

Cincuenta bioinformáticos debaten cómo ordenar las secuencias del genoma humano

05-04-2011 / 16:10 h

Barcelona, 5 abr (EFE).- Medio centenar de científicos debaten cuál es el mejor método para ordenar y analizar las secuencias del genoma humano, una cuestión que se ha convertido en uno de los retos de la genómica, según Roderic Guigó, coordinador del programa de Bioinformática y Genómica del Centro de Regulación Genómica.

Los asistentes, de diez centros de investigación de España, Gran Bretaña, Italia, Rusia, Francia, Alemania, Canadá y China, y seleccionados por ser los que han aportado a priori soluciones más interesantes, participan en una competición científica que abre el camino a una nueva forma de generar ideas innovadoras sobre cuál es el mejor método para analizar las secuencias del genoma.

Guigó ha explicado en rueda de prensa que la secuenciación del genoma, conjunto de instrucciones que determinan las características de los seres vivos, como el color de los ojos o de la piel, o la altura, ya no es un problema, pero la dificultad está en buscar un método para ordenar la información y poder leer lo que hay en ella.

Para buscar las mejores soluciones, a los grupos reunidos en Barcelona se les dieron unas secuencias de ADN para ver cómo las ordenaban, y si el método que utilizaban era apto para unirlos de forma lógica y reconstruir la secuencia completa del genoma.

Guigó ha remarcado que la intersección entre la genómica y la bioinformática marcará el futuro de la ciencia y que cuando se logre llegar a este punto se producirá uno de los cambios más importantes en el campo del conocimiento científico del siglo XXI.

En este sentido, ha puntualizado que en este encuentro se están evaluando ahora los métodos computacionales que han diseñado los grupos para secuenciar el RNA, que es el paso intermedio entre el ADN y las proteínas, y por tanto un marcador del estado celular.

Todas las células de una persona tienen el mismo genoma, pero las células de la piel o del músculo se expresan de forma distinta y el resultado de esta expresión es lo que se llama RNA, y por eso constituyen un marcador del proceso celular.

Guigó ha insistido en que para saber cuál es el estado celular se secuencia el RNA, porque sólo el ADN no nos dice nada ya que siempre es el mismo.

Ha recordado que actualmente ya hay máquinas para secuenciar dos genomas en 24 horas, e incluso en China ya se pueden hacer 30 cada día, pero ha vaticinado que dentro de cinco años los análisis de sangre se cambiarán por secuenciaciones del RNA.

Un genoma humano tiene 23 pares de cromosomas, y en total unos 3.000 millones de letras, pero cada uno de ellos varía en longitud, y puede tener desde 250 millones de letras, como el caso del primero, hasta 30 millones como el número 22.

Ivo Gut, director del Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG) ha explicado que las máquinas no dan siempre secuencias correctas y que se producen errores porque existe una variabilidad, pequeña, al estar cada cromosoma representado dos veces, por la madre y el padre, y que los matices de estas diferencias dificultan el análisis.

Gut ha apuntado que en un futuro se necesitará conocer todo el genoma, y que en este conocimiento estará la base de la medicina porque permitirá personalizar los tratamientos.

Para este científico lo que también es muy importante son los recursos, tanto desde el punto de vista de muestras biológicas para investigar, como los puramente económicos.

El CNAG tiene un presupuesto de 10 millones de euros anuales, unos recursos pequeños, ha señalado, si se comparan con los beneficios que estas investigaciones tendrán para la población, y especialmente si se comparan con lo que cuesta hacer un kilómetro de autopista, que es más que lo que se dedica en un año a este centro investigador. EFE

0

Por comunidades

[Andalucía](#)

[Aragón](#)

[Balears](#)

[Cantabria](#)

[Castilla La Mancha](#)

[Castilla y León](#)

[Cataluña](#)

[Ceuta](#)