típicamente humana

Profundizando en el cerebro de las personas adictas

¿Anti-vacunas de la gripe?

Predicción de olores en el cerebro

Yoga para aliviar el dolor de espalda

El Gráfico Mujeres Tacómetro Diario Pyme Golf Digest Zona Inmobiliaria Casas Sub TV

Nicolás Copano
"Inmortalidad emocional"



Publimetro
Digital ¡Pincha
aquí!

Publicado 16:28 h. 08-12-2011



Foto: UPI

Estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Enlaces relacionados

- [Raza humana estuvo al borde de la extinción hace 150.000 años, según estudio](#)
- [¿Ni Ramones ni Los Sex?: Estudio concluye que el punk nació en Perú](#)
- [Estudio de la UDD distingue interesantes factores que determinan el ADN de los chilenos](#)
- [Estudio concluye que las personas guapas además son más inteligentes](#)

Lo último



- [19% dice que un adulto se les ha acercado mucho](#)
- [Leo Marcazzolo: "Las consecuencias de acostarse con el mejor amigo..."](#)
- [\[VIDEO\] Katy Perry se convierte en Christina Aguilera y Pippa Middleton](#)

Las más vistas



"Sexo en vivo" en una disco levanta polémica y

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

EFE

Los comentarios emitidos por lectores de Publimetro en este espacio son responsabilidad de sus autores y no reflejan el punto de vista del periódico. Si algún comentario les parece ofensivo, favor de reportarlo para evitar abusos. Gracias.



Agrega un comentario...

Publicar como Juan Manuel Sarasua
 (Cambiar)

Publicar en Facebook

Plug-in social de Facebook

revoluciona la red

¡Otra vez!... ¿Justin dónde tienes esas manos?

Polémicas de la PSU: "Eyaculación de Dios", retraso y aumento de preguntas

Más comentadas



"Sexo en vivo" en una disco levanta polémica y revoluciona la red

"Mente Enferma" declara en Twitter que fue víctima de agresiones físicas

Polémicas de la PSU: "Eyaculación de Dios", retraso y aumento de preguntas

[Ir a versión móvil](#)[Facebook](#)[Twitter](#)

- [ARCHIVO](#)
- [Video](#)
- -
- [Audios](#)
- -
- [Fotos](#)
- -
- [Móvil](#)
- -
- [RSS](#)

[RPP Noticias](#)

Ciencia y tecnología



[Radio en vivo](#)

La rotativa del aire

- [Portada](#)
- [Radio](#)
- [TV](#)
- [Actualidad](#)
- [Deportes](#)
- [Entretenimiento](#)
- [Trailers](#)
- [ReporteroW](#)
- [Rankings](#)
- [Listas](#)
- Más ▾
 - [Premio Integración](#)
 - [Fútbol](#)
 - [Famosos](#)
 - [Chollywood](#)
 - [Tecnología](#)
 - [Temas](#)
 - [Campañas](#)
- [Ciencia y tecnología](#)

🔍

Analizan por qué una misma enfermedad mata a una persona y a otra no

Jueves, 08 de Diciembre 2011 | 10:53 am



AND

Aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que **aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.**

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado **cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle**, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo (manifestación de un conjunto de caracteres hereditarios que dependen de los genes y del ambiente) de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

EFE

Noticias relacionadas

Temas :

[genomamutacion Ciencia y tecnología](#)

•

5

• [Twitter](#)

0

•

12

• [Me gusta](#)

•

12

• [Compartir](#) **En la web:**

3

Comentarios



Anónimo dice:

[Envía tu comentario](#)



el tío dice:

9 Dic 2011

Alejandro burga es más peruano que la mazamorra morada, el pisco sour y machu pichu juntos...!!!

- Me gusta+1
- Denunciar
- Responder



andrea dice:

9 Dic 2011

Averiguen bien la nacionalidad de los investigadores alejandro burga es peruano !!!!!!!

- Me gusta+6
- Denunciar
- Responder



peruano orgulloso dice:

9 Dic 2011

Alejandro burga, es un peruano que realiza estudios de doctorado en dicho centro.

- Me gusta+4
- Denunciar
- Responder

[Impacto»](#)

La ciencia analiza por qué una enfermedad mata a una personas y a otras, no

El secuenciamiento genético de las enfermedades no basta: la medicina, dice esta investigación, también debe considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

por EFE - 08/12/2011 - 11:40

Twitter  2

Like  9

0

[0](#)
[post](#)
[Imprimir](#)
[Compartir](#)

Un estudio realizado por investigadores españoles señala que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá **no se pueda predecir qué le pasará a cada persona** en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo **las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad**, que en muchas patologías ocasiona la muerte, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publica hoy la revista *Nature*, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales, y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro, con las mismas, no lo haga, es un hecho evidente, incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos-, donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, **las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes**", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre los individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias, sino también predecir **qué genes son relevantes para cada mutación**, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador en la unidad de Biología de Sistemas del *European Molecular Biology Laboratory-CRG*.

- [salud](#)
- [genética](#)

latercera 

Grupo Copesa Derechos reservados

Se prohíbe expresamente la reproducción o copia de los contenidos de este sitio sin el expreso consentimiento de Grupo Copesa.



Infórmese en www.ucr.ac.cr sobre el quehacer Universitario



Martes 13 de diciembre, 2011 - Costa Rica

Búsqueda



- [Portada](#)
- [Nacionales](#)
- [Internacionales](#)
- [Opinión](#)
- [Deportes](#)
- [Ambiente](#)
- [Economía](#)
- [Cultura](#)
- [Tecnología](#)
- [Caricatura](#)
- [Insólito](#)
- [Galerías](#)

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Fuente: Adolfo Pérez Esquivel | 2011-12-08

Twitter 0 Me gusta



Barcelona (España), 8 dic (EFE).- Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una

Noticias relacionadas

Japón lanza un satélite espía en un cohete H-2A de fabricación nacional

CERN desvelará nuevos resultados en la búsqueda de la "partícula divina"

Científicos desarrollan una vacuna que ataca el cáncer de mama en ratones

NASA anuncia primer vuelo privado de carga a la EEI para febrero de 2012

Facebook compete con Twitter con botón de suscripción a otras webs

La crisis financiera deja a la lucha contra el sida sin recursos

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Robot Opportunity encuentra veta de sedimentos depositados por agua en Marte

Clima

WeatherBug M
Please set your location

Channel:

El dólar BCCR

COMPRA **₡497.72**
VENTA **₡508.98**

Encuesta

¿Apoya usted el Plan Fiscal impulsado por el PAC- PLN?

NO SÍ

Otros artículos recientes

Cada año hay unas 4.000 ejecuciones en China

Instituciones Educativas y Gestión Cooperativa

Una de cada seis especies de "Buscando a Nemo" en extinción

Gobierno Locales y la Ley de Licores

Cooperación de Chile en temas de inteligencia

La trocha fronteriza

Y por supuesto, sin comisiones.

CON LA CUENTA NÓMINA SIEMPRE GANAS.

[Ábrela ahora](#)

ING DIRECT

cuenta NÓMINA

Gemelos Divertidos

Gemelos de películas, cómics y más Un toque distinto a tus camisas www.comicsbarcelona.com

Anuncios Google

mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

Comentarios

Su comentario

Nombre

Enviar comentario

Normas de uso

La opinión en los comentarios es la de los usuarios, no de ELPais.cr - No está permitido verter comentarios contrarios a las leyes o injuriosos. - Reservado el derecho a eliminar los comentarios que consideremos fuera de tema. - Una vez aceptado el comentario, será publicado.



Añade un comentario...

Publicar en Facebook Publicar como Juan Manuel Sarasua ([Cambiar](#))

Plug-in social de Facebook

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro?

Por: EFE

CIENTÍFICOS DEL CENTRO DE REGULACIÓN GENÓMICA DE BARCELONA DESARROLLARON UNA METODOLOGÍA PARA MEDIR ESTAS PEQUEÑAS DIFERENCIAS EN LA EXPRESIÓN DE GENES "IN VIVO"

Científicos aseguraron que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona con base únicamente en la información de su genoma.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio en el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado .

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona analizaron cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista *Nature*, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes. Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", explicó Alejandro Burga, investigador del estudio.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indicó Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirmó Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añadió.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.



Be the first of your friends to like this.



- Portada
- Noticias
- España
- Mundo
- Negocios
- Sociedad
- Foros
- Clasificados
- Blogs
- Juegos

Canales: Arte y cultura | Ciencia | Cine | Deportes | Espectáculos | Freeware | Hogar y salud | Humor | Música | Tecnología | Viajes y motor

Y por supuesto, sin comisiones.
CON LA CUENTA NÓMINA SIEMPRE GANAS. [Ábrela ahora](#)



¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y a otro no?

- [Prueba De Adn:285€](#) www.ampligen.es
rápidas, acreditadas, 902 115078
Madrid,Barcelona,Sevilla,Valencia
- [Gemelos Divertidos](#) www.comicsbarcelona.com
Gemelos de películas, cómics y más Un toque distinto a tus camisas
- [Prueba de Paternidad](#) www.genomica.es
Desde 199€. Primer laboratorio español acreditado por ENAC
- [Confía en Instituto CEFER](#) InstitutoCefer.com/
Insituto Reproduccion, Inseminacion y Fecundacion In Vitro por 30 Años

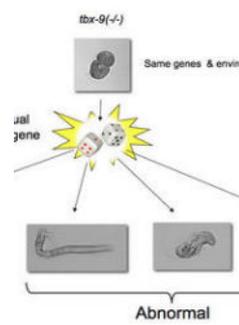


SINC

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades (esquizofrenia o cáncer de mama, por ejemplo) tienen efectos diferentes según la persona. Un individuo que posee determinadas mutaciones puede desarrollar la enfermedad, mientras que otro con las mismas mutaciones puede no hacerlo.

Este hecho, es evidente si se compara a dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos. Pero, ¿porqué la misma mutación tiene efectos distintos en cada persona?

"Estudiando organismos muy simples, como bacterias, sabemos que el grado de activación o represión de un gen varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental" explica Alejandro Burga, investigador del CRG y co-autor del estudio que se publica en la revista *Nature*.



Una investigación, en la que han participado científicos del CRG sugiere que aunque llegemos a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no podremos predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

Dos células nunca son exactamente iguales y en ocasiones, estas diferencias tienen un componente azaroso o estocástico. Los resultados del estudio muestran que este tipo de variaciones 'puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad" añade Burga.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, etc.) en el desarrollo de enfermedades. Aunque Burga apunta que "las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes".

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la expresión de genes in vivo.

'El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias entre individuos, sino el poder predecir que genes son relevantes para cada mutación', explica Ben Lehner, coordinador del estudio e investigador en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory del CRG.

Los autores del trabajo realizaron su estudio utilizando el gusano microscópico *Caenorhabditis elegans*, uno de los organismos modelos más usados en biología debido a su simplicidad.

La importancia de este organismo, que fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado, se demuestra en el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel ha sido otorgado en tres ocasiones a investigadores que lo usaron en sus estudios.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros solo ayudan a unos pocos genes a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", explican los autores.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), Institució Catalana de recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Referencia bibliográfica:
Burga, A; Casanueva, O; Lehner, B. 'Predicting mutation outcome from early stochastic variation in genetic interaction partners'. *Nature*, 8th of December, doi:10.1038/nature10665, 2011

Vídeos sobre Efectos de las mutaciones genéticas

Todavía no hay comentarios

[Deja un comentario](#)

* Su nombre
 * Su email (no aparece publicado)

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro?

Científicos del Centro de Regulación Genómica de Barcelona desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo"

Jueves 08 de diciembre de 2011

EFE | El Universal
00:01

Científicos aseguraron que aunque se lleguen a **conocer todos los genes importantes para una enfermedad** en particular, quizá **no se pueda predecir qué le pasará a cada persona** con base únicamente en la información de su genoma.



MODELO Los investigadores del CRG realizaron su estudio en el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado (Foto: Archivo El Universal)

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona analizaron cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la

revista *Nature*, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes. Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", explicó Alejandro Burga, investigador del estudio.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indicó Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a

cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirmó Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añadió.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

Leer estudio original (en inglés): [Nature](#)

VRS

[Regresar](#)
[Imprimir](#)

© Queda expresamente prohibida la republicación o redistribución, parcial o total, de todos los contenidos de EL UNIVERSAL



SOCIEDAD

VERSIÓN PARA IMPRIMIR

MIÉRCOLES, 7 DE DICIEMBRE DE 2011

GENÉTICA / ESTUDIO

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Barcelona, EFE Un estudio realizado por investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Este equipo ha estudiado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, se indica en una nota de prensa del CRG sobre este trabajo que publica mañana la revista Nature.

Los resultados del estudio indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad, explican los autores de este trabajo.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas. La clave para realizar mejores predicciones radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", afirma Lehner.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council, Institució Catalana de Recerca i Estudis Avanzats (ICREA) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

© [Editorial Leoncio Rodríguez, S.A.](#) Avda. Buenos Aires 71, S/C de Tenerife. CIF: A38017844.

eldia.es Dirección web de la noticia: <http://eldia.es/2011-12-07/SOCIEDAD/SOCIEDAD27.htm>

 Ingrese al Impreso Digital



Martes, 13 de diciembre de 2011 • CARACAS/VENEZUELA

[Inicio](#) [Secciones](#) [Multimedia](#) [Opinión](#) [Revistas y Diarios](#) [Tarifas Vigentes](#) [Editorial](#) [4to. Bate](#)



[Inicio](#) > **SALUD**

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07-Dic 05:34 pm | **EFE**

Un estudio realizado por investigadores españoles apuntó que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona



Científicos han analizado las variaciones de los genes de cada individuo para determinar si este desarrollará una enfermedad | **EFE**

Un estudio realizado por investigadores españoles apuntó que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indicó el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indicaron que estas variaciones **pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.**

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades. "Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explicó Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como

Más en Salud

12-Dic 11:55 pm China detectó brote de gripe aviar en el Tíbet

11-Dic 08:48 am Viajar en estado

09-Dic 08:38 am Al borde del colapso

08-Dic 05:57 pm EE UU insta tratamiento más corto contra la tuberculosis

08-Dic 05:13 pm Nueva generación de pastillas anticonceptivas podrían formar coágulos sanguíneos

08-Dic 04:46 pm La lucha para erradicar el sida corre riesgo

08-Dic 04:33 pm Obesidad y alcohol: factores de riesgo para el cáncer de mama

08-Dic 04:15 pm Nuevos medicamentos prometen avances contra el cáncer de mama

08-Dic 03:27 pm Aniversario del Hospital Dr. Leopoldo Manrique Terrero

08-Dic 03:03 pm Hombres con cáncer prostático de bajo riesgo podrían esperar para ser tratados

bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apuntó el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso. Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indicó Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirmó Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añadió. Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario **considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.**

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

0 tweets

Recommend

Be the first of your friends to recommend this.

0

tweet

Me gusta

Añadir Comentario

Ingresar



Escriba su comentario.

Mostrando 0 comentarios

Ordenar por: los más populares

M [Suscríbete por e-mail](#) [RSS](#)

Trackback

Comentarios manejados a través de DISQUS

EL NACIONAL



2011 © C.A. Editora El Nacional. Todos los derechos reservados. RIF: J-00012242-3. Prohibida la reproducción total o parcial de cualquier material de este diario sin la autorización expresa de los editores.

Estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad.

[Like](#)

Be the first of your friends to like this.

Agencia EFE

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

Etiquetas: estudio, genes, mutación, salud

Visitas: 152

Comentarios (0)

Escribir comentario

Estás comentando como invitado.

Nombre*

Correo Electrónico*

Página Web

Caracteres restantes: 1000



»

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07 de diciembre de 2011 • 16:03

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

enlaces relacionados

- **Gen ayuda a explicar ciertos casos de esclerosis y demencia**
http://noticias.terra.cl/mundo/gen-ayuda-a-explicar-ciertos-casos-de-esclerosis-y-demencia.74d96c229d82310VgnVCM10000098f154d0RCRD.html?icid=Publicadores_Links_Relacionados
- **Un dispositivo para vivir hasta los 150 años**
<http://noticias.terra.cl/ciencia/un-dispositivo-para-vivir-hasta-los-150->

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

Barcelona (España), 7 dic (EFE).- Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para

medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos. EFE

Te pueden interesar...



Jennifer Lopez es una diosa del sexo



Pamela Anderson



El futuro del planeta en juego, dice Ban Ki-moon a negociadores del clima



Fuerte sismo sacude México: dos muertos en el sur y pánico en la capital



Un avejentado Noriega retornó a Panamá 22 años después en silla de ruedas

[?]



»

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07 de diciembre de 2011 • 13:03

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

enlaces relacionados

- **El genoma de la araña roja abre la vía a nuevas tácticas de...**
http://noticias.terra.com.mx/ciencia/el-genoma-de-la-arana-roja-abre-la-via-a-nuevas-tacticas-de-control-de-plagas.f91186dfe51d3310VgnVCM1000098f154d0RCRD.html?icid=Publicadores_Links_Relacionados
- **Evolución humana sigue siendo rápida, según investigadores**



»

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07 de diciembre de 2011 • 14:03

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

enlaces relacionados

- **Investigadores analizan variación genética en cáncer ovárico**
http://noticias.terra.com.co/internacional/euuu/investigadores-analizan-variacion-genetica-en-cancer-ovarico,4c77463241ed0310VgnVCM4000009bf154d0RCRD.html?icid=Publicadores_Links_Relacionados
- **Identifican el gen vinculado con la parálisis cerebral**



»

Un estudio analiza por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro

07 de diciembre de 2011 • 02:03 PM

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectara o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.



EFE - Agencia EFE - Todos los derechos reservados. Está prohibido todo tipo de reproducción sin autorización escrita de la Agencia EFE S/A.

enlaces relacionados

- **El genoma de la araña roja abre la vía a nuevas tácticas de...**
http://noticias.terra.com/ciencia/el-genoma-de-la-arana-roja-abre-la-via-a-nuevas-tacticas-de-control-de-plagas,2e4022b6e91d3310VgnVCM3000009af154d0RCRD.html?icid=Publicadores_Links_Relacionados
- **Identifican 50 genes vinculados a trastornos de...**



CEFER: 1ª Visita Gratis
Tratamientos de Reproducción,
Inseminación Artificial, FIV. ICSI
InstitutoCefer.com/ [Anuncios Cefer](#)

martes, 13 de diciembre de 2011 | 13:35 | www.gentedigital.es |

19

Gente

Buscar



El CRG estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

07/12/2011 - 19:06

BARCELONA, 7 (EUROPA PRESS)

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama,

por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.

 Consiga tu propio iPhone negro de 16Gb desde 0 €. Solo en la tienda online	 Descubre las nuevas ofertas de Perfumes Club. Perfumes, maquillaje con hasta -70% de dto
--	--

[Gemelos Divertidos](#)

Gemelos de películas, cómics y más Un toque distinto a tus camisetas
www.comicsbarcelona.com

Anuncios Google

Grupo de información GENTE · el líder nacional en prensa semanal gratuita según PGD-OJD



Genes ayudarían a personalizar tratamiento

Para desarrollar una medicina personalizada y predictiva es necesario conocer el comportamiento de los genes, dicen científicos

SUMEDICO

México, D.F. a 8 de diciembre 2011

Científicos del **Centro de Regulación Genómica** de Barcelona revelaron que por mucho que se conozcan las características de alguna enfermedad, su comportamiento varía de persona a persona, por lo que es imposible saber de qué forma atacará a un individuo solamente por su genoma.

No obstante, el trabajo de los científicos se ha abocado a investigar si las variaciones genéticas pueden predecir las enfermedades que atacarán a un individuo, inclusive si es posible que lleguen a matarlo.

Los efectos distintos entre dos sujetos con el mismo genoma, como los gemelos monocigóticos, se explica demostrando que cada uno de los gemelos experimenta efectos diferentes a pesar de compartir la secuencia.

Las investigaciones y estudios se han orientado hacia la forma como las variantes genéticas y factores del medio ambiente, como hábitos de consumo y estilo de vida, influyen en el desarrollo de enfermedades, aunque para los científicos esto parece no ser suficiente.

“Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como **bacterias**, que la expresión de los genes varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental”, señaló el investigador Alejandro Burga.

Para conocer qué es lo que permite que una variación genética afecte de diferente forma a un individuo, los científicos desarrollaron un nuevo método para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes con un organismo vivo: el gusano *Caenorhabditis elegans*, un animal con su genoma completamente secuenciado.

Para poder realizar predicciones genéticas, es necesario medir las variaciones en la expresión de los genes, aseguran los científicos.

“Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas”, indicó Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

Esto podría ayudar, de acuerdo con los especialistas, a desarrollar una medicina individualizada y que pueda predecir las enfermedades, pero para esto es necesario conocer el comportamiento y las variaciones de los genes. (Con información de El Universal)

¿Por qué la misma mutación mata a un individuo y no a otro?

Por: EFE/Barcelona, España.

Un estudio realizado por investigadores españoles apunta que aunque se lleguen a conocer todos los genes importantes para una enfermedad en particular, quizá no se pueda predecir qué le pasará a cada persona en base únicamente a la información de su genoma.

Científicos del Centro de Regulación Genómica de Barcelona desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

Los científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han analizado cómo las variaciones en la expresión de genes pueden ayudar a predecir si un individuo desarrollará o no una enfermedad, que en muchas patologías puede llegar a matarle, según indica el CRG en un comunicado.

Los resultados del estudio, que publicará este jueves la revista Nature, indican que estas variaciones pueden influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo anormal.

Los investigadores del CRG realizaron su estudio utilizando como modelo el gusano *Caenorhabditis elegans*, debido a la simplicidad de este organismo microscópico, muy usado en biología y el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

Que un individuo que posee determinadas mutaciones pueda desarrollar la enfermedad mientras que otro con las mismas no lo haga es un hecho evidente incluso si se compara a dos gemelos monocigóticos -con genomas idénticos- donde la misma mutación tiene efectos distintos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las mutaciones y el ambiente (hábitos de consumo, estilo de vida, entre otros factores) en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", explica Alejandro Burga, investigador del estudio.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples como bacterias, que la expresión de los genes -el grado de activación o represión de un gen- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", apunta el investigador.

Dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir estas pequeñas diferencias en la expresión de genes "in vivo".

El reto no fue sólo el desarrollo de un método para medir estas pequeñas diferencias sino también para predecir qué genes son relevantes para cada mutación, indica Ben Lehner, coordinador del estudio y Profesor Investigador ICREA en la unidad de Biología de Sistemas del European Molecular Biology Laboratory-CRG.

"Tanto en gusanos como en humanos, los genes cooperan y se ayudan mutuamente para realizar funciones dentro de la célula. Unos pocos genes son muy 'generosos' y ayudan a cientos de otros en muchos procesos distintos, mientras que otros sólo ayudan a unos pocos a desarrollar tareas más específicas", afirma Lehner.

La clave para realizar mejores predicciones "radica en medir las variaciones en la expresión de ambos tipos de genes", añade.

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La importancia del gusano *Caenorhabditis elegans* la demuestra el hecho de que, en los últimos años, el premio Nobel se ha otorgado en tres ocasiones distintas a investigadores que usaron esta especie en sus trabajos.

0

Twitter 0

Like

Be the first of your friends to like this.



News - English

News number: 9007276557

2011-12-08 - 16:14



Why Mutation Kills One Person But Not Another?

TEHRAN (FNA)- The vast majority of genetic disorders (schizophrenia or breast cancer, for example) have different effects in different people. Moreover, an individual carrying certain mutations can develop a disease, whereas another one with the same mutations may not. This holds true even when comparing two identical twins who have identical genomes. But why does the same mutation have different effects in different individuals?

Since the early twentieth century researchers have studied the role that genetic variability (mutations) and the environment (consumption habits, lifestyle, etc.) have in the development of diseases. "However, genetic and environmental differences are not enough" said Alejandro Burga, one of the authors of the article. "In the last decade we have learned by studying very simple organisms such as bacteria that gene expression -- the extent to which a gene is turned on or off -- varies greatly among individuals, even in the absence of genetic and environmental variation. Two cells are not completely identical and sometimes these differences have their origin in random or stochastic processes. The results of our study show that this type of variation can be an important influence the phenotype of animals, and that its measurement can help to reliably predict the chance of developing an abnormal phenotype such as a disease ."

The researchers conducted their study using the roundworm *Caenorhabditis elegans* as a model. Due to its simplicity, this microscopic worm is one of the most widely studied organisms in biology, and was the first animal to have its genome sequenced. Recently three different Nobel Prizes have been awarded for research using *C. elegans*.

Since the genetic composition and the environment are insufficient to determine whether or not a mutation will affect an individual, they developed a methodology to measure small differences in gene expression in vivo. "The challenge was not only to develop a method to quantify these small differences among individuals, but also to predict which genes are relevant for a particular mutation," adds Ben Lehner, coordinator of the study and ICREA Research Professor in the European Molecular Biology Laboratory-Centre for Genomic Regulation Systems Biology Research Unit. "In both round worms and humans, genes cooperate and help each other to perform functions within the cell. A few genes are very "generous" and help hundreds of others to perform many different processes, whereas others only help a few other genes to perform more specific functions. The key to predict what will happen in each individual is to measure variation in the expression of both types of gene."

The work suggests that, even if we completely understand all of the genes important for a particular human disease, we may never be able to predict what will happen to each person from their genome sequence alone. Rather, to develop personalised and predictive medicine it will also be necessary to consider the varying extent to which genes are turned on or off in each person.

www.farsnews.com

©2006 Fars News Agency. All Rights Reserved

Mira esto: [Se acabó la guerra de Irak](#) | [Tu puedes ser un Rey Mago](#)

[Entrar](#) | [Registrarse](#)

Ciencia

noticias, artículos ...

Portada	España	Mundo	Política	Dinero	Deportes	El Tiempo	Salud	Sucesos	Tierra	Ciencia	Educa	Empleo	Motor	Tecno
Ocio														
Gente	Tele	Música	Cine	Cultura	Increible	Moda	Belleza	Players	Familia	Religión	Local			
Y Además														

El Centro de Regulación Genómica estudia por qué una misma mutación genética mata a un individuo y a otro no

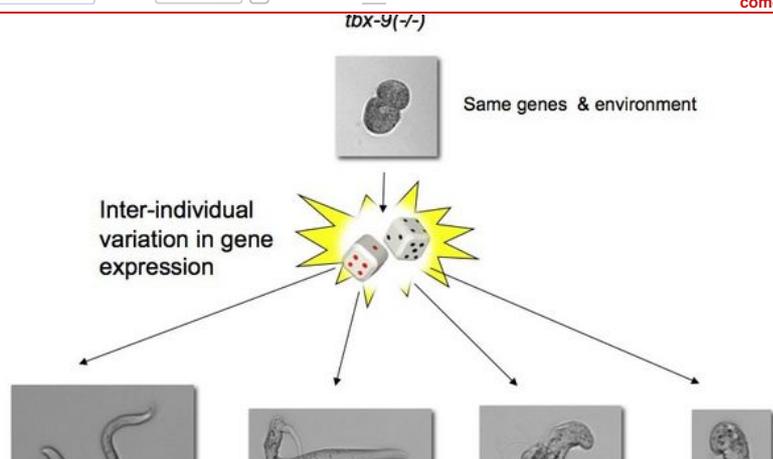
07/12/2011 - EUROPA PRESS, BARCELONA

El Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona estudia el motivo por el que una misma mutación genética desencadena una enfermedad que puede ser mortal en un individuo y en otros no, al margen de factores ambientales.

0

0

[Deja tu comentario](#)



ÚLTIMA HORA

[Filipinas prepara fosas comunes para cientos de víctimas de las inundaciones](#)

[Un temblor prolongado se sintió con intensidad en Lima](#)

[Reanudan la búsqueda de más de 800 desaparecidos en inundaciones de Filipinas](#)

[Un matrimonio de edad avanzada y su hijo de 45 años mueren en un incendio en Carabanchel](#)

El trabajo del centro, que publica 'Nature', sugiere que aunque se lleguen a conocer todos los genes indicadores de una enfermedad en particular, quizá no se podrá predecir que le pasará a cada persona contando únicamente con la información de su genoma, sino que habrá que recurrir a variaciones de expresión de estos genes.

La gran mayoría de mutaciones que causan enfermedades, como la esquizofrenia y cáncer de mama, por ejemplo, tienen efectos diferentes según la persona, incluso tratándose de dos gemelos monocigóticos, cuyos genomas son idénticos.

Desde principios del siglo XX se ha estudiado el papel que tienen las diferencias genéticas y los factores ambientales relacionados con el consumo y estilo de vida en el desarrollo de enfermedades.

"Sin embargo, las diferencias genéticas y el ambiente no son suficientes", asegura el investigador del estudio Alejandro Burga.

"Hemos aprendido en la última década, estudiando organismos muy simples, como bacterias, que la expresión de los genes --el grado de activación o represión de un gen-- varía mucho entre individuos, incluso en ausencia de variación genética y ambiental", y es que dos células nunca son exactamente iguales y a veces estas diferencias tienen en su origen un componente azaroso, según el investigador.

Los resultados del trabajo, que utilizó el gusano *Caenorhabditis elegans* como modelo, señalan que este tipo de variación puede influir de manera importante en el fenotipo de animales y que su medición ayuda a predecir con mucha mayor fiabilidad la probabilidad de presentar un fenotipo

AL MINUTO

12:24 [Filipinas prepara fosas comunes para cientos de víctimas de las inundaciones](#)

12:20 [Urdangarin ocupa su nuevo lugar en el Museo de Cera, junto a Raúl, Zidane y Rafa Nadal](#)

12:19 [Aralar dice que la declaración sobre las víctimas es "justa, democrática y permanecerá en el tiempo"](#)

SÍGUENOS EN...



LO MÁS VISTO

1 / 5

-  [Desarrollan un sistema para eliminar la basura espacial mediante chorro de iones](#)
-  [Astrosantander realizará este martes una observación de lluvia de estrellas a bordo de la goleta Cantabria Infinita](#)
-  [Expectación de la comunidad científica por la observación del bosón que permitió la aparición de la vida](#)
-  [Se cumplen cien años de la épica llegada de Amundsen al Polo Sur](#)
-  [Astrónomos captan la imagen de un agujero negro](#)

anormal, como por ejemplo, el desarrollo de una enfermedad.

Debido a su simplicidad, el gusano microscópico, es uno de los organismos modelos más usados en biología y fue el primer animal en tener su genoma totalmente secuenciado.

La importancia de este organismo se refleja en el hecho de que en los últimos años el premio Nobel ha sido otorgado en tres oportunidades distintas a investigadores que usaron este gusano en sus estudios.

Dado que la composición genética y el ambiente son insuficientes para saber si una mutación afectará o no a un individuo, los investigadores desarrollaron una metodología para medir pequeñas diferencias en la variación genética

MEDICINA PREDICTIVA

Para poder desarrollar una medicina personalizada y predictiva será también necesario considerar el grado de variación en que los genes son activados y reprimidos en cada persona.

La investigación se realizó con fondos del European Research Council (ERC), la Institució Catalana de recerca i Estudis Avançats (Icrea) y el Ministerio de Ciencia e Innovación.



'hambriento' a punto de engullir una nube de gas

6



El Mediterráneo llegó a acumular el 10% de la sal de todos los océanos del mundo

LOCAL

Pulsa en el mapa para acceder a las noticias de tu comunidad



Me gusta

Twitter 0

Deja tu comentario

OTRAS NOTICIAS

- [Cástulo muestra parte de sus entrañas romanas en la última excavación](#)
- [El número de desaparecidos por las inundaciones en Filipinas podría ascender al millar](#)
- [Suben a 139 las personas muertas en las inundaciones de Filipinas](#)
- [Suben a 56 los muertos y 260 desaparecidas en las inundaciones de Filipinas](#)

COMENTARIOS

DEJA TU COMENTARIO

Comenta *

Nombre de usuario *

Email *

* Campos obligatorios

He leído y acepto las [normas de uso](#)

Enviar comentario

Portada	España	Mundo	Política	Dinero	Deportes	El Tiempo	Salud	Sucesos	Tierra	Ciencia	Educa	Empleo	Motor	Tecno
Ocio														
Gente	Tele	Música	Cine	Cultura	Increible	Moda	Belleza	Players	Familia	Religión	Local			
Y Además														

Mira esto: [Se acabó la guerra de Irak](#) | [Tu puedes ser un Rey Mago](#)

Teinteresa.es

- [Declaración de intenciones](#)
- [Quiénes somos](#)

Servicios

- [Sorteos](#)

Síguenos en...

- [Facebook](#)
- [Tuenti](#)
- [Twitter](#)
- [Youtube](#)

Legal

- [Aviso Legal](#)