

Noticia nº170.721**Por: Ministerio de Ciencia e Innovación**

El trabajo de investigación, que hace público la revista Nature Genetics, ha estudiado el genoma de cien pacientes con leucemia e ha identificado más de mil nuevos genes mutados en el desarrollo de esta enfermedad

Nuevos resultados del Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia

Este estudio supone un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica

[/noticias.info/](#) Un colectivo español de investigadores ha abierto nuevas vías en la investigación sobre el cáncer al secuenciar la parte codificante de los genomas de más de cien pacientes así como de sus tumores.

Este estudio, hecho público por la revista Nature Genetics, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic- IDIBAPS y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y ha contado con la participación de 40 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Esta organización se enmarca a su vez dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer.

Ambos investigadores han presentado hoy los resultados del trabajo en la sede principal del Ministerio de Ciencia e Innovación, en Madrid, junto a la ministra Cristina Garmendia, quien ha confiado en que este trabajo redunde, en último término, en beneficios para los pacientes, a través de nuevas estrategias de prevención, de mejores métodos de diagnóstico y de tratamientos más eficaces.

De acuerdo con datos de la OCDE, España es el segundo país a nivel mundial, tras Estados Unidos, que mayor proporción de sus presupuestos públicos dedica a la financiación de las ciencias biomédicas, en relación con su Producto Interior Bruto. En este sentido, Garmendia ha recordado además los datos del INE conocidos recientemente, que mostraban cómo España aumentó en 2010 por décimo año consecutivo su inversión en I+D respecto al PIB y que, también en 2010, España superó por primera vez la media europea en número de investigadores por habitante.

Claves del estudio

“La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país”, ha comentado Elías Campo. “Nuestro anterior trabajo proporcionó las primeras claves sobre las mutaciones que provocan la proliferación

incontrolada de los linfocitos B en estos pacientes, pero dado que los mecanismos que generan los tumores son muy diversos es necesario secuenciar los genomas tumorales de muchos pacientes”.

Aunque se sabe que el cáncer es una enfermedad que se produce por la acumulación de daños genéticos en las células normales, hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso muy lento y laborioso. En este trabajo, los investigadores, utilizando las nuevas tecnologías de secuenciación, han simplificado este proceso al centrarse en el exoma, compuesto por las partes del genoma que contienen las regiones codificantes de los genes.

De esta forma, se pueden estudiar las posiciones más relevantes secuenciando apenas un 2% de los 3.000 millones de nucleótidos que componen un genoma completo. Las mutaciones específicas del tumor se pueden detectar tras comparar la secuencia del exoma de las células tumorales de los pacientes con la secuencia correspondiente a las células sanas del mismo individuo.

“Esta aproximación nos ha permitido identificar las mutaciones que se producen más frecuentemente durante el desarrollo de esta leucemia” ha añadido López-Otín. “El análisis conjunto de los más de mil genes mutados en las células tumorales de los 105 pacientes estudiados ha revelado la participación de nuevas rutas bioquímicas que pueden ser muy relevantes en la búsqueda de alternativas terapéuticas para esta forma de leucemia”, ha concluido.

Campo y López-Otín han señalado que “de especial interés en este sentido ha resultado el hallazgo de mutaciones recurrentes en el gen denominado SF3B1, implicado en la maduración de los ARN mensajeros, un proceso esencial en la vida de las células”.

Consortio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica (CLL Genome, www.clgenome.es) está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del Instituto de Salud Carlos III, con 10 millones de euros de financiación directa y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC, www.icgc.org).

El ICGC se puso en marcha a finales de 2008 con la participación de nueve equipos internacionales de investigación, entre ellos, el Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Hace un año, la revista Nature publicó el artículo fundacional del ICGC en el que se destacaba la potencial relevancia de los resultados de este proyecto para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, ya que el consorcio planea coordinar a escala global la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los 50 cánceres más frecuentes.

El pasado 7 de julio, Nature también publicó los avances de los participantes españoles en el ICGC, basados en el análisis de los cuatro primeros genomas completos de pacientes con leucemia linfática crónica. El trabajo que publicó ayer la misma revista confirma la utilidad de los métodos más rápidos de obtención de datos genómicos y representa un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio español para el estudio de la leucemia linfática crónica.

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está formado por

más de una docena de instituciones, entre las que se incluyen el Hospital Clínic de Barcelona, la Universidad de Barcelona, el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo (IUOPA), **el Centre de Regulació Genòmica de Barcelona**, la Fundació Institut d'Investigació Biomèdica de Bellvitge/Institut Català d'Oncologia, la Fundación de Investigación del Cáncer/Centro Investigación Cáncer de Salamanca, el Hospital Universitario Central de Asturias de Oviedo, el Hospital Clínico de Valencia, el Hospital Marqués de Valdecilla de Santander, el Banco Nacional de DNA, el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, la Universidad de Deusto, la Universidad de Santiago de Compostela, el Barcelona Supercomputing Center, el Centro Nacional de Análisis Genómico y el Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (IDIBAPS).

Fuente: <http://www.noticias.info/2011-12-12/news-170721-source-2-nuevos-resultados-del-consorcio-espanol-para-el-estudio-del-genoma-de-la-leucemia>



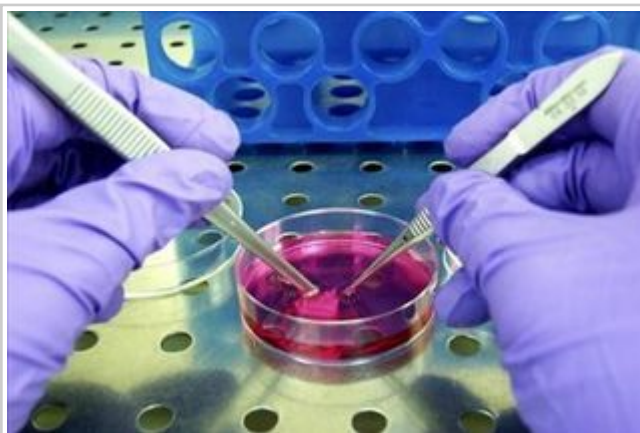
Noticias > España

Nuevos resultados del Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia

“La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país”, ha comentado Elías Campo

Fuente: Ministerio de Presidencia – Lunes, 12 de diciembre de 2011

OBSERVACIÓN: La Información ofrecida a continuación ha sido obtenida mediante un sistema de búsqueda en Internet a petición del usuario. Su titularidad corresponde a la Web de origen ([Fuente](#)) salvo lo dispuesto en la misma. [Ver Aviso Legal](#).



Centros de investigación. Foto: EFE.

Un colectivo español de investigadores ha abierto nuevas vías en la investigación sobre el cáncer al secuenciar la parte codificante de los genomas de más de cien pacientes así como de sus tumores. Este trabajo supone un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica.

El estudio, hecho público por la revista Nature Genetics, está dirigido por los investigadores [Elías Campo](#)¹, del Hospital Clínic- IDIBAPS y la [Universidad de Barcelona](#)², y [Carlos López-Otín](#)³, de la [Universidad de Oviedo](#)⁴, y ha contado con la participación de 40 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Esta organización se enmarca a su vez dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer.

Ambos investigadores han presentado este lunes los resultados del trabajo en la sede principal del [Ministerio de Ciencia e Innovación](#)⁵, en Madrid, junto a la ministra [Cristina Garmendia](#)⁶, quien ha confiado en que este trabajo redunde, en último término, en beneficios para los pacientes, a través de nuevas estrategias de prevención, de mejores métodos de

diagnóstico y de tratamientos más eficaces.

De acuerdo con datos de la [OCDE](#)⁷, España es el segundo país a nivel mundial, tras Estados Unidos, que mayor proporción de sus presupuestos públicos dedica a la financiación de las ciencias biomédicas, en relación con su Producto Interior Bruto. En este sentido, Garmendia ha recordado además los datos del INE conocidos recientemente, que mostraban cómo España aumentó en 2010 por décimo año consecutivo su inversión en I+D respecto al PIB y que, también en 2010, España superó por primera vez la media europea en número de investigadores por habitante.

Claves del estudio

“La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país”, ha comentado Elías Campo. “Nuestro anterior trabajo proporcionó las primeras claves sobre las mutaciones que provocan la proliferación incontrolada de los linfocitos B en estos pacientes, pero dado que los mecanismos que generan los tumores son muy diversos es necesario secuenciar los genomas tumorales de muchos pacientes”.

Aunque se sabe que el cáncer es una enfermedad que se produce por la acumulación de daños genéticos en las células normales, hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso muy lento y laborioso. En este trabajo, los investigadores, utilizando las nuevas tecnologías de secuenciación, han simplificado este proceso al centrarse en el exoma, compuesto por las partes del genoma que contienen las regiones codificantes de los genes.

De esta forma, se pueden estudiar las posiciones más relevantes secuenciando apenas un 2% de los 3.000 millones de nucleótidos que componen un genoma completo. Las mutaciones específicas del tumor se pueden detectar tras comparar la secuencia del exoma de las células tumorales de los pacientes con la secuencia correspondiente a las células sanas del mismo individuo.

“Esta aproximación nos ha permitido identificar las mutaciones que se producen más frecuentemente durante el desarrollo de esta leucemia” ha añadido López-Otín. “El análisis conjunto de los más de mil genes mutados en las células tumorales de los 105 pacientes estudiados ha revelado la participación de nuevas rutas bioquímicas que pueden ser muy relevantes en la búsqueda de alternativas terapéuticas para esta forma de leucemia”, ha concluido.

Campo y López-Otín han señalado que “de especial interés en este sentido ha resultado el hallazgo de mutaciones recurrentes en el gen denominado SF3B1, implicado en la maduración de los ARN mensajeros, un proceso esencial en la vida de las células”.

Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica (CLL Genome, www.clgenome.es⁸) está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del [Instituto de Salud Carlos](#)⁹ III, con 10 millones de euros de financiación directa y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC, www.icgc.org¹⁰).

El ICGC se puso en marcha a finales de 2008 con la participación de nueve equipos internacionales de investigación, entre ellos, el Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Hace un año, la revista Nature publicó el artículo fundacional del ICGC en el que se destacaba la potencial relevancia de los resultados de este proyecto para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, ya que el consorcio planea coordinar a escala global la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los 50 cánceres más frecuentes.

El pasado 7 de julio, Nature también publicó los avances de los participantes españoles en el ICGC, basados en el análisis de los cuatro primeros genomas completos de pacientes con leucemia linfática crónica. El trabajo que publicó ayer la misma revista confirma la utilidad de los métodos más rápidos de obtención de datos genómicos y representa un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio español para el estudio de la leucemia linfática crónica.

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está formado por más de una docena de instituciones, entre las que se incluyen [el Hospital](#)¹¹ Clínic de Barcelona; la Universidad de Barcelona; el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo; [el Centre de Regulació Genòmica de Barcelona](#); la Fundació Institut d'Investigació Biomèdica de Bellvitge/Institut Català d'Oncologia; la Fundación de Investigación del Cáncer/Centro Investigación Cáncer de Salamanca, Banco Nacional de ADN; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas; la [Universidad de Deusto](#)¹²; la [Universidad de Santiago de Compostela](#)¹³; el Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación; el [Centro Nacional de Análisis Genómico](#)¹⁴ y el Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (IDIBAPS).

Además, López-Otín y Elías Campo han anunciado en la rueda de prensa la incorporación al proyecto de tres nuevas instituciones: el Hospital Universitario Central de Asturias, el [Hospital Clínico de Valencia](#)¹⁵ y el Hospital Marqués de Valdecilla.

Enlaces

Esta página:

- http://www.lacerca.com/noticias/espana/consorcio_estudio_genoma_leucemia-97238-1.html

Enlaces de la noticia:

1. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/el%C3%ADas%20campo>
2. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/universidad%20de%20barcelona>
3. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/carlos%20l%C3%B3pez-ot%C3%ADn>
4. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/universidad%20de%20oviedo>
5. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/ministerio%20de%20ciencia%20e%20innovaci%C3%B3n>
6. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/cristina%20garmendia>
7. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/ocde>
8. <http://www.cllgenome.es/>
9. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/instituto%20de%20salud%20carlos>
10. <http://www.icgc.org/>
11. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/el%20hospital>
12. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/universidad%20de%20deusto>
13. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/universidad%20de%20santiago%20de%20compostela>
14. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/centro%20nacional%20de%20an%C3%A1lisis%20gen%C3%B3mico>
15. <http://www.lacerca.com/etiquetas/1/hospital%20cl%C3%ADnico%20de%20valencia>

Código QR para acceder a esta noticia:



Comentarios



Diseño y programación:

Grupo de Comunicación La Cerca

c/ Tesifonte Gallego, 4 - 1º Dcha.

Apdo. Correos 7014

02080 Albacete (ESPAÑA)

www.lacerca.es - lacerca@lacerca.com

López Otín identifica más de mil genes que mutan en la leucemia linfática

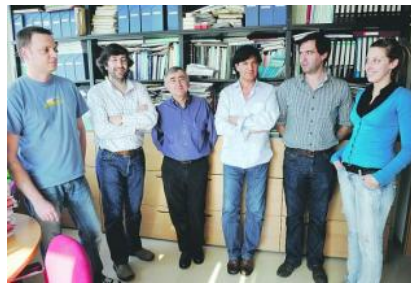
La prestigiosa revista «Nature Genetics» publicó ayer el estudio del catedrático de Oviedo, en la vanguardia de la lucha contra el cáncer

09:42 ★★★★★

Tweet 7 Recomendar 49

Oviedo, J. N.

Un estudio publicado ayer por la prestigiosa revista «Nature Genetics» abre nuevas vías en la investigación sobre el cáncer al secuenciar la parte codificante de los genomas de más de cien pacientes así como de sus tumores. El trabajo, dirigido por el doctor Carlos López Otín, de la Universidad de Oviedo y el doctor Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, ha contado con la participación de cuarenta investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica.



Por la izquierda, Gonzalo Ordóñez, Xosé Suárez Puente, Elías Campo, Carlos López Otín, Víctor Quesada y Diana Puente. nacho orejas

«La leucemia linfática crónica es la más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país», según el doctor Elías Campo. «Nuestro anterior trabajo proporcionó las primeras claves sobre las mutaciones que provocan la proliferación incontrolada de los linfocitos B en estos pacientes; pero dado que los mecanismos que generan los tumores son muy diversos, es necesario secuenciar los genomas tumorales de muchos pacientes».

NOTICIAS RELACIONADAS

* Cien pacientes del HUCA se suman al estudio. Sociedad

Aunque se sabe que el cáncer es una enfermedad que se produce por la acumulación de daños genéticos en las células normales, hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso muy lento y laborioso. En este trabajo, los investigadores, utilizando las nuevas tecnologías de secuenciación disponibles en el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona, han simplificado este proceso al centrarse en el exoma, compuesto por las partes del genoma que contienen las regiones codificantes de los genes. De esta forma, se pueden estudiar las posiciones más relevantes secuenciando apenas un dos por ciento de los 3.000 millones de nucleótidos que componen un genoma completo.

Las mutaciones específicas del tumor se pueden detectar tras comparar la secuencia del exoma de las células tumorales de los pacientes con la secuencia correspondiente a las células sanas del mismo individuo. «Esta aproximación nos ha permitido identificar las mutaciones que se producen más frecuentemente durante el desarrollo de esta leucemia», indica López Otín, así que «el análisis conjunto de los más de mil genes mutados en las células tumorales de los 105 pacientes estudiados ha revelado la participación de nuevas rutas bioquímicas que pueden ser muy relevantes en la búsqueda de alternativas terapéuticas para esta forma de leucemia». Campo y López Otín han señalado asimismo: «De especial interés en este sentido ha resultado el hallazgo de mutaciones recurrentes en el gen denominado SF3B1, implicado en la maduración de los ARN mensajeros, un proceso esencial en la vida de las células».

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación a través del Instituto de Salud Carlos III, y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC). Hace un año, la revista «Nature» publicó el artículo fundacional del ICGC en el que se destacaba la potencial relevancia de los resultados de este proyecto para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, ya que el consorcio planea coordinar a escala global la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los 50 cánceres más frecuentes. El pasado 7 de julio, «Nature» publicó los avances de los participantes españoles en el ICGC, basados en el análisis de los cuatro primeros genomas completos de pacientes con leucemia linfática crónica. El trabajo que ayer publicó «Nature Genetics» confirma la utilidad de los métodos más rápidos de obtención de datos genómicos y representa un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio español para el estudio de la leucemia linfática crónica.

El consorcio español está formado por más de una docena de instituciones como el Hospital Clínic de Barcelona, la Universidad de Barcelona, el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo, el **Centre de Regulació Genòmica de Barcelona**, la Fundació Institut d'Investigació Biomèdica de Bellvitge y la Fundación de Investigación del Cáncer de Salamanca, así como el HUCA, el Hospital Clínic de Valencia, el Hospital Marqués de Valdecilla de Santander, el Banco Nacional de DNA, el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, la Universidad de Deusto, la Universidad de Santiago, el Barcelona Supercomputing Center, el Centro Nacional de Análisis Genómico y el Institut August Pi i Sunyer.

HEMEROTECA

Volver a la Edición Actual

HACE 25 Y 50 AÑOS

La Nueva España

Portadas de La Nueva España

Las portadas de hoy de La Nueva España hace 25 y 50 años

Hace 25 años Hace 50 años

Publicidad

Ligatus



Asegura tu futuro

Contrata plan de pensiones Banco Popular y te bonificamos hasta un 8% del importe traspasado.



¡Juega al Tragaperras!

Juega a las mejores tragaperras y recibe 5.000 Twists de bienvenida en GameTwist.es



Te explicamos Forex

Descubre cómo funciona el trading a través de nuestro pack de formación aratuito. ¡sídelo!



Ciencia, Tecnología, Educación y Libertad

Directorio
Noticias
Artículos
Videos
Blog
Biografías
Imágenes
Exposiciones
Inventos
Libros

Ingenierías

Espaciales

Terrestres

Humanas

Naturales

Médicas

Exactas

Filosóficas


Noticias
Suscribir: 

Noticias | Médicas | Patología

Identifican más de mil genes que mutan en la leucemia linfática



SHARE 

Tamaño: a a a

Publicado: Sábado, 17/12/2011 - 9:24

Un estudio publicado por la prestigiosa revista «Nature Genetics» abre nuevas vías en la investigación sobre el cáncer al secuenciar la parte codificante de los genomas de más de cien pacientes así como de sus tumores.

El trabajo, dirigido por el doctor Carlos López Otín, de la Universidad de Oviedo y el doctor Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, ha contado con la participación de cuarenta investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica.

«La leucemia linfática crónica es la más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país», según el doctor Elías Campo. «Nuestro anterior trabajo proporcionó las primeras claves sobre las mutaciones que provocan la proliferación incontrolada de los linfocitos B en estos pacientes; pero dado que los mecanismos que generan los tumores son muy diversos, es necesario secuenciar los genomas tumorales de muchos pacientes».

Aunque se sabe que el cáncer es una enfermedad que se produce por la acumulación de daños genéticos en las células normales, hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso muy lento y laborioso. En este trabajo, los investigadores, utilizando las nuevas tecnologías de secuenciación disponibles en el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona, han simplificado este proceso al centrarse en el exoma, compuesto por las partes del genoma que contienen las regiones codificantes de los genes. De esta forma, se pueden estudiar las posiciones más relevantes secuenciando apenas un dos por ciento de los 3.000 millones de nucleótidos que componen un genoma completo.

Las mutaciones específicas del tumor se pueden detectar tras comparar la secuencia del exoma de las células tumorales de los pacientes con la secuencia correspondiente a las células sanas del mismo individuo. «Esta aproximación nos ha permitido identificar las mutaciones que se producen más frecuentemente durante el desarrollo de esta leucemia», indica López Otín, así que «el análisis conjunto de los más de mil genes mutados en las células tumorales de los 105 pacientes estudiados ha revelado la participación de nuevas rutas bioquímicas que pueden ser muy relevantes en la búsqueda de alternativas terapéuticas para esta forma de leucemia». Campo y López Otín han señalado asimismo: «De especial interés en este sentido ha resultado el hallazgo de mutaciones recurrentes en el gen denominado SF3B1, implicado en la maduración de los ARN mensajeros, un proceso esencial en la vida de las células».

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación a través del Instituto de Salud Carlos III, y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC). Hace un año, la revista «Nature» publicó el artículo fundacional del ICGC en el que se destacaba la potencial relevancia de los resultados de este proyecto para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, ya que el consorcio planea coordinar a escala global la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los 50 cánceres más frecuentes. El pasado 7 de julio, «Nature» publicó los avances de los participantes españoles en el ICGC, basados en el análisis de los cuatro primeros genomas completos de pacientes con leucemia linfática crónica. El trabajo que ayer publicó «Nature Genetics» confirma la utilidad de los métodos más rápidos de obtención de datos genómicos y representa un gran avance hacia la culminación de los objetivos del Consorcio español para el estudio de la leucemia linfática crónica.

El consorcio español está formado por más de una docena de instituciones como el Hospital Clínic de Barcelona, la Universidad de Barcelona, el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo, el Centre de Regulació Genòmica de Barcelona, la Fundació Institut d'Investigació Biomèdica de Bellvitge y la Fundación de Investigación del Cáncer de Salamanca, así como el HUCA, el Hospital Clínic de Valencia, el Hospital Marqués de Valdecilla de Santander, el Banco Nacional de DNA, el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, la Universidad de Deusto, la Universidad de Santiago, el Barcelona Supercomputing Center, el Centro Nacional de Análisis Genómico y el Institut August Pi i Sunyer.

Tu Email:

Últimas Noticias

- » Científicos piden ayuda para localizar meteorito ...
- » Descubren en Brasil especie de rana que vive dentr...
- » La modulación del sistema endocannabinoide puede S...
- » Hallan ofrenda originaria de pirámide del sol...
- » Descubren que un pez usa sus aletas para andar y S...
- » Mercurio fue empujado por un Asteroide...
- » Superficies urbanizadas crecen más que población C...

En esta sección

Noticias	Artículos	Caféina	Imágenes	Videos
--------------------------	---------------------------	-------------------------	--------------------------	------------------------

Identifican más de mil genes que mutan en la leucemia linfática

- Obesidad y alcohol, factores de riesgo para el cáncer de mama
- Científicos descubren que grosor de la carótida determina la repetición de ictus
- Pueden pasar 10 años sin que se detecte el cáncer ovárico
- Describen una nueva mutación implicada en un tipo 'agresivo' de leucemia
- Descubren una mutación genética que conecta diversas enfermedades raras infantiles
- Descubren que los astrocitos son clave en el desarrollo del Alzheimer
- El melanoma y el cáncer de riñón, vinculados por una mutación genética

Descubren el gen que causa la metástasis del cáncer de piel

- Estrés en embarazo temprano puede causar partos prematuros y menos niños
- Los tumores reciclan proteínas para crecer
- Donantes de hígado presentan complicaciones años más tarde, según estudio
- El estrés oxidativo influye en el nivel de padecimiento de los síntomas de la fibromialgia
- La alta presión arterial incrementaría el riesgo de defectos de nacimiento
- Relacionan consumo de nicotina con drogas como la cocaína
- Aumentan las dudas sobre el papel de un retrovirus en la fatiga crónica

