

## Aplican en el CUCEI métodos estadísticos al genoma humano

Las investigaciones son realizadas junto con la Universidad de Houston, Estados Unidos

Los avances e investigaciones sobre el genoma humano son aplicados para la solución de diferentes problemas del hombre y su entorno, como lo está haciendo en la Universidad de Guadalajara un grupo de investigadores comandados por el investigador nivel III del Sistema Nacional de Investigadores y del Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingeniería (CUCEI), Sergei Michailovich Tchumakov Nadejenski, quienes llevan a cabo en este momento el Estudio de MICRORNA y su protección del organismo humano contra diferentes virus.

Explica que en este momento, junto con algunos alumnos, “estamos trabajando en descubrir como cambia el ácido ribonucleico (RNA o ARN) con la presencia de algunos virus y cómo la célula tiene sus métodos de protección. Así que tratamos de descubrir cómo estas micromoléculas atacan a los virus con la finalidad de obtener mayores conocimientos en la materia y tal vez elaborar medicamentos con base a esta información”.

Señala que en los últimos años también trabajaron en una investigación con la cual lograron clasificar por zonas los tipos de manifestaciones que provocó el mosquito causante del dengue y que azotó a la población en diferentes partes de la zona metropolitana de Guadalajara.

Señala que en estos momentos es posible hacer diagnósticos muy certeros de cómo son afectados los hombres por los diferentes virus, con base en una muestra de sangre u orina, pues la ciencia ya tiene localizado el mapa del genoma humano y, con métodos efectivos para recabar información, como son los métodos de estadística mecánica que actualmente practican en la Universidad de Guadalajara en colaboración con el Centro de Bioinformática de la Universidad de Houston, Estados Unidos, es posible clasificar esa información.

“Con estos conocimientos vamos a entrar a una nueva era en la medicina. Ya conocemos el código genético de varias especies de animales y plantas, entonces podremos aplicarlas y saber qué tipos de enfermedades son susceptibles para cada especie y combatirlas con antelación. Así también podremos determinar las propiedades de los seres humanos y explicar genéticamente como nos diferenciamos unos con otros”.

**Guadalajara, Jal., 3 de julio de 2012**

**Texto: Juan Carrillo Armenta**

**Fotografía: Adriana González**

**Edición de noticias en la web: Lupita Cárdenas Cuevas**

**Etiquetas:**

[genoma humano](#) [1]

[Sergei Michailovich Tchumakov Nadejenski](#) [2]

---

**URL Fuente:** <https://comsoc.udg.mx/noticia/aplican-en-el-cucei-metodos-estadisticos-al-genoma-humano>

**Links**

[1] <https://comsoc.udg.mx/etiquetas/genoma-humano>

[2] <https://comsoc.udg.mx/etiquetas/sergei-michailovich-tchumakov-nadejenski>