

Proporciona los datos de [expresión génica](#).

Es posible que haya más de 200 tipos diferentes de cáncer y muchos subtipos más, cada uno de estos causado por errores en el ADN que desencadenan el crecimiento descontrolado de las células. La identificación de los cambios en el conjunto completo de ADN de cada tipo de cáncer, su genoma, y el entendimiento de cómo interactúan dichos cambios para impulsar el proceso de la enfermedad sentarán las bases de una era individualizada de tratamiento del cáncer.

Con este fin, los Institutos Nacionales de la Salud (NIH) han establecido el Atlas del Genoma del Cáncer (The Cancer Genome Atlas, TCGA) para crear mapas multidimensionales completos de los cambios genómicos clave en los tipos y subtipos principales de cáncer. Este catálogo servirá como un recurso poderoso para una nueva generación de investigaciones enfocadas en la formulación de mejores estrategias de diagnóstico, de tratamiento y de prevención de cada tipo de cáncer. El TCGA proporciona también un modelo para muchos otros proyectos internacionales de mapeo del genoma del cáncer y considera estos esfuerzos en la planificación de sus actividades.

Bajo la dirección conjunta del Instituto Nacional del Cáncer (NCI) y del Instituto Nacional de Investigación del Genoma Humano (NHGRI), el TCGA está cambiando la forma en que se lleva a cabo la investigación genética del cáncer. Después del ejemplo establecido por el Proyecto del Genoma Humano, la red de colaboración en investigación del TCGA ha reunido a investigadores de diversas disciplinas y de múltiples instituciones con el fin de producir valiosos conjuntos de datos de referencia para uso de la comunidad científica mundial.

Un proyecto piloto iniciado por el NCI y el NHGRI en 2006 concibió las políticas, la línea de producción, la red de colaboración en investigación, las bases de datos y las herramientas analíticas necesarias para el estudio a gran escala del genoma del cáncer del TCGA. A la fecha, las caracterizaciones experimentales de tumores cerebrales y del cáncer de ovario han demostrado que este método sistemático de gran volumen puede generar cantidades sin precedentes de datos de calidad única que están siendo rápidamente integrados en el trabajo de investigadores básicos y clínicos de todo el mundo.

En septiembre de 2009, el NCI y el NHGRI anunciaron que el TCGA procederá a producir, en los próximos cinco años, mapas genómicos completos de 20 tipos de cáncer por lo menos. El TCGA tiene una posición única para lograr esta ambiciosa meta basándose en el éxito de este proyecto piloto en el establecimiento de la infraestructura y de los procesos clave. Estos logros incluyen la capacidad para obtener muestras de tumores, junto con muestras correspondientes de tejido normal, de una amplia variedad de centros clínicos; para extraer eficientemente el ADN y su molécula hermana, el ARN, de muestras de tejido; para caracterizar y establecer rápidamente la secuencia de miles de muestras de ADN y ARN; para analizar e integrar en colaboración los diversos tipos de datos; y para proporcionar rápidamente datos a la comunidad científica por medio de bases de datos públicas diseñadas para proteger la privacidad del paciente.

From:

<http://www.neurocirugiacontemporanea.com/> - Neurocirugía Contemporánea ISSN 1988-2661

Permanent link:

http://www.neurocirugiacontemporanea.com/doku.php?id=atlas_del_genoma_del_cancer

Last update: **2019/09/26 22:20**

