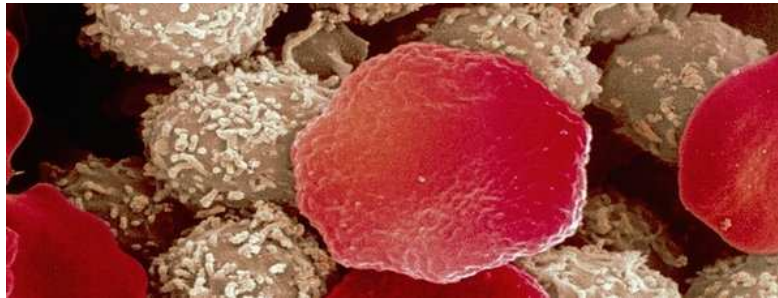


[Regístrate gratis](#)[Suscríbete](#)[Lee La Vanguardia en](#)[Club Suscriptores LV](#)[Iniciar sesión](#)

El genoma de la leucemia allana la vía para mejorar los tratamientos

Gran parte de las mutaciones que causan la enfermedad afectan a regiones del ADN que no contienen genes | Ya se ha iniciado la búsqueda de fármacos a partir de los resultados de la investigación | El trabajo, que se enmarca en un consorcio internacional, está dirigido por los españoles Carlos López-Otín y Elías Campo

Ciencia Big Vang | 22/07/2015 - 21:11h



Células sanguíneas de un paciente con leucemia Getty

JOSEP CORBELLA
Barcelona

Las mutaciones genéticas que causan **leucemias** no siempre se encuentran en los genes. A menudo están en el llamado lado oscuro del **genoma**, es decir, en las vastas regiones del **ADN** que no contienen genes. Así lo demuestran los resultados del proyecto genoma de la leucemia, liderado por investigadores españoles, que se presentan hoy en la revista *Nature*.

Los resultados son relevantes tanto desde un punto de vista teórico como de cara a mejorar los tratamientos de la leucemia. Teórico porque demuestran que el genoma oscuro es importante en el origen de algunos cánceres. A partir de ahora habrá que estudiar qué importancia tienen estas regiones del ADN en los distintos tipos de tumores.

En cuanto a los tratamientos, los resultados indican que la leucemia linfática crónica, la más común en adultos, presenta mutaciones genéticas muy diferentes según cada paciente. Analizando estas mutaciones, se podrán individualizar los tratamientos según el perfil genético de cada caso de leucemia.

Además, la investigación ha desenmascarado los genes más habitualmente alterados en la leucemia linfática crónica. A partir de sus resultados, se ha iniciado el desarrollo de fármacos para contrarrestar estas alteraciones genéticas.

El proyecto genoma de la leucemia es la principal contribución española al Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer, una iniciativa puesta en marcha en el 2008 con participación de veinte países para analizar el genoma de 500 pacientes de los 50 tipos de cáncer más comunes. El proyecto está coliderado por Elías Campo, del instituto Idibaps del hospital Clínic, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo. El equipo español es el primero del consorcio internacional que llega al objetivo de secuenciar los 500 genomas.

Dentro de las leucemias, los investigadores optaron por centrarse en la leucemia linfática crónica (LLC) porque es la más común. Con más de mil nuevos casos diagnosticados cada año en España, representa un 35% de todas las leucemias.

Los primeros resultados de la investigación, presentados en el 2011 en *Nature* con datos de los cuatro primeros pacientes y en el 2012 en *Nature Genetics* con datos de 105 pacientes, ya revelaron que se trata de una enfermedad más heterogénea y compleja de lo esperado.

Los resultados presentados ahora, que ya recogen los datos de 506 pacientes, amplían los de los análisis parciales anteriores y ofrecen una visión más completa.

El estudio de las partes del genoma que contienen genes –el llamado exoma, que representa alrededor del 2% de todo nuestro ADN– ha identificado 59 genes distintos que están involucrados en el origen o la progresión de la enfermedad. Cada uno de ellos, sin embargo, afecta a un porcentaje bajo de pacientes.

Así, el gen que está mutado con más frecuencia, NOTCH1, sólo está alterado en un 12,5% de pacientes –o uno de cada ocho-. También destacan otros genes como ATM (que repara daños en el ADN y que está mutado en un 11% de pacientes), SF3B1 (que regula el ARN y está mutado en un 8,6% de casos) o TP53 (que ordena la autodestrucción de células enfermas y está mutado en un 5,3% de casos).

Cada paciente presenta una media de 27 mutaciones en las regiones del ADN que contienen genes. El análisis de estas mutaciones permite predecir si la leucemia progresará de manera más o menos rápida y guiar la toma de decisiones sobre el tratamiento más adecuado para cada paciente. Así, las mutaciones en NOTCH1, por ejemplo, suelen estar asociadas a formas de leucemia agresivas.

El resultado más novedoso ha llegado cuando se ha ampliado el análisis a aquellas regiones del genoma que no contienen genes y que representan el 98% de nuestro ADN. Estas regiones se han acumulado a lo largo de la evolución y hasta hace poco se las llamaba ADN basura. Investigaciones realizadas en los últimos años indican que tienen algún valor, aunque se desconoce qué partes cumplen alguna función y qué partes son lastre genético inútil. Ahora, de manera más respetuosa, se dice que son el lado oscuro del genoma. Aun así, los estudios genómicos han priorizado el estudio de las regiones que contienen genes al considerar que tienen más valor.

Pero los resultados de la investigación sobre la leucemia “amplían la visión conceptual del estudio del genoma y obligarán a prestar más atención a estas regiones”, declara Elías Campo, del instituto Idibaps del Clínic.

Los investigadores han observado que un 20% de las leucemias linfáticas crónicas se originan por mutaciones en el lado oscuro del genoma. Más allá de las leucemias, han comprobado que hay otros tipos de cáncer que también se inician en regiones del ADN desprovistas de genes. Por ahora lo han verificado en tres tipos distintos de linfoma.

Estas mutaciones ubicadas fuera de los genes se localizan en las llamadas regiones reguladoras. Es decir, en partes del ADN que no son genes pero que controlan el funcionamiento de los genes. Así, la mutación más común identificada en el lado oscuro del genoma afecta, de nuevo, al funcionamiento del gen NOTCH1. Dicha mutación “provoca un acúmulo de NOTCH1 en las células”, lo que favorece la leucemia, informa Xose Puente, investigador de la Universidad de Oviedo y primer autor del artículo de *Nature*.

Ya hay en estudio nuevos fármacos contra NOTCH1 y otros genes alterados en la leucemia linfática crónica, informa Elías Campo. “Estamos trabajando en esta línea y, aunque aún no hemos empezado estudios en pacientes, los resultados en animales son muy positivos”, señala el investigador del Clínic.

Por otro lado, se han identificado fármacos candidatos para actuar sobre 19 de los 59 genes identificados como responsables de la leucemia linfática crónica, aunque aún no se han iniciado estudios sobre ellos. “Confiamos en que estos resultados servirán para mejorar el tratamiento de los pacientes”, concluye Campo.

Otras noticias



Las fiestas sexuales al estilo de Magaluf llegan a Salamanca



China, indignada por el video sexual grabado en un probador de Uniqlo



El último tren para Vermaelen



Messi coloca el 1-0 en su titánico pulso con Cristiano

En otras webs



Recetas para controlar el exceso de colesterol en tus comidas
(AlimentaSonrisas)



Seis celiacos famosos
(DMedicina)



Ser "Gordiflaco" es la nueva tendencia
(Expansión)



Cuatro panaderías ecológicas donde el pan es un arte
(Somos Triodos)

recomendado por

[Normas de participación](#)

0 Comentarios

[Regístrate](#)

17 conectados

		Seguir	
		Compartir en	Comentar como

Recientes | Antiguos

Powered by Livefyre