



Síguenos en: [Facebook] [Twitter] [RSS]
miércoles, 24 de octubre de 2012

PORTADA CIENCIAS NATURALES TECNOLOGÍAS BIOMEDICINA Y SALUD MATEMÁTICAS, FÍSICA Y QUÍMICA HUMANIDADES CIENCIAS SOCIALES POLÍTICA CIENTÍFICA INNOVACIÓN

NOTICIAS REPORTAJES ENTREVISTAS MULTIMEDIA AGENDA ESPECIALES OPINIÓN ALERTAS EMBARGOS INVESTIGADORES

SEARCH BAR: BÚSCAR [icon]
Búsqueda avanzada

BIOMEDICINA Y SALUD: Otras especialidades médicas

Roderic Guigó, líder del grupo de análisis de ARN del Centro de Regulación Genómica
“El concepto de gen debe redefinirse”



0 Like 7 Tweet 0

El proyecto ENCODE tiene como objetivo identificar las regiones del genoma humano que tienen funcionalidad. La segunda fase, con la participación de 442 científicos en 32 laboratorios en el Reino Unido, Estados Unidos, España, Singapur, Japón y Suiza ha llegado a su fin con la publicación simultánea de 30 artículos en las revistas Nature, Genome Research y Genome Biology. Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) ha participado en este consorcio desde su inicio.

Agustín López Martínez | 23 octubre 2012 12:01

FOTOGRAFÍAS

¿Cuáles han sido los objetivos de esta fase de ENCODE?

ENCODE comenzó cuando terminó la secuenciación del genoma humano en el año 2002. Hasta 2007 se analizó el 1% del genoma humano para identificar las tecnologías más útiles para investigar el genoma humano completo. En 2008 comenzó la segunda fase donde se han cartografiado los lugares que tienen un significado especial.

¿Qué se ha encontrado?

Hemos visto que partes del genoma que considerábamos ADN basura, sin utilidad, son en realidad muy importantes. Identificamos en estas secuencias unos 4 millones de interruptores de genes, es decir, de regiones reguladoras, que determinan si un gen debe estar activo o no. También hemos encontrado sorpresas en el proceso de transcripción que va desde el ADN hasta el ARN. Se pensaba que esta actividad iba dirigida a fabricar proteínas según la información del ARN mensajero. Descubrimos que hay una gran actividad transcripcional que no va dirigida a la fabricación de proteínas y que las moléculas de ARN son muy abundantes y diversas.

¿Qué repercusión pueden tener estos hallazgos?

El ARN es muy importante porque es el primer fenotipo de la célula, significa la manifestación fisiológica del genoma. La interpretación de las instrucciones del genoma empieza por la transcripción del ADN del genoma, el genotipo, al ARN, ya que sólo las partes que pasan a ARN tienen algún impacto posterior. Entender mejor cómo se produce este proceso nos ayudará a comprender cómo es la relación entre el genotipo y el fenotipo.

Datos que están abiertos a todos...

Uno de los objetivos de ENCODE es producir datos que sean públicos. Nosotros hemos generado y analizado más de 15 terabits de datos en bruto, empleando cerca de 300 años en tiempo de computación, que son públicos desde hace meses. Normalmente entre que obtienes los datos y publicas un artículo se tarda tiempo. Esto perjudica a la ciencia, especialmente en el caso de proyectos con financiación pública, en los que debe producir el máximo retorno a la sociedad.

¿Cómo ha cambiado nuestra visión del genoma?

Teníamos una visión muy ingenua. Ahora vemos que hay una actividad transcripcional brutal, que el ADN se transcribe de muchas maneras y que la célula en sí misma es un universo donde no es igual el ARN del núcleo, del citoplasma o del ribosoma. Antes pensábamos que un gen daba lugar a una proteína y estaba muy bien definido en el genoma. Ahora cuando hablamos de un gen, hablamos de una población de transcritos (ARN mensajeros) más o menos asociados a una localización en el genoma, y que contribuye a un fenotipo común. Pero encontramos casos de transcritos originados en la misma localización genómica que contribuyen a fenotipos diferentes y que, por tanto, deberían ser considerados genes diferentes, y viceversa, transcritos en lugares muy distantes del genoma que contribuyen al mismo fenotipo (proteína), y que quizá deberíamos considerar parte del mismo gen.

Esto parece un cambio muy importante...

Vamos hacia una visión donde el concepto actual de gen es en cierto sentido un poco vago. Por otro lado, también hay una serie de datos muy sólidos que hacen que sea un concepto muy útil. Por ejemplo, cuando tienes una mutación en un determinado gen, sabemos que se produce una enfermedad. Por tanto, no es que el concepto de gen desaparezca del todo, pero sí que hay que redefinirlo un poco y es menos sólido y robusto de lo que pensábamos.



Roderic Guigó (CRG). Foto: PRBB

LO ÚLTIMO

Distiguir rostros es posible gracias a la actividad de dos haces nerviosos

El cerebro humano cuenta con dos grupos nerviosos en el lóbulo temporal que son críticos en el reconocimiento facial. Es el resultado de una investigación que publica esta semana la revista Journal of Neuroscience y que puede ayudar a comprender mejor por qué unas personas recuerdan las caras mej...

Dos grupos nerviosos en el lóbulo temporal son críticos en el reconocimiento facial

El cerebro humano cuenta con dos grupos nerviosos en el lóbulo temporal que son críticos en el reconocimiento facial. Es el resultado de una investigación que publica esta semana la revista Journal of Neuroscience y que puede ayudar a comprender mejor por qué unas personas recuerdan las...

Se demuestran las diferencias genéticas entre los tres subtipos de ictus isquémico

La revista The Lancet Neurology ha publicado hoy el mayor estudio genético sobre el ictus, en el que han participado investigadores del Instituto de Investigación Vall d'Hebrón. Este trabajo abre nuevas vías de tratamiento específicas y selectivas para tratar las causas del ictus y no sus consec...

“El pronóstico de un paciente con cáncer depende del primer médico que le vea”

El segundo Simposio Nacional de la Sociedad Española de Oncología Médica, que inaugura esta tarde la ministra de Sanidad, Ana Mato, repasará los temas que más preocupan a los oncólogos. En palabras de su presidente, Juan Jesús Cruz, los aspectos principales son la equidad al acceso de fármacos, l...

Móviles y robots 'vigilan' a los mayores para ofrecerles asistencia rápida en caso de caída

Informáticos sevillanos han diseñado una aplicación para dispositivos Android que controla la actividad física de las personas mayores. Esto permite detectar si el usuario ha sufrido una caída y avisar a un familiar mediante una llamada telefónica

Michael J. Fox financia una investigación sobre parkinson de la Universidad de Sevilla

La Fundación Michael J. Fox ha anunciado la financiación de un proyecto de investigación sobre el papel de la enzima Caspasa-8 en el control de la activación de la respuesta inflamatoria en el cerebro en modelos animales de la enfermedad de parkinson. Este proyecto está dirigido por los doctores...

Control 'on line' para determinar el color y los azúcares de las sandías

La empresa NIR Soluciones del Parque Científico Tecnológico de Córdoba ha

Localización: España

Fuente: El-lipse (Parque de Investigación Biomédica de Barcelona)

Comentar

QUEREMOS SABER TU OPINIÓN

Nombre *

Email *

Comentario *

Acepto las [normas de uso](#)

Captcha *



ENVIAR

desarrollado un sistema de control online, que utiliza la espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS), para la determinación del color interno y el nivel de azúcares en sandías, sin dañar el fruto.

La Universidad de Barcelona acogerá la Bullipedia

La Universidad de Barcelona y Ferran Adrià, promotor de El Bulli Foundation, han firmado un convenio de colaboración en el marco del proyecto Bullipedia, una iniciativa pionera en el mundo que quiere ser un referente en la información y documentación relacionada con la alimentación y la gastronom...

Neumáticos más ecológicos y silenciosos

Investigadores de la Universidad Miguel Hernández de Elche han demostrado que con nuevos materiales y modificaciones del proceso de producción de los neumáticos, se puede ahorrar combustible y reducir el ruido que generan los vehículos. Entre los avances introducidos, figuran nuevos dibujos en la...

“El concepto de gen debe redefinirse”

El proyecto ENCODE tiene como objetivo identificar las regiones del genoma humano que tienen funcionalidad. La segunda fase, con la participación de 442 científicos en 32 laboratorios en el Reino Unido, Estados Unidos, España, Singapur, Japón y Suiza ha llegado a su fin con la publicación simultá...