



Actualidad OMC Fundaciones OMC Pacientes Sociedades Científicas Web 2.0 Multimedia

Archivo | Archivo Histórico | Nº 1720 , 23 de Julio de 2015

Buscar en este sitio: BUSCAR

Q

Publicado en Revista Nature



Investigadores españoles descifran las mutaciones genéticas que provocan el 90% de las leucemias linfáticas crónicas

Investigadores españoles han descifrado el genoma de más de 500 pacientes con leucemia linfática crónica, consiguiendo identificar hasta 60 genes distintos cuyas mutaciones - dos de ellas en el lado oscuro del genoma- son responsables del 90 por ciento de los cáncer de este tipo. El trabajo, que ha sido publicado por la revista Nature, supone un hito en la investigación en España, y en el mundo, ya que forma parte del mayor proyecto internacional para el estudio del genoma del cáncer

Madrid, 24 de julio 2015 (medicosypacientes.com/E.P.)

Investigadores españoles han sido los primeros en descifrar el genoma de más de 500 pacientes con leucemia linfática crónica, consiguiendo identificar hasta 60 genes distintos cuyas mutaciones - dos de ellas en el lado oscuro del genoma- son responsables del 90 por ciento de los cáncer de este tipo, lo que supone una "revolución" que permitirá "cambiar" la forma de tratar a estos pacientes.

El trabajo, que ha sido publicado este miércoles por la revista Nature, supone un hito en la investigación en España, y en el mundo, ya que forma parte del mayor proyecto internacional para el estudio del genoma del cáncer, el Consorcio Internacional del Genoma de Cáncer (ICGC), que tiene como objetivo descifrar, para cada uno de los 50 tipos de cáncer más frecuentes, el genoma de las células tumorales de al menos 500 pacientes.

"Es la primera vez que se consigue hacer una cosa así", explicó el profesor Xose Suárez Puente, investigador de la Universidad de Oviedo y primer firmante del artículo de esta investigación, que está dirigida por los doctores Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona.

Gracias a los resultados de esta investigación es posible definir un catálogo de genes cuyas mutaciones provocan esta leucemia. "Cuando los genes se mutan provocan que una célula normal se transforme en tumoral, y dependiendo que mutación tenga la agresividad del tumor, el pronóstico y la respuesta va a ser distinta", advierte.

Al localizar 60 genes se puede decir que el catálogo ya está completo, ya que "la mayor parte de esos genes explican más del 90 por ciento de todos los tipos de leucemia linfática crónica que hay". Esta información será de gran utilidad, de hecho Suárez Puente asegura que "va a cambiar la manera en la que se trata el cáncer; ahora depende del órgano y acabará dependiendo de la firma genética que tenga", y esto en un plazo máximo de dos años.

Se denomina cáncer a una enfermedad cuando lo cierto es que son muchas clases distintas que diferenciamos por órganos (mama, páncreas, hígado, útero, etc). Esto es lo que va a cambiar en el futuro, además este será el paso más importante para la total introducción de lo que se conoce como la medicina personalizada, o medicina de precisión.

"Va a cambiar la manera de tratar a los pacientes, porque lo que se va a mirar son las causas genéticas no el tipo de cáncer", reiteró. Por el momento, esta información se puede utilizar para clasificar a los pacientes en grupos, ya que "dependiendo de que se tenga una mutación u otra se responderá mejor a un tratamiento u otro".

"Hay veces que se secuencia a una persona con cáncer de mama y encuentras que ese tumor tiene las mutaciones que hacen que se parezca mucho al melanoma", esto nos lleva a pensar que ese paciente puede beneficiarse de un tratamiento que se desarrolló para melanoma.

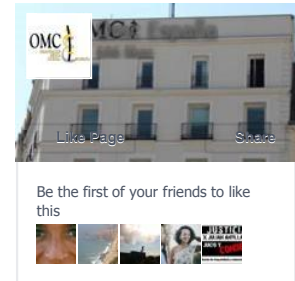
Y si responde, "¿por qué no tener acceso a ese fármaco aprobado para otro tipo de cáncer?", se pregunta el profesor Suárez Puente, quien destacó que la secuenciación "revolucionará" el acceso a tratamientos a los que muchos pacientes no tienen acceso actualmente.

Uno de los hallazgos más importantes ha sido la identificación de mutaciones recurrentes en regiones no codificantes del genoma -que se conoce como el lado oscuro-, lo que aporta nuevas claves sobre el desarrollo del cáncer. Para el investigador es uno de los "hallazgos más relevantes" del estudio, debido a que la "relevancia funcional" de estas regiones "es todavía muy poco conocida".

"En este trabajo se ha demostrado que uno de cada cinco tumores surge por mutaciones en estas regiones oscuras del genoma, y su conocimiento es fundamental, ya que influyen en el pronóstico de la enfermedad", explicó, teniendo en cuenta que estas regiones representan el 98 por ciento de nuestro genoma, pero se conocen tan poco que no se suelen analizar en los pacientes.

"El genoma humano tiene toda la información para hacerte a ti como persona, y hacer todas las células de tu cuerpo, desde una neurona hasta un glóbulo rojo, pero lo que codifica el genoma son proteínas, y la información para hacer esas proteínas son solo el 2 por ciento, ya que tenemos el 98 por ciento del genoma que no codifica proteínas", advirtió.

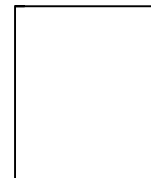
La cuestión es que cuando tenemos una mutación en estas regiones no codificantes los investigadores no saben interpretarlo muy bien - "ni nosotros ni nadie", afirma-, sin embargo es



Opinión Dr. Monés: "Un código necesario para una relación ética"



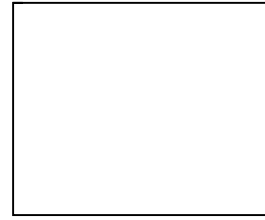
Vídeo Corporativo de la OMC



Vídeo FCOMCI



Video FFOMC



Validación Periódica de la Colegiación



Blog de Salud

- Salud, dinero y atención primaria
- Grupo Evalmed-GRADE
- Osakidetza.info.blogspot
- Blog de la Comisión de Deontología del Colegio de Médicos de Bizkaia
- Motivos para estudiar Medicina
- Derecho Sanitario
- Equipo CESCA
- Salud y otras cosas de comer
- Más que Ciencia
- Humanidades Médicas
- La consulta del doctor Casado



medicosypacientes.com



Recepción por email



[Aviso legal](#)

[¿Quiénes somos?](#)

Este sitio web se ha desarrollado y certificado de acuerdo a los siguientes estándares:

