

Regístrate gratis

Suscríbete

Lee La Vanguardia en

Iniciar sesión



# Identificadas nuevas mutaciones genéticas relacionadas con la leucemia

Vida | 26/02/2014 - 18:25h

Barcelona, 26 feb (EFE).- Una investigación llevada a cabo en el Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona ha identificado las funciones de los genes y sus mutaciones relacionadas con la leucemia, lo que abre la puerta a mejorar la capacidad de predicción sobre el momento más adecuado para iniciar el tratamiento.

Según ha informado el CRG, el trabajo, publicado en la revista científica "Genome Research", ha sido liderado por el doctor Roderic Guigó, en el marco del Consorcio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, que ya había conseguido anteriormente identificar las principales mutaciones implicadas en el desarrollo de la enfermedad.

Sin embargo, su perfil funcional, es decir la actividad de estos genes mutados, no se había estudiado.

Ahora, los investigadores han secuenciado la parte funcional del genoma, el ARN, de las células leucémicas y de varias poblaciones de linfocitos B sanos en 98 pacientes.

Los científicos encontraron que hay miles de genes que se expresan de forma diferenciada en células leucémicas en comparación a los linfocitos B sanos, y que sus funciones son también muy diferentes.

Particularmente, las células de la leucemia tienen una gran expresión de genes relacionados con algunas vías metabólicas que las hacen más activas.

Observando estas diferencias, los investigadores han identificado también claramente dos subgrupos de pacientes con un comportamiento diferente de la enfermedad, de forma que un grupo de pacientes no necesita tratamiento durante mucho tiempo, mientras que otros lo necesitarán más rápidamente.

Asimismo, han observado que el origen de estos dos subgrupos podría encontrarse en las señales activadoras que reciben las células leucémicas en los ganglios linfáticos.

"Gracias al estudio funcional del genoma hemos identificado dos subgrupos claros entre los enfermos y hemos comprobado que la agresividad de la enfermedad es diferente en ambos grupos. Conocer las bases moleculares de estos dos subgrupos permitirá definir tratamientos específicos para cada uno de ellos", ha explicado Roderic Guigó.

El estudio también ha contado con la participación de 37 investigadores que pertenecen al Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica.

[Normas de participación](#)

## 0 Comentarios

Regístrate

1 conectado

		Seguir	
		Compartir en	Comentar como

Recientes | Antiguos

Powered by Livefyre