

INVESTIGACIÓ MÈDICA

Descriuen 350 gens que podrien estar implicats en 4.600 tumors humans

SOCIETAT 15/09/2013 23:02



En declaracions a Europa Press, la investigadora principal del treball, cap del grup de Genòmica Biomèdica de la Universitat Pompeu Fabra, Núria López-Bigas, ha explicat que el treball, que publica la revista 'Nature Methods', permet "recopilar i analitzar de forma conjunta" els genomes de tumors que ja han estat publicats en diversos projectes i que se centra en l'engegada d'una "plataforma computacional"

L'equip investigador de la UPF ha descrit prop de 350 gens que podrien estar implicats en el desenvolupament de 4.623 tumors humans apareguts en tretze òrgans diferents, uns resultats fruit d'un recopilatori de diversos treballs internacionals.

El treball ha permès identificar gens que són la causa del desenvolupament d'un càncer, però també altres encarregats de codificar proteïnes i que tenen funcions de remodelació de la cromatina, és a dir, aquells la implicació dels quals resulta més difusa i que ara se sap que també poden jugar un paper clau.

D'entre els 350 gens descrits molts són compartits i uns altres no --en el cas del càncer es detallen uns 60 i en el del càncer de còlon uns 40--, ha destacat López-Bigas, que ha especificat que la investigació és un "ràanking" de gens, alguns la implicació dels quals és indubtable i uns altres que hauran de ratificar-se en estudis posteriors.

"El que hem detectat són uns senyals en els patrons de mutació, i aquests senyals mostren l'evidència que han estat seleccionats positivament durant el desenvolupament del tumor", ha afegit, per la qual cosa no és possible afirmar amb rotunditat que els 350 estiguin implicats en el desenvolupament d'un tumor.

La investigadora de la UPF ha puntualitzat que seran necessàries investigacions per confirmar cada gen de forma individualment i, encara que "molts segurament ho són", ara existeix un treball per fer que pot perllongar-se durant anys, ja que alguns gens podrien ser dianes terapèutiques per al desenvolupament de fàrmacs.

UN ALTRE 'NATURE' EL MAPA cIENTÍFIC AMB LES CAUSES GENÈTIQUES DE LES DIFERÈNCIES ENTRE INDIVIDUS

La publicació d'aquesta investigació coincideix amb la presentació en 'Nature' i 'Nature Biotechnology' del mapa més gran de dades presentat fins avui i que enllaça la informació del genoma humà - ADN - amb l'activitat funcional d'aquests gens en l'àmbit de l'ARN, un treball liderat per la Universitat de Ginebra (Unige) però en la qual també han participat centres espanyols com el Centre de Regulació Genòmica (CRG), el Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica (Cnag) i la Universitat de Santiago.

PARTICIPACIÓ ESPANYOLA

Més enllà de la coordinació del projecte Geuvadis que coordina el CRG, el centre també s'ha implicat en el projecte que publica 'Nature' mitjançant la preparació de les llibreries de seqüenciació i l'anàlisi bioinformàtic de les dades de l'ARN.

També el Cnag ha ajudat en la seqüenciació i l'anàlisi bioinformàtic, mentre que la Universitat de Santiago ha preparat línies cel·lulars per als experiments que han portat a obtenir el mapa més gran de la història que descriu les causes genètiques de les diferències entre individus.

López-Bigas ha indicat que la diferència principal entre els treballs radica que el de la UPF se centra en les mutacions que es produeixen a l'interior de tumors, i no en la resta de les cèlulas de les persones malaltes.