

Para entender la genética latina ^[1]

Enviado el 15 enero 2014 - 11:39am

Este artículo es reproducido por CienciaPR con permiso de la fuente original.

Calificación:



Contribución de CienciaPR: Este artículo es parte de una colaboración entre CienciaPR y [El Nuevo Día](#). El contenido generado por CienciaPR puede reproducirlo, siempre y cuando sea con fines educativos y no comerciales, y siempre citando a la organización.

Mónica Ivelisse Feliú-Mójer ^[2]

Autor de CienciaPR:

El Nuevo Día ^[3]

Fuente Original:



Investigadores analizan los factores genéticos de riesgo para diversas enfermedades que afectan a la comunidad latina. (Thinkstock)

Este artículo es el tercero de una serie sobre genética humana.

El Proyecto 1000 Genomas representa la base de datos de las variantes genéticas en humanos más extensa que existe. Gracias a la participación de miles de individuos, incluyendo puertorriqueños, científicos en nuestra Isla y alrededor del mundo han hecho descubrimientos importantes relacionados a la salud y los orígenes de diversas poblaciones.

“El Proyecto 1000 Genomas es una herramienta muy importante para los estudios genéticos modernos”, dijo el Dr. Bruce Weir, catedrático y director del Departamento de Bioestadísticas de la Universidad de Washington (UW), Seattle. Aunque la tecnología para secuenciar nuestro genoma es mucho menos costosa que cuando se secuenció el genoma humano por primera vez, todavía sería “demasiado caro para un solo un investigador el secuenciar el genoma de miles de individuos para un solo estudio”, añadió Weir.

Cualquier investigador puede utilizar las secuencias provistas por 1000 Genomas para complementar sus propios estudios. Al combinar esta información, los científicos tienen mejores recursos para identificar variantes genéticas relacionadas a diversas enfermedades.

Por ejemplo, Weir y sus colegas en el Departamento de Bioestadísticas usarán secuencias del Proyecto 1000 Genomas para complementar su análisis de los factores genéticos de riesgo para enfermedades prevalentes entre los hispanos/latinos en los Estados Unidos. El equipo de investigadores recibió recientemente un contrato multimillonario de parte del Instituto Nacional del Corazón, los Pulmones y la Sangre (NHLBI, por sus siglas en inglés) para establecer el Centro para el Análisis Genético de la Ómica en los Latinos.

Este centro es parte del Estudio de la Comunidad Hispana/de los Latinos, conocido como HCHS/SOL. SOL es el estudio más grande de la comunidad latina que se ha realizado en los Estados Unidos hasta la fecha.

Descifrar la variación

“SOL tiene como propósito mejorar la salud de los latinos en Estados Unidos, el segmento de mayor crecimiento de la población del país”, afirmó la Dra. Cathy Laurie, investigadora científica principal en el Departamento de Bioestadísticas de UW y parte del Centro para el Análisis Genético de la Ómica en los Latinos.

Los latinos tienen una diversidad cultural y ancestral muy rica. De acuerdo con el Censo 2010, los latinos en Estados Unidos provienen de más de una veintena de países. Para tomar en cuenta tanta diversidad, SOL ha reclutado a individuos que viven en Estados Unidos pero cuyos padres o abuelos son de Cuba, la República Dominicana, México, Puerto Rico o Centro y Sur América.

“Queremos entender las diferencias entre los individuos -sus variaciones genéticas- y como son importantes para su salud”, dijo el Dr. Tim Thornton, catedrático asistente en el Departamento de Bioestadísticas en UW y coinvestigador del Centro para el Análisis Genético de la Ómica en los Latinos.

Sin embargo, entender estas diferencias no es una tarea fácil; algunas variantes genéticas están asociadas a enfermedades y otras no. ¿Cómo distinguen los científicos entre las variantes que son importantes y las que no? Usando la bioestadística.

Como ciencia, la bioestadística utiliza modelos matemáticos y computacionales para descubrir qué patrones son importantes en medio de un mar de datos biológicos o de la salud. Es decir, la bioestadística ayuda a los científicos a separar el grano de la paja. Utilizando estos métodos, los bioestadísticos pueden determinar qué información es confiable (como cuáles variantes genéticas se asocian a enfermedades) y cómo estas afectan la probabilidad de que una persona con una variante genética particular desarrolle la enfermedad asociada con dicha variante.

“Para la mayoría de las enfermedades comunes, el componente genético es probabilístico, no determinístico”, acertó Laurie. “El que una persona posea cierta variante genética no significa que de seguro va a desarrollar la enfermedad con la que se le asocia. Ahí es que entra la bioestadística”.

En su análisis genético de los participantes de SOL, Weir, Thornton, Laurie y sus colegas esperan descubrir factores genéticos asociados con enfermedades como la diabetes y el asma, las cuales tienen una prevalencia alta entre los latinos. Los científicos también investigarán las variantes genéticas asociadas a condiciones como la apnea del sueño y la pérdida de audición en los adultos. Actualmente, se conoce muy poco sobre la base genética de estas condiciones.

Al analizar los factores genéticos de riesgo para diversas enfermedades que afectan a la comunidad latina, los investigadores en el Departamento de Bioestadísticas de la Universidad de Washington contribuirán al entendimiento de las causas de estos padecimientos. Este conocimiento ayudará a crear mejores métodos de diagnóstico, tratamientos y prevención de estas condiciones. Además, los hallazgos del Centro para el Análisis Genético de la Ómica en los Latinos arrojarán luz sobre algunas causas para las disparidades en la salud de los latinos.

Tags:

- [Proyecto 1000 Genomas](#) [4]
- [UPR](#) [5]
- [Universidad de Washington](#) [6]
- [genética](#) [7]
- [bioestadística](#) [8]

Categorías de Contenido:

- [Ciencias biológicas y de la salud](#) [9]
- [K-12](#) [10]
- [Subgraduados](#) [11]
- [Graduates](#) [12]
- [Postdocs](#) [13]
- [Facultad](#) [14]

Source URL: <https://www.cienciapr.org/es/external-news/para-entender-la-genetica-latina?language=en&page=1>

Links

[1] <https://www.cienciapr.org/es/external-news/para-entender-la-genetica-latina?language=en> [2]
<https://www.cienciapr.org/es/user/moefeliu?language=en> [3]
<http://www.elnuevodia.com/paraentenderlageneticalatina-1689123.html> [4]
<https://www.cienciapr.org/es/tags/proyecto-1000-genomas?language=en> [5]
<https://www.cienciapr.org/es/tags/upr?language=en> [6] <https://www.cienciapr.org/es/tags/universidad-de-washington?language=en> [7] <https://www.cienciapr.org/es/tags/genetica?language=en> [8]
<https://www.cienciapr.org/es/tags/bioestadistica?language=en> [9] <https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/biological-and-health-sciences-0?language=en> [10] <https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/k-12-0?language=en> [11] <https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/undergraduates-0?language=en> [12] <https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/graduates-0?language=en> [13]
<https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/postdocs-0?language=en> [14]
<https://www.cienciapr.org/es/categorias-de-contenido/faculty-0?language=en>