

## Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia linfática crónica

**Investigadores españoles han secuenciado el genoma completo de pacientes con leucemia linfática crónica e identificado mutaciones que aportan nuevas claves sobre esta enfermedad, la más común de los tipos de leucemia en países occidentales.**

Me gusta

Regístrate para ver qué les gusta a tus amigos.

Según información ministerial, el estudio, hecho público en la revista Nature, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y ha contado con la participación de más de 60 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Ambos investigadores presentarán mañana lunes los resultados del trabajo en la sede principal del Ministerio de Ciencia e Innovación, en Madrid, junto a la ministra Cristina Garmendia.

'La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país', explica Elías Campo. Se sabe que la causa de la enfermedad es la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes. 'Sin embargo, se desconoce qué mutaciones la provocan', precisa Campo. RESULTADOS DEL ESTUDIO

El genoma humano está formado por más de tres mil millones de unidades químicas llamadas nucleótidos. Al secuenciar el genoma, cada nucleótido se lee al menos 30 veces para verificar que la lectura es la correcta, y así poder asignar con total certeza las mutaciones identificadas.

En este trabajo, los investigadores han utilizado la más avanzada tecnología para secuenciar los 3.000 millones de nucleótidos del genoma completo de las células tumorales de cuatro pacientes y lo han comparado con la secuencia del genoma de las células sanas de los mismos individuos. 'Esta aproximación nos ha permitido comprobar que cada tumor ha sufrido unas mil mutaciones en su genoma' aclara Carlos López-Otín.

'El posterior análisis de los genes mutados en un grupo de más de 300 pacientes permitió identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia', revela el investigador de la Universidad de Oviedo.

Los avances en el conocimiento de la biología molecular del cáncer durante las últimas décadas han permitido determinar que se trata de una enfermedad producida por la acumulación de daños genéticos en las células normales, pero hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso lento y laborioso, resaltan desde el Ministerio.

Sin embargo, 'gracias a los equipos de última generación para la secuenciación de genomas, como los que están a disposición de los científicos en el Centro Nacional de Análisis Genómico, este proceso se ha acelerado, y en este centro se pueden secuenciar en la actualidad hasta seis genomas humanos en un día', explican.

El análisis del volumen de datos generado en este proyecto ha requerido la creación de programas especializados. Sidrón es el nombre de la herramienta informática desarrollada en la Universidad de Oviedo y que ha sido esencial para identificar las mutaciones presentes en los genomas tumorales.

### EL CONSORCIO ESPAÑOL

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica (CLL Genome, [www.cllgenome.es](http://www.cllgenome.es)) está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del Instituto de Salud Carlos III, con 10 millones de euros de financiación directa y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC, [www.icgc.org](http://www.icgc.org)), dirigido por el doctor Tom Hudson del Instituto de Investigación del Cáncer de Ontario, Canadá.

El ICGC se puso en marcha a finales de 2008 con la participación de ocho equipos internacionales de investigación, entre ellos, el Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. En 2011, agencias de financiación en cuatro continentes y 11 países promueven un total de 38 proyectos que ya han iniciado el estudio de 17.000 genomas tumorales. El objetivo del ICGC para los próximos años es ampliar este trabajo a la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de 50 tipos de cáncer (25.000 genomas tumorales).

Hace un año, Nature publicó el estudio fundacional de este consorcio internacional de científicos en el que se resaltaba la potencial relevancia del proyecto del ICGC para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, una vez que se consiguiera, como se ha mencionado anteriormente, completar la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los 50 cánceres más frecuentes.

Nature publica ahora los avances de los participantes españoles en el ICGC, derivados del análisis exhaustivo de los cuatro primeros genomas de pacientes con leucemia linfática crónica, los cuales han permitido el descubrimiento de nuevos mecanismos implicados en el desarrollo de esta enfermedad. El trabajo de los investigadores españoles confirma la utilidad de la estrategia de secuenciación masiva de genomas para conocer las causas genéticas del cáncer.

### INSTITUCIONES MIEMBROS DEL CONSORCIO

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está formado por una docena de instituciones: el Hospital Clínic de Barcelona; el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo; la Universidad de Barcelona; el Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer; el Centro de Regulación Genómica de Barcelona; la Fundación Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge-Instituto Catalán de Oncología; el Hospital Universitario y Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas; la Universidad de Deusto; la Universidad de Santiago de Compostela; el Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación; y el Centro Nacional de Análisis Genómico.

En este estudio el consorcio español ha contado también con la colaboración del Wellcome Trust Sanger Institute en Hinxton, Reino

Unido.

---

**Terra | Noticias:**

[Noticias](#) | [Inicio](#) | [España](#) | [Mundo](#) | [Local](#) | [Sucesos](#) | [Gente y Cultura](#) | [Especiales](#) | [Vídeos](#) | [Fotos](#) |

[RSS Terra Noticias](#) | [Página Inicio Terra Noticias](#) | [Mapa Web](#) |

**Otros enlaces:**

[Conoce Terra en otros países](#) | [Aviso e Información legales](#) | [Anúnciate](#) | [Política de privacidad](#) | [Copyright 2011](#) | [Telefónica de España, S.A.U](#) |



Real Casa de la Moneda  
Fábrica Nacional  
de Moneda y Timbre

HAZ CLICK PARA MÁS INFORMACIÓN

**Coca-Cola Music**

Los jingles más famosos de la marca en un concierto. Consigue entrada!

Anuncios Google

lunes, 6 de junio de 2011 | 11:43 | [www.gentedigital.es](http://www.gentedigital.es) | [f](#) [t](#)

# Gente

Buscar

Kiosko.NET

Todas las portadas de hoy.  
Toda la prensa del día.

## Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia linfática crónica

Los investigadores principales presentarán mañana los resultados junto a la ministra de Ciencia e Innovación, Cristina Garmendia

05/6/2011 - 19:05

Los investigadores principales presentarán mañana los resultados junto a la ministra de Ciencia e Innovación, Cristina Garmendia

OVIEDO, 5 (EUROPA PRESS)

Investigadores españoles han secuenciado el genoma completo de pacientes con leucemia linfática crónica e identificado mutaciones que aportan nuevas claves sobre esta enfermedad, la más común de los tipos de leucemia en países occidentales.

Según información ministerial, el estudio, hecho público en la revista Nature, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y ha contado con la participación de más de 60 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Ambos investigadores presentarán mañana lunes los resultados del trabajo en la sede principal del Ministerio de Ciencia e Innovación, en Madrid, junto a la ministra Cristina Garmendia.

"La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país", explica Elías Campo. Se sabe que la causa de la enfermedad es la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes. "Sin embargo, se desconoce qué mutaciones la provocan", precisa Campo.

## RESULTADOS DEL ESTUDIO

El genoma humano está formado por más de tres mil millones de unidades químicas llamadas nucleótidos. Al secuenciar el genoma, cada nucleótido se lee al menos 30 veces para verificar que la lectura es la correcta, y así poder asignar con total certeza las mutaciones identificadas.

En este trabajo, los investigadores han utilizado la más avanzada tecnología para secuenciar los 3.000 millones de nucleótidos del genoma completo de las células tumorales de cuatro pacientes y lo han comparado con la secuencia del genoma de las células sanas de los mismos individuos. "Esta aproximación nos ha permitido comprobar que cada tumor ha sufrido unas mil mutaciones en su genoma" aclara Carlos López-Otín.

"El posterior análisis de los genes mutados en un grupo de más de 300 pacientes permitió identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia", revela el investigador de la Universidad de Oviedo.

Los avances en el conocimiento de la biología molecular del cáncer durante las últimas décadas han permitido determinar que se trata de una enfermedad producida por la acumulación de daños genéticos en las células normales, pero hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso lento y laborioso, resaltan desde el Ministerio.

Sin embargo, "gracias a los equipos de última generación para la secuenciación de genomas, como los que están a disposición de los científicos en el Centro Nacional de Análisis Genómico, este proceso se ha acelerado, y en este centro se pueden secuenciar en la actualidad hasta seis genomas humanos en un día", explican.

El análisis del volumen de datos generado en este proyecto ha requerido la creación de programas especializados. Sidrón es el nombre de la herramienta informática desarrollada en la Universidad de Oviedo y que ha sido esencial para identificar las mutaciones presentes en los genomas tumorales.

## EL CONSORCIO ESPAÑOL

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica (CLL Genome, [www.cllgenome.es](http://www.cllgenome.es)) está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del Instituto de Salud Carlos III, con 10 millones de euros de financiación directa y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer (ICGC, [www.icgc.org](http://www.icgc.org)), dirigido por el doctor Tom Hudson del Instituto de Investigación del Cáncer de Ontario, Canadá.

El ICGC se puso en marcha a finales de 2008 con la participación de ocho equipos internacionales de investigación, entre ellos, el Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. En 2011, agencias de financiación en cuatro continentes y 11 países promueven un total de 38 proyectos que ya han iniciado el estudio de 17.000 genomas tumorales. El objetivo del ICGC para los próximos años es ampliar este trabajo a la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de 50 tipos de cáncer (25.000 genomas tumorales).

Hace un año, Nature publicó el estudio fundacional de este consorcio internacional de científicos en el que se resaltaba la potencial relevancia del proyecto del ICGC para el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico y terapias contra el cáncer, una vez que se consiguiera, como se ha mencionado anteriormente, completar la secuenciación y el análisis de 500 genomas tumorales de cada uno de los

50 cánceres más frecuentes.

Nature publica ahora los avances de los participantes españoles en el ICGC, derivados del análisis exhaustivo de los cuatro primeros genomas de pacientes con leucemia linfática crónica, los cuales han permitido el descubrimiento de nuevos mecanismos implicados en el desarrollo de esta enfermedad. El trabajo de los investigadores españoles confirma la utilidad de la estrategia de secuenciación masiva de genomas para conocer las causas genéticas del cáncer.

#### INSTITUCIONES MIEMBROS DEL CONSORCIO

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está formado por una docena de instituciones: el Hospital Clínic de Barcelona; el Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo; la Universidad de Barcelona; el Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer; el Centro de Regulación Genómica de Barcelona; la Fundación Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge-Instituto Catalán de Oncología; el Hospital Universitario y Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas; la Universidad de Deusto; la Universidad de Santiago de Compostela; el Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación; y el Centro Nacional de Análisis Genómico.

En este estudio el consorcio español ha contado también con la colaboración del Wellcome Trust Sanger Institute en Hinxton, Reino Unido.



---

Grupo de información GENTE · el líder nacional en prensa semanal gratuita según PGD-OJD



Cerrar



Iniciar sesión



Marketplace: V. Ocasión Seguros Empleo Pisos Viajes Ofertas -70% Ahorro



20minutos.tv Listas

Portada Nacional Internacional Economía Tu ciudad Deportes Tecnología & Internet Artes Gente y TV
Andalucía Aragón Asturias Barcelona/Cataluña Castilla y León C.Valenciana Galicia Madrid P.Vasco
Videojuegos Motor Belleza y salud Viajes Vivienda Empleo Viñetas Archivo

Oviedo

# Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia linfática crónica

Los investigadores principales presentarán mañana los resultados junto a la ministra de Ciencia e Innovación, Cristina Garmendia

ECO



Poca actividad social

¿Qué es esto?

0



0



20m

2

0

Me gusta

EUROPA PRESS. 05.06.2011

Investigadores españoles han secuenciado el genoma completo de pacientes con leucemia linfática crónica e identificado mutaciones que aportan nuevas claves sobre esta enfermedad, la más común de los tipos de leucemia en países occidentales.

Según información ministerial, el estudio, hecho público en la revista Nature, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y ha contado con la participación de más de 60 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica. Ambos investigadores presentarán mañana lunes los resultados del trabajo en la sede principal del Ministerio de Ciencia e Innovación, en Madrid, junto a la ministra Cristina Garmendia.

"La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país", explica Elías Campo. Se sabe que la causa de la enfermedad es la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes. "Sin embargo, se desconoce qué mutaciones la provocan", precisa Campo.

## Resultados del estudio

El genoma humano está formado por más de tres mil millones de unidades químicas llamadas nucleótidos. Al secuenciar el genoma, cada nucleótido se lee al menos 30 veces para verificar que la lectura es la correcta, y así poder asignar con total certeza las mutaciones identificadas.

En este trabajo, los investigadores han utilizado la más avanzada tecnología para secuenciar los 3.000 millones de nucleótidos del genoma completo de las células tumorales de cuatro pacientes



Noticia

Oviedo

Científico leucemia

Arranca Niemeyer

Villavicencio apoyo a

La Coma en Madr

Coches

Con

asesor ¡Ahorra h en 3 minu





En este estudio el consorcio español ha contado también con la colaboración del Wellcome Trust Sanger Institute en Hinxton, Reino Unido.

[Tienes tu dinero totalmente disponible, sin gastos, ni comisiones.](#)

[Cuenta NARANJA de ING DIRECT: 3.5% TAE y después sigue ganando todos los meses. Sin comisiones, ninguna.](#)

[Gratis llamadas a móviles para toda la vida y ADSL Jazztel a 19,95€/mes. Últimos días.](#)

Comenta esta noticia



Escribe aquí tu comentario

Normas

Comentar



Las claves para superar una entrevista de trabajo



Mercadona cobrará por las bolsas en toda España



El movimiento 15-M pone fecha a las nuevas movilizaciones



Nadal ya es el sexto tenista con más Grand Slams

Quando encuentras tu camino,  
**NO HAY VUELTA ATRÁS**

Consulta los mejores anuncios clasificados y publica el tuyo **gratis** en sólo 3 pasos. Elige tu tema:

[Anuncios en Asturias](#)

Publica tu anuncio

**CONTRATA ¡AHORA!**

**¿Debería dimitir Zapatero?**

55% **A favor** (thumbs up icon)

45% **En contra** (thumbs down icon)

Noticias de España y del Mundo [11870.com](#)

Noticias Extremadura [Noticias Asturias](#)

DiarioVasco.com [Portal de Granada](#)

La Voz [Noticias Murcia](#)

Finanzas [Cine en hoyCinema](#)

[Noticias Vizcaya](#)

Alquiler de Pisos en Santander

[La Rioja.com](#)

Actualidad de Málaga

Punto Radio

hoyMotor: Revista de coches

La Trastienda digital: tu tienda online

[NorteCastilla.es](#)

Las Provincias

Ozú

Tráfico

[Noticias Álava](#)

**Aviso legal**

Copyright © Factoría de Información, S.A. Madrid. 2010. Datos registrales: Constituida con otra denominación (modificada a la actual en inscripción 5ª) e inscrita en el Registro Mercantil de Madrid, Tomo 20684, Folio 176, Sección 8, Hoja M 366324, inscripción 1ª - C.I.F.: A-84159623 con domicilio social en Calle Orense, 81 y correo electrónico de contacto [webque@que.es](mailto:webque@que.es).

Incluye contenidos de la empresa citada, del diario Qué Copyright © Factoría de Información S.A., y, en su caso, de otras empresas del grupo de la empresa o de terceros.

EN CUALQUIER CASO TODOS LOS DERECHOS RESERVADOS: Queda prohibida la reproducción, distribución, puesta a disposición, comunicación pública y utilización, total o parcial, de los contenidos de esta web, en cualquier forma o modalidad, sin previa, expresa y escrita autorización, incluyendo, en particular, su mera reproducción y/o puesta a disposición como resúmenes, reseñas o revistas de prensa con fines comerciales o directa o indirectamente lucrativos, a la que se manifiesta oposición expresa.

[Trabaja con nosotros](#) [Condiciones de copia y distribución](#) [Quiénes somos](#) [Publicidad](#) [Aviso legal](#) [Contacto](#) [Titulares RSS](#)

**Gente Qué!**

Es la red social de usuarios de QUÉ.es. [Crea tu cuenta gratis](#) en 10 segundos para relacionarte y estar mejor informado.

Bl... [necesito un comentario de tu cuenta en](#)

[Más información](#)

[Pulso](#) [Entrar](#)



- **Herramientas:**
- A. Técnico
- Fichas Valor
- Recomendaciones
- Gráficos
- Hechos relevantes
- Foros

¿Eres usuario de elEconomista?  
Conéctate

**elEconomista.es**

## Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia linfática crónica

5/06/2011 - 19:05

4

Share

0  
tweets

tweet

Compartir

0



Madrid, 5 jun (EFE).- Investigadores españoles han secuenciado el genoma completo de pacientes con leucemia linfática crónica e identificado mutaciones que aportan nuevas claves sobre esta enfermedad, el tipo de leucemia más común en países occidentales, con más de mil nuevos casos diagnosticados cada año en España.

El estudio, que publica hoy la revista Nature, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y supone un "hito" en la investigación en España y un importante avance en la lucha contra el cáncer, ha informado el Ministerio de Ciencia e Innovación en un comunicado.

El trabajo ha contado con la participación de más de 60 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica.

Representa la primera contribución de España al Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer (ICGC), el mayor proyecto de investigación contra el cáncer de la historia y en el que participan científicos de 11 países para secuenciar los 50 tipos de cáncer más importantes.

Aunque se sabe que la causa de la leucemia linfática crónica es la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes, se desconoce qué mutaciones provocan esta enfermedad, según Elías Campo.

El genoma humano está formado por más de tres mil millones de unidades químicas llamadas nucleótidos.

Al secuenciar el genoma, cada nucleótido se lee al menos 30 veces para verificar que la lectura es la correcta, y así poder asignar con total certeza las mutaciones identificadas.

En este trabajo, los investigadores han utilizado la más avanzada tecnología para secuenciar los 3.000 millones de nucleótidos del genoma completo de las células tumorales de cuatro pacientes y lo han comparado con la secuencia del genoma de las células sanas de los mismos individuos.

"Esta aproximación nos ha permitido comprobar que cada tumor ha sufrido unas mil mutaciones en su genoma", aclara Carlos López-Otín.

"El posterior análisis de los genes mutados en un grupo de más de 300 pacientes permitió identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia", revela el investigador.

Los avances en el conocimiento de la biología molecular del cáncer durante las últimas décadas han permitido determinar que se trata de una enfermedad producida por la acumulación de daños genéticos en las células normales, pero hasta ahora la identificación de esos cambios era un proceso lento y laborioso.

Sin embargo, gracias a los equipos de última generación para la secuenciación de genomas, como los que están a disposición de los científicos en el Centro Nacional de Análisis Genómico, este proceso se ha acelerado, y en este centro se pueden secuenciar en la actualidad hasta seis genomas humanos en un día.

El análisis del extraordinario volumen de datos generado en este proyecto ha requerido la creación de programas especializados.

Sidrón es el nombre de la herramienta informática desarrollada en la Universidad de Oviedo y que ha sido esencial para identificar las mutaciones presentes en los genomas tumorales.

El trabajo de varias décadas en el Hospital Clínic de Barcelona en Leucemia Linfática Crónica ha permitido al consorcio disponer de ADN y datos clínicos de cientos de pacientes, que han aportado una dimensión clínica adicional a este estudio genómico.

El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica (CLL Genome, www.clgenome.es) está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del Instituto de Salud Carlos III, y se enmarca dentro del Consorcio Internacional de los Genomas del Cáncer, dirigido por el doctor Tom Hudson del Instituto de Investigación del Cáncer de Ontario (Canadá).

Publicidad



**Depósito In: 3%TAE**

**Necesitas sólo 20 min...**

**Sanitas Trat. Prostático**



Contrata el "Depósito In" de La Caixa. Condiciones exclusivas para contrataciones online. En solo 5 minutos.

**Más información »**



Conviértete en un trader en 20 minutos con una formación gratuita. No pierdas tu tiempo!

**Más información »**



Olvídate del problema gracias al Láser Verde (HPS) y en pocas horas estarás en casa. 1º consulta gratis.

**Más información »**

**Servicio Universal de Noticias de elEcoDiario.es**

- Últimas noticias
- Nuestra selección
- Flash de la actualidad
- Flash del mercado

**11:45 Fútbol/Eurocopa.- (Previa) Alemania busca sumar su séptima victoria consecutiva al frente del Grupo A**

Europa Press

**11:45 Los embalses de la Cuenca del Ebro se encuentran al 79,5 % de su capacidad total**

Europa Press

**11:45 Powell estará "preparado" y "en forma" para los Trials**

Europa Press

**11:45 Economía.- CiU dice que los empresarios esperan que unas elecciones generales generen la "confianza que necesita" España**

Europa Press

**11:45 Economía/Empresas.- El número de empresas cae un 82% hasta mayo, con un 8,2% más de concursos de acreedores**

Europa Press

<p><b>Cool Feet</b></p> <p>13 €</p> <p>Saber más</p>	<p><b>Cable Box Mini</b></p> <p>30 €</p> <p>Saber más</p>	<p><b>Cable Drop</b></p> <p>10 €</p> <p>Saber más</p>	<p><b>Estudio Desk</b></p> <p>600 €</p> <p>Saber más</p>	<p><b>Estación de Carga Sanctuary</b></p> <p>129,95 €</p> <p>Saber más</p>	<p><b>Sólo para Ricos</b></p> <p>Un blog para el capricho</p>
--	---	---	--	--	---

