



CÁNCER | Resultados españoles

España secuenciación por primera vez el genoma de la leucemia

play



- Un grupo ha secuenciado el genoma completo de la leucemia linfática crónica
- Su análisis ha permitido identificar cuatro genes clave en la enfermedad
- El trabajo forma parte del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer

Cristina de Martos | Madrid

Actualizado **lunes 06/06/2011 12:51 horas**

Habrà que trabajar mäs para saber cómo utilizarlos, pero los resultados de la secuenciación del genoma completo de la leucemia linfática crónica ya se conocen. El consorcio español designado para descifrar las claves genéticas de esta enfermedad acaba de hacerlos públicos en la revista 'Nature' y la clave parece estar en cuatro genes.

Ésa es la conclusión de esta investigación en la cual se ha secuenciado el ADN de las células tumorales y de las sanas de cuatro pacientes que sufren este tipo de leucemia (LLC), **la más común en los países occidentales**. Al comparar unos y otros, salieron a la luz más de 1.000 mutaciones. Entre todos los genes alterados, los autores seleccionaron, finalmente, 26 "porque eran los que se expresaban y era más probable que su alteración tuviera un efecto biológico", explica a ELMUNDO.es Carlos López-Otín, catedrático de la Universidad de Oviedo y uno de los firmantes del trabajo.

Mediante herramientas informáticas creadas para la ocasión y gracias a un nuevo algoritmo bautizado con el nombre de Sidrón, analizaron si los cambios en estos genes estaban en 363 personas con leucemia linfática crónica y así **identificaron cuatro alteraciones recurrentes**, "presentes entre el 2% y el 12% de los pacientes", señala por su parte Elías Campo, anatomopatólogo y director clínico del Centro Diagnóstico Biomédico del Hospital Clínic de Barcelona, que participa en el consorcio español junto a otra

docena de instituciones españolas.

Separar el grano de la paja

Uno de los retos en la genética del cáncer es averiguar qué mutaciones tienen un papel principal en el origen del cáncer. "La complejidad molecular de esta enfermedad es abrumadora", afirma López-Otín. "No basta con identificar las alteraciones, sino que hay que saber qué hacen", añade.

En el trabajo que presenta ahora en 'Nature', el equipo español describe un análisis funcional de estas mutaciones que "nos ha mostrado que **se trata de fallos críticos**, conductores y oncogénicos; que son muy importantes en el desarrollo de esta enfermedad", señala el investigador asturiano, que dirige el proyecto junto a Campo.

En el caso de una de las alteraciones identificadas (NOTCH1), los autores observaron que si bien estaba presente en un 12% de los pacientes, cuando se analizaba por separado a aquéllos que sufren la variante más agresiva de la enfermedad, uno de cada cinco la tenía. "Este hallazgo -explica Campo- confirma a nivel molecular lo que veníamos observando en la clínica y sugiere que se trata de una enfermedad más heterogénea aún".

La leucemia mieloide crónica es el tipo de leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de 1.000 nuevos casos diagnosticados al año en España.

Tenemos los genes y ahora, ¿qué?

"La información genómica no representa la curación ni rápida ni definitiva del cáncer, sino la posibilidad de ofrecer a los oncólogos todos los datos sobre cada tumor y cada paciente", asegura López-Otín. Y cuanto más información tenemos sobre el cáncer, más compleja se revela la enfermedad.

Esto "**es sólo la primera mirada** a la genética" de este tipo de cáncer, asegura el catedrático asturiano. Incluso ahora, que el número de genomas completos secuenciados por su equipo asciende a 25, sólo están rayando la superficie. "Para conocerlo a fondo -añade- tenemos que llegar a los 500 genomas".

El proyecto, que forma parte del Consortio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC), es el primero de ofrece resultados con este volumen tan grande de datos analizados "y eso -destaca López Otín- que empezamos con dos años de retraso respecto a los demás". La rama española de este proyecto, que pretende obtener resultados similares en 50 tipos de cáncer repartidos en diversos países, está financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación a través del Instituto de Salud Carlos III.

Así, por ejemplo, Canadá estudiará el cáncer de páncreas; Francia los subtipos de hígado y mama; India analizará el cáncer de boca; Japón centrará su investigación en el subtipo de hígado; Reino Unido ha seleccionado varios subtipos de mama y Australia y EEUU, que también participan en el consorcio.

© 2011 Unidad Editorial Información General S.L.U.