

Utilizamos cookies propias y de terceros para mejorar nuestro servicio, recoger información estadística sobre su navegación y mostrarle publicidad relacionada con sus preferencias. Si continúa navegando, consideramos que acepta su uso. Puede obtener más información o cambiar la configuración en [política de cookies](#).

[Continuar](#)

ATRESMEDIA

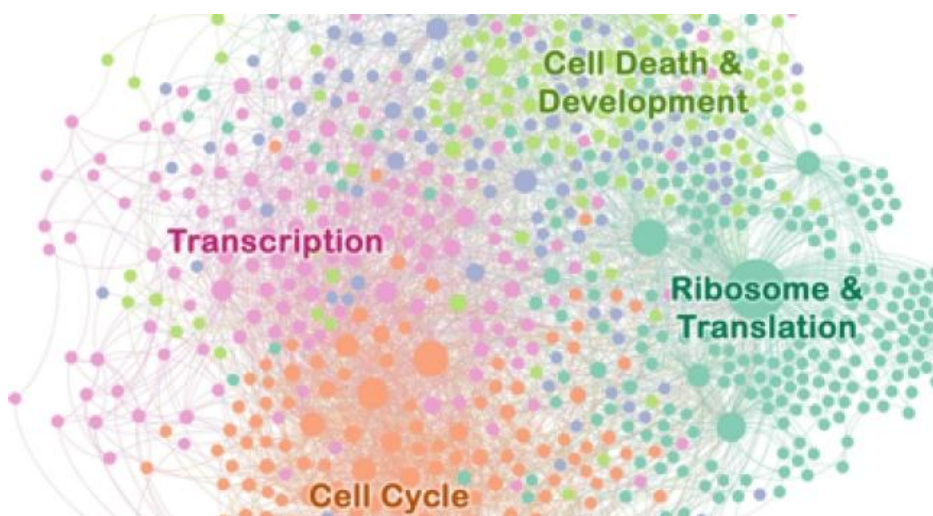
[Buscar en la web](#)
[Neox Kidz](#) [Fórmula 1](#) [Celebrities](#) [Se estrena](#) [Cocinatis](#) [Bienestar](#) [Correr y Fitness](#) [CienciaXplora](#) [TecnoXplora](#) [DefconPlay](#) [Objet](#)

COMUNIDAD
[Entra](#) o [Regístrate](#)
[Innovación](#) [Descubrimientos](#) [Astronomía](#) [Ecología](#) [Naturaleza y Vida](#) [Divulgación](#) [Videoblogs](#) [SINC](#) [TecnoXplora](#)
sinc La ciencia es noticia

FECYT

La agresividad de la leucemia linfocítica crónica está relacionada con la variabilidad genética

Un estudio del CNIO demuestra que los dos subtipos de leucemia linfocítica crónica, mutado y no mutado, presentan distintos niveles de agresividad y están directamente relacionados con la variabilidad genética entre individuos. El estudio se ha publicado en *Genome Medicine*.

 Me gusta [Compartir](#) [Twitter](#) [g+](#)
 Comentarios


CNIO proteínas LLC



El mapa de 'start-ups' de Californi ...



Reparar con células madre humanas c ...



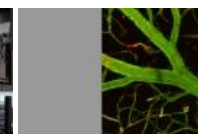
Un dispositivo para rehabilitar el ...



Una ambulancia peptídica supera la ...



Ocho proyectos científicos españoles ...



Una 'ambulancia' peptídica supera l ...



ADN ambiental para controlar las

sinc CNIO | Sinc | Madrid | Actualizado el 05/02/2015 a las 13:47 horas

La variabilidad genética de un tumor podría constituir un factor de predicción de su agresividad: a mayor variabilidad de expresión, mayor agresividad. Esta es la hipótesis que maneja el programa de Biología Estructural y Biocomputación, dirigido por Alfonso Valencia, del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), a raíz de un trabajo publicado en la revista *Genome Medicine*.

El equipo de científicos ha analizado la expresión génica de dos grupos de pacientes con leucemia linfocítica crónica (LLC), el cáncer de sangre más común entre adultos, en el que la médula ósea y los órganos del sistema linfático producen un exceso de linfocitos B.

Este cáncer presenta, a su vez, dos subtipos con consecuencias clínicas muy diferentes entre sí: los pacientes con mutaciones

en la región variable del gen IgVH tienen un mejor pronóstico, ya que la enfermedad es menos agresiva, progresa muy lentamente y no suele requerir tratamiento; estos pacientes alcanzan una supervivencia de más de 20 años. Por el contrario, las LLC que no presentan la mutación son más agresivas y progresan con rapidez, estableciendo una supervivencia de menos de 10 años.

En total, se examinaron 70 muestras de pacientes de LLC con las mutaciones, 52 pacientes sin las mutaciones y 20 muestras control (individuos sin la enfermedad). Con los resultados en mano, los investigadores concluyen que la leucemia sin mutaciones, es decir, la más agresiva, también es la que presenta una mayor variabilidad en su nivel de actividad génica entre individuos.

Contrariamente, aquella que contiene las mutaciones, es decir, la menos agresiva, presenta una menor variabilidad en la expresión de su genoma. Posteriormente, validaron sus resultados contra un segundo grupo de muestras (24 de LLC mutado y 36 de LLC no mutado).

“Nuestra conclusión es que el coeficiente de variación de la expresión génica de las LLC predice eficazmente su agresividad”, explica Valencia. “Lo más importante es que, si estos resultados se confirman con más investigación, podría diseñarse una herramienta de clasificación de pacientes en uno de los dos tipos de LLC, a la cual contribuiría positivamente la medición de la variabilidad de expresión génica”.

500 genes confieren agresividad

Según la investigación, a la agresividad de las LLC contribuyen específicamente un conjunto de 500 genes cuya variabilidad de expresión es mayor entre individuos. Estos son los genes relacionados con procesos de adaptación al medio, como la muerte celular, la proliferación tumoral y la resistencia a fármacos. El próximo objetivo del equipo es descubrir el mecanismo que produce esta elevada variabilidad de expresión génica para un mismo gen entre individuos.

Comprender el fenómeno será de gran relevancia para la oncología, ya que está relacionado con la heterogeneidad de los tumores, una característica considerada clave para la progresión del cáncer y la resistencia a los fármacos: cuanto mayor variabilidad genética posea un tumor, mejor se adaptará a las condiciones en las que se desarrolla y más probabilidades tendrá de prosperar, resistir el ataque de las terapias oncológicas y desembocar en metástasis.

Referencia bibliográfica:

Simone Ecker, Vera Pancaldi, Daniel Rico, Alfonso Valencia. Higher gene expression variability in the more aggressive subtype of chronic lymphocytic leukemia. *Genome Medicine* (2015) doi: 10.1186/s13073-014-0125-z

El estudio ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad, el Consorcio BLUEPRINT y el proyecto español de leucemia linfocítica crónica parte del *International Cancer Genome Consortium* (ICGC).

Me gusta Compartir

0 Comentarios

Más noticias de Sinc

[El hígado graso responde peor ante una infección bacteriana que uno sano](#)

[Ampliado el catálogo de quimeras biológicas para el estudio del genoma](#)