

Cataluña
EN BARCELONA

Científicos internacionales compiten para encontrar el mejor método de secuenciación genómica

Directorio

- [genoma](#)
- [Estados Unidos](#)
- [Investigaciones Científicas](#)
- [investigadores principales](#)



Foto: EUROPA PRESS

BARCELONA, 5 Abr. (EUROPA PRESS) -

Una cincuentena de científicos de todo el mundo compiten desde este martes hasta el 7 de abril en Barcelona para encontrar el mejor método computacional de secuenciación genómica, una experiencia pionera que pretende hacer avanzar las técnicas de experimentación.

En rueda de prensa, la directora general de Biocat, Montserrat Vendrell, ha explicado que estos investigadores catalanes, alemanes, rusos, ingleses, canadienses y chinos trabajarán en el modelo científico de "prueba y error" para demostrar qué modelos matemáticos son más eficientes --en coste y en tiempo-- para descifrar el genoma humano, ya que se trata de un proceso muy costoso.

Para ello, la organización --el Centre de Regulació Genòmica (CRG), el Centro Nacional de Análisis Genómico (Cnag), Biocat y la Obra Social La Caixa---- dispusieron en noviembre secuencias de 100 letras y con tres meses de tiempo, y los 20 grupos de investigadores --diez de secuenciación del ADN y diez del RNA-- han combinado diversos métodos, que estos días serán probados.

"No es lo mismo una solución de un millón de euros que otra de 500.000 euros", ha explicado el director del Cnag, Ivo Gut, quien ha insistido en que el hallazgo repercutirá en la mejora de la calidad de vida de los ciudadanos.

La secuenciación del primer genoma costó 3.000 millones de dólares y diez años de tiempo, y según avancen las investigaciones, en cinco años será posible individualizar el genoma de cada persona, según el coordinador del programa de Bioinformática y Genómica del CRG, Roderic Guigó.

Un genoma tiene 23 cromosomas --que contienen cada uno entre 250.000 millones de letras el genoma uno y 30 millones de letras el 22-- , que deben ser partidos en trozos de 100 letras para poder ser analizados, y posteriormente reconstruidos, por lo que cada uno debe secuenciarse unas 70 veces para saber los puntos de empalme y su orden, como un "puzzle".

Actualmente, no existe ninguna máquina capaz de secuenciar un genoma entero, sino que la tecnología permite analizar pequeños fragmentos, afrontando diversos problemas.

El Cnag tiene la capacidad de analizar dos genomas humanos en 24 horas, frente al Centro de Genómica de Beijing (China) que multiplica por diez esta capacidad, alcanzando el análisis de 300 genomas diarios.

No obstante, el Cnag se sitúa en segunda posición en el ranking de los mejores centros de Europa, y además cuenta con una conexión permanente con el Centro de Supercomputación MareNostrum, que analiza los datos de forma permanente.

Gut ha destacado que es necesario que los ordenadores incrementen su potencial y rapidez para alcanzar velocidades de secuenciación como la china, lo que hará avanzar la biología, la medicina, la agricultura y todas las disciplinas que precisan conocer a fondo la estructura del material vivo.

20 CÉNTIMOS AL AÑO

El Cnag tiene un presupuesto de 10 millones de euros anuales, lo que supone una inversión de 20 céntimos de euro por cada español en la investigación de la secuenciación genómica.

"Es una pequeña aportación para una beneficio tan grande, por lo que podría aumentarse", ha dicho Gut, remarcando que además de la inversión, es importante saber repartir los recursos entre las redes que ponen en contacto médicos con pacientes e investigadores.

Vendrell ha destacado que el avance en la secuenciación genómica permitirá identificar grupos de población vulnerables y afinar en los tratamientos sanitarios, lo que repercutirá positivamente en la salud de las personas y en las arcas del sistema de salud.

© 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.