

Lunes 06 de junio del 2011

SOCIEDAD

[Volver](#)

LUCHA CONTRA EL CÁNCER

Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia común

El trabajo, con participación gallega, identifica mutaciones en cuatro genes

R. romar | Redacción / La Voz | 6/6/2011

Mil mutaciones en cada tumor. La compleja biología del cáncer sanguíneo más común acaba de ser descifrada por un equipo multidisciplinar de científicos españoles que han secuenciado por primera vez la



leucemia linfocítica crónica, la más frecuente en Occidente y de la que cada año se diagnostican más de mil casos en España. El trabajo, coordinado por Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y Elías Campo, del Hospital Clínico de Barcelona, se publica hoy en *Nature*.

Los investigadores han realizado la secuencia completa de cuatro tumores, lo que les ha permitido identificar las mutaciones en cuatro genes que aportan nuevas claves sobre la enfermedad y abre la puerta, aunque a más largo plazo, al futuro desarrollo de mejores fármacos para combatir la dolencia. «Los datos demuestran que la secuenciación de genomas es una estrategia válida para identificar nuevas mutaciones en cáncer que pueden ayudar a conocer mejor la patología», explica López-Otín, quien también precisa que «durante los próximos años se secuenciarán 500 genomas de leucemia linfática crónica, lo que permitirá conocer mejor sus causas moleculares e identificar dianas terapéuticas para el desarrollo de nuevas terapias».

Investigador gallego

En el trabajo ha participado el científico gallego José Manuel C. Tubío, del servicio de hematología de Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, que ha realizado la investigación en el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, donde se está formando con cargo a un contrato Ángeles Alvariño, de la Xunta. El hallazgo ha contado con la participación de más de sesenta investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, en el que también colabora el grupo de Medicina Xenómica de la Universidade de Santiago liderado por Ángel Carracedo, aunque en este caso no ha intervenido en el artículo.

El equipo ha secuenciado el genoma de cuatro tumores y ha validado los resultados con el análisis posterior de los genes mutados en un grupo de

más de treinta pacientes, lo que ha permitido, según explica López-Otín, «identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia». Hasta ahora se sabía que la enfermedad era causada por la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes, pero, según otro de los coordinadores del estudio, Elías Campo, «se desconocía qué mutaciones la provocan».

Las anomalías genéticas detectadas que inducen al tumor afectan a cuatro genes, de los que el más importante es el NOTCH1, mutado en el 12 % de los afectados. Estas variaciones, sin embargo, solo explican entre el 17 y el 18 % de las leucemias linfocíticas, por lo que serán necesarias nuevas secuencias para encontrar más alteraciones y también para entender por qué ocurre este proceso.

En cualquier caso, y según destaca el Ministerio de Ciencia e Innovación, que ha financiado el estudio, el trabajo «supone un hito en la investigación en España y un importante avance para la lucha contra el cáncer».



© Copyright LA VOZ DE GALICIA S.A.

Polígono de Sabón, Arteixo, A CORUÑA (España)

Comercializa publicidad local:

Comercializa publicidad nacional:

Inscrita en el Registro Mercantil de A Coruña en el Tomo 2438 del Archivo, Sección General, a los folios 91 y siguientes, hoja C-2141. CIF: A-15000649.