El Mundo (Diario de Castilla y León)

Valladolid

15/09/16

Núm. Lectores: 69832

Prensa: Diaria

Tirada: 22.029 Ejemplares Difusión: 17.458 Ejemplares Cód: 1051112

Página: 10

Sección: REGIONAL Valor: 1.165,00 € Área (cm2): 211,3 Ocupación: 25,18 % Documento: 1/1 Autor:

El Ibsal incorpora una plataforma para identificar la recaída en enfermedades

La herramienta permite extraer los ácidos nucleicos de una célula única para la identificación

SALAMANO

El Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca (Ibsal) presentó ayer ante la comunidad médica y científica de la capital charra una novedosa plataforma, incorporada a finales de 2015, que permitirá a los investigadores del Ibsal identificar marcadores genéticos de células residuales que permanencen en el organismo tras una enfermedad y que pueden hacer que esta se reproduz-

De esta manera, la plataforma per-

mite averiguar «qué mutaciones o qué nivel de expresión diferencial tienen esas pequeñas células residuales de la enfermedad para que hayan resisitido al tratamiento», explicó a Ical la ponente del seminario 'Presentación y aplicaciones de la plataforma de caracterización genética de célula única', María Jara Acevedo, durante la sesión celebrada esta mañana en el Salón de Actos del hospital Clínico Universitario de Salamanca.

«Este avance tiene un gran potencial en el campo de la Hematología», señaló Jara, responsable del manejo de la nueva herramienta en el Servicio de Secuenciación de ADN de la plataforma 'Nucleus' de la Universidad de Salamanca, integrada en el Ibsal. La plataforma es «la primera de este tipo a nivel regional» y, en España, solo existe «una en Barcelona y una futura en Santiago». Jara también manifestó que «no hay muchas de estas herramientas a nivel europeo, por lo que es un avance importante para el Ibsal». Así, la plataforma «novedosa y exclusiva» adquiri-

da a finales de 2015 permite «extraer los ácidos nucleicos de una célula única y no de un puzzle de células» para, con ese material genético, hacer pruebas «bien diagnósticas, bien diagnósticas, bien de investigación típicas» de secuenciación masiva, identificación de polimorfismos o expresión génica. El seminario de ayer servirá así para que «toda la comunidad científica de Salamanca, especialmente la integrada en el Ibsal, conozca que tiene esta plataforma disponible para sus investigaciones y trabajo diario».



Presentación de la herramienta. ICAL