El Confidencial

La secuenciación rápida del genoma acelera el diagnóstico de la tuberculosis

Q

EFE - 17/07/2013

(Información embargada hasta las 23.00 horas de hoy)

Barcelona, 17 jul (EFE).- La secuenciación rápida del genoma completo reduce de semanas a días el tiempo necesario para diagnosticar la tuberculosis extremadamente resistente (XDR), según un estudio en el que han participado el entro Nacional de Análisis Genómica (CNAG) y el Centro de Regulación Genómica (CRG).

El estudio, que publica hoy en la revista "The New England Journal of Medicine", aporta un hallazgo que podría guiar a los médicos y los laboratorios de referencia en la identificación de la tuberculosis resistente a los medicamentos, han informado los dos centros de investigación en un comunicado.

El estudio, dirigido por investigadores de la University of Cambridge y Public Health England y en el que ha participado el investigador del CNAG y del CRG Marc A. Marti-Renom, comenzó cuando un paciente varón de 38 años ingresó en un hospital con síntomas que apuntaban a una tuberculosis pulmonar.

Se llevaron a cabo los análisis de laboratorio habituales para la identificación y clasificación del complejo Mycobacterium tuberculosis (agente causante de la mayoría de los casos de tuberculosis).

En paralelo, los médicos extrajeron ADN de la muestra e hicieron una secuenciación rápida del genoma completo, que reveló una infección mixta causada por dos cepas de Beijing alejadas del complejo Mycobacterium tuberculosis que no había sido detectado mediante los análisis de laboratorio estándar.

También identificaron que la segunda cepa, responsable del 30 % de la

1 de 2 18/07/13 13:17

bacteria encontrada en el paciente, tenía una mutación en un gen diana de los antibióticos.

El modelado en 3D de la estructura de la proteína mutada de la cepa, realizado por Marti-Renom, ayudó a entender mejor los mecanismos moleculares que subyacen a la tuberculosis XDR.

El estudio sugiere que la secuenciación rápida del genoma completo complementa los métodos actuales para identificar y clasificar el complejo Mycobacterium tuberculosis y que ofrece la máxima resolución molecular en un entorno hospitalario.

El investigador Marc A. Martí-Renom es jefe del grupo de Genómica Estructural del CRG y licenciado en Biología y doctor en Biofísica por la Universidad Autónoma de Barcelona.

Se formó en el modelaje de la estructura de proteínas en el laboratorio del profesor Andrej Sali en la Rockefeller University de EE. UU. y más tarde fue nombrado profesor adjunto de la University of California en San Francisco, también en los Estados Unidos.

Entre 2006 y 2011, fue jefe del Laboratorio de Genómica Estructural del Centro de Investigación Príncipe Felipe de Valencia (CIPF). EFE

conoce cuántos intereses pagas en una hipoteca de 15, 20 o 30 años

los 27 pisos nuevos con piscina más baratos de españa

2 de 2 18/07/13 13:17

noticias, artículos ...

http://www.teinteresa.es/salud/secuenciacion-reduce-diagnost...

Mira esto: Esquelas | Fotogalerías | Kit Buenos Días | Pregunta al Médico

Me gusta 32 914 Seguir a @T_interesa Entrar

Registrarse

Buscar

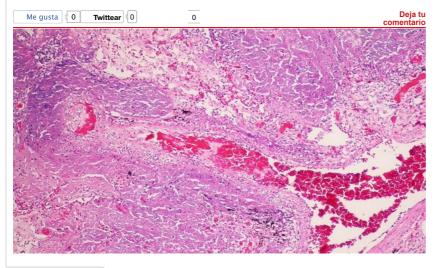
Salud

Portada	España	Mundo	Política	Dinero	Deportes	El Tiem	Salud	Sucesos	Tierra	Ciencia	Educa	Empleo	Motor	Teci
Ocio														
Gente	Tele	Música	Cine	Cult	ura Inc	reíble	Moda	Belleza	Players	Fam	ilia F	Religión	Local	
Y Adem	nás			-										

La secuenciación rápida del genoma reduce a días el diagnóstico de la tuberculosis resistente

Hace 2 horas - EUROPA PRESS, BARCELONA

La secuenciación rápida del genoma completo en un entorno hospitalario reduce de semanas a días el tiempo necesario para diagnosticar la tuberculosis extremadamente resistente (XDR), según un estudio realizado por la Universidad de Cambridge y el Public Health England, en el que también han colaborado el Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Centro Nacional de Análisis Genómico (Cnag).



ÚLTIMA HORA

Los olvidos leves de memoria podrían ser indicadores de la aparición de la enfermedad del Alzheimer en el futuro

Roche lanza una nueva prueba de ProGRP para un diagnóstico más preciso del cáncer de pulmón

Hasta un 80% de mujeres con cáncer de mama recibe atención psicológica durante y después de la enfermedad

Echaniz destaca la necesidad de potenciar las sinergias entre Administraciones y la industria de tecnología sanitaria El trabajo, que se publica en la revista 'The New England Journal of Medicine', puede ayudar a mejorar el diagnóstico de la tuberculosis resistente a los medicamentos, y ha sido posible por el estudio de un paciente de 38 años que ingresó en un hospital inglés con características clínicas y radiológicas que apuntan a una tuberculosis pulmonar, ha indicado el CRG en un comunicado.

El hombre, tras realizarle las preceptivas pruebas, fue sometido a un análisis de ADN y se obtuvo la secuenciación completa de su genoma, lo que permitió comprobar que en realidad la infección estaba causada por dos cepas alejadas del clásico 'Mycobacterium tuberculosis' que no habían sido detectadas en un principio.

Además, los investigadores comprobaron que el hombre tenía una mutación en un gen diana de los antibióticos, por lo que concluyen que la secuenciación rápida del genoma complementa los métodos de detección tradicionales y permite clasificar adecuadamente la cepa de tuberculosis en cada caso.

El CRG y el Cnag ha colaborado en este estudio a través del jefe de grupo de Biología Genómica, Marc Marti-Renom, quien ha modelado en tres dimensiones la estructura de la proteína responsables de la resistencia a los antibióticos.

AL MINUTO DE RIGHT COLUMN

12:06 El Manchester City y la Roma hacen oficial la marcha de Maicon al club italiano

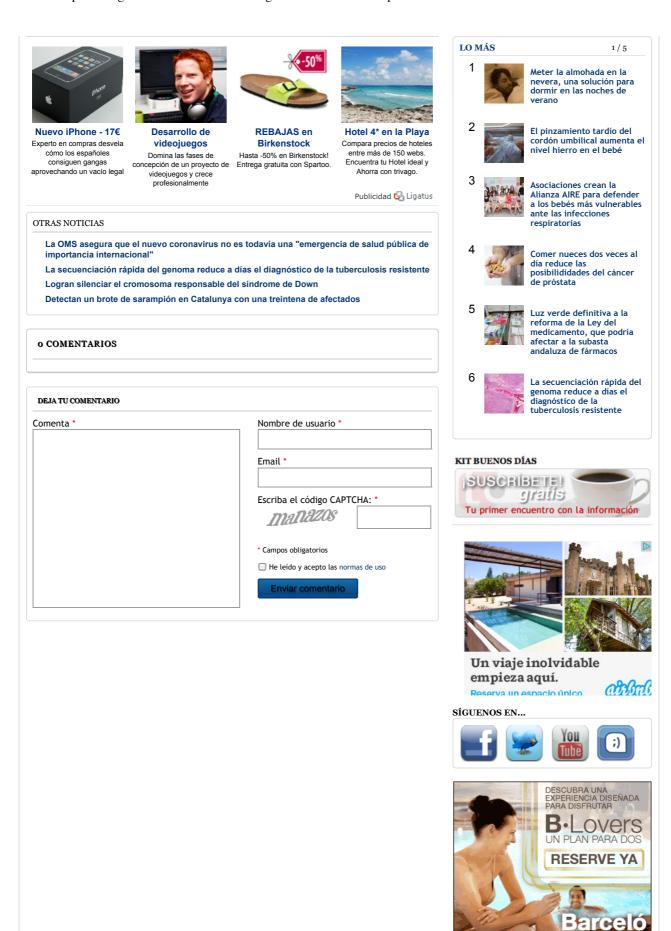
12:06 Cantabria, segunda ccca en la que más cae el precio del alquiler de viviendas en el segundo trimestre, un 8,4%

12:06 Cantabria, segunda ccca en la que más cae el precio del alquiler de viviendas en el segundo trimestre, un 8.4%

Me gusta 0 Twittear 0 0 Deja to comentario

1 de 3 18/07/13 12:10

HOTELS & RESORTS



2 de 3





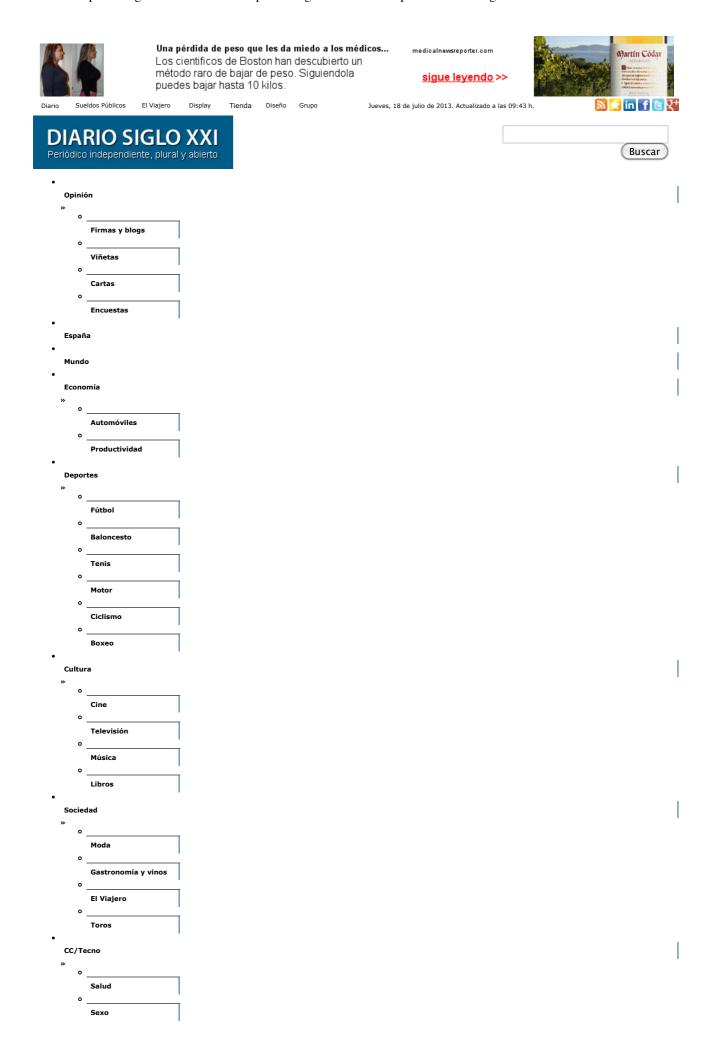


Portada	España	Mundo	Política	Dinero	Deportes	El Tien	npo Salu	Sucesos	Tierra	Ciencia	Educa	Empleo	Motor	Те
Ocio														
Gente	Tele	Música	Cine	Cult	ura In	reíble	Moda	Belleza	Players	Fam	ilia I	Religión	Local	
Y Adem	iás		_											

Mira esto: Esquelas | Fotogalerías | Kit Buenos Días | Pregunta al Médico

Teinteresa.esServiciosSiguenos en...LegalDeclaración de intencionesEl TiempoFacebookAviso LegalQuiénes somosSorteosTuentiTwitter
YoutubeToutube

3 de 3



1 de 3 18/07/13 12:06



Sociedad

La secuenciación rápida del genoma reduce el tiempo de diagnóstico de la tuberculosis extremadamente resistente

Agencias	Tweet 0	Me gusta 0	0		
@DiarioSigloXXI Miércoles, 17 de julio de 2013, 23:00	I	Comentar			

- Según un trabajo publicado en 'The New England Journal of Medicine'

MADRID, 17 (SERVIMEDIA)

Un estudio dirigido por investigadores de la University of Cambridge y Public Health England revela el potencial de la secuenciación rápida del genoma completo en un entorno hospitalario para reducir "de semanas a días" el tiempo necesario para diagnosticar la tuberculosis extremadamente resistente (XDR).

El trabajo, publicado como una 'Letter to the Editor' en la revista 'The New England Journal of Medicine', reporta un hallazgo que podría guiar a médicos y laboratorios de referencia en la identificación de la tuberculosis resistente a los medicamentos.

Y es que, el estudio sugiere que la secuenciación rápida del genoma completo complementa los métodos actuales para identificar y clasificar el complejo Mycobacterium tuberculosis (agente causante de la mayoría de los casos de tuberculosis).

El trabajo ha contado con la participación de Marc A. Marti-Renom, investigador del Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG) y del Centro de Regulación Genómica (CRG), que ha modelado en 3D la estructura de la proteína responsable de la resistencia a los antibióticos.

medicalnewsreporter.com



Una pérdida de peso que les da miedo a los médicos...

Los científicos de Boston han descubierto un método raro de bajar de peso. Siguiendola puedes bajar hasta 10 kilos.

sigue leyendo >>

medicalnewsreporter.com



Una pérdida de peso que les da miedo a los médicos...

Los cientificos de Boston han descubierto un método raro de bajar de peso. Siguiendola puedes bajar hasta 10 kilos.

sigue leyendo >>

Vídeos de actualidad



FRANCISCO EN BRASIL: ROUCO CELEBRA MISA EN SAO PAULO

zoom.in

2 de 3 18/07/13 12:06





Quiénes somos | Qué somos | Contacto | Aviso Legal | Creative Commons |

CONFIANZA I 🔊 🔀

Cursos · Máster

Naranjasaldia.com

© Diario SIGLO XXI - Diario digital independiente, plural y abierto | Director: Guillermo Peris Peris

bigpress

3 de 3



• Lo último

Lo utdine
 Lo más

• Temas

• <u>Tiempo</u>

• Microsiervos

• Practicopedia

enfermedades víricas

La secuenciación rápida del genoma reduce a días el diagnóstico de la tuberculosis resistente

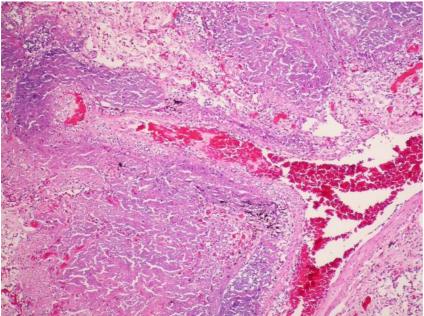
1 de 13 18/07/13 12:11

lainformacion.com

jueves, 18/07/13 - 09:18

0.1

La secuenciación rápida del genoma completo en un entorno hospitalario reduce de semanas a días el tiempo necesario para diagnosticar la tuberculosis extremadamente resistente (XDR), según un estudio realizado por la Universidad de Cambridge y el Public Health England, en el que también han colaborado el Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Centro Nacional de Análisis Genómico (Cnag).



La secuenciación rápida del genoma reduce a días el diagnóstico de la tuberculosis resistente Temas

- Barcelona
- Ciencias naturales
- Enfermedades víricas
- Genética
- Medicamentos

BARCELONA, 18 (EUROPA PRESS)

La secuenciación rápida del genoma completo en un entorno hospitalario reduce de semanas a días el tiempo necesario para diagnosticar la tuberculosis extremadamente resistente (XDR), según un estudio realizado por la Universidad de Cambridge y el Public Health England, en el que también han colaborado el Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Centro Nacional de Análisis Genómico (Cnag).

El trabajo, que se publica en la revista 'The New England Journal of Medicine', puede ayudar a mejorar el diagnóstico de la tuberculosis resistente a los medicamentos, y ha sido posible por el estudio de un paciente de 38 años que ingresó en un hospital inglés con características clínicas y radiológicas que apuntan a una tuberculosis pulmonar, ha indicado el CRG en un comunicado.

El hombre, tras realizarle las preceptivas pruebas, fue sometido a un análisis de ADN y se obtuvo la secuenciación completa de su genoma, lo que permitió comprobar que en realidad la infección estaba causada por dos cepas alejadas del clásico 'Mycobacterium tuberculosis' que no habían sido detectadas en un principio.

Además, los investigadores comprobaron que el hombre tenía una mutación en un gen diana de los antibióticos, por lo que concluyen que la secuenciación rápida del genoma complementa los métodos de detección tradicionales y permite clasificar adecuadamente la cepa de tuberculosis en cada caso.

El CRG y el Cnag ha colaborado en este estudio a través del jefe de grupo de Biología Genómica, Marc Marti-Renom, quien ha modelado en tres dimensiones la estructura de la proteína responsables de la resistencia a los antibióticos.

(EuropaPress)

- •
- •
- 2 Twittear

0

0 <u>Recomendar en Facebook</u> 0<u>meneame</u>

2 de 13 18/07/13 12:11

Te recomendamos



dulce que daría lo que una sofocante noche fuera por llegar a ser de calor una "Bunhead", pero el físico no le acompaña (Foxtv.es)



Boo es una chica muy Cómo dormir bien en



En ¡HOLA!: La felicidad de Sara e Iker en Seychelles tras Def se somete al conocer que esperan su primer hijo (Hola.com)



Lágrimas y gritos de dolor: el rapero Mos proceso de alimentación forzosa que sufren los reos de Guantánamo



La broma más cruel nunca montada por un novio para levantar de un susto a su pareja

recomendado por



Ofertas Depilación Láser

Aprovecha las ofertas! Piernas enteras 79€ y por 1€ más 5 sesiones de ingles o axilas



Este verano olvida tus gafas y lentillas Primera consulta Gratis www.clinicabaviera.com



can

- Notificar Error
- Enviar
- Leer más tarde



Plug-in social de Facebool



Hotel 4* en la Playa

Compara precios de hoteles entre más de 150 webs, encuentra tu hotel ideal y ahorra.





Diseñador de páginas web

Sácale partido a las mejores herramientas de diseño web y programación ww.deustoformacion.com



Correduría Segurauto

Compara, analiza y llévate el mejor seguro de coche¡Calcula tu presupuesto o llama gratis!

Hace 28 minutos

• Condenan al SERMAS a pagar con 130.000 euros a una paciente que sufrió incapacidad para trabajar tras una intervención

• Satse denunciará a todos los centros sanitarios de CyL que incumplan las ratio mínimas de **enfermeros**

Hace 31 minutos

• Roche lanza una nueva prueba de ProGRP para un diagnóstico más preciso del cáncer de <u>pulmón</u>

Hace 32 minutos

• Madrid. Una campaña de prevención alerta a los turistas sobre los riesgos de los masajistas <u>callejeros</u>

Hace 31 minutos



3 de 13 18/07/13 12:11