



HEMATOONCOLOGÍA CIENTÍFICOS ESPAÑOLES SECUENCIAN EL GENOMA

Menos mutaciones en la LLC que en tumor sólido

→ El equipo español que forma parte del consorcio internacional creado para el estudio del genoma del cáncer (ICGC) acaba de anunciar que ha logrado completar la secuencia del genoma de la leucemia linfática crónica.

Redacción

Los investigadores españoles han anunciado que han logrado descifrar el genoma completo de cinco pacientes con esta leucemia, coincidiendo con la publicación ayer en *Nature* del artículo en el que se da cuenta de la labor realizada por el consorcio internacional para el estudio del genoma del cáncer (ver DM del 14-IV-2010). Estos primeros análisis han servido para comprobar que la leucemia linfática crónica (LLC) presenta un número de mutaciones inferior al de los tumores sólidos.

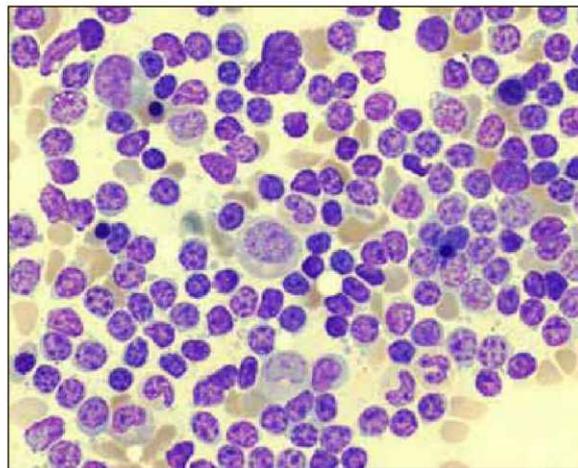
Así lo ha señalado Elías Campo, catedrático de Anatomía Patológica y director clínico del Centro de Diagnóstico Biomédico del Hospital Clínico de Barcelona, director científico, junto con Carlos López Otín, catedrático de Bioquímica y Biología Molecular de la Universidad de Oviedo, del equipo multidisciplinar español que ha completado la secuencia del genoma de la leucemia linfática crónica. Campo y López Otín señalaron ayer en Oviedo en Ovie-

Los investigadores españoles han completado la secuenciación de los genomas de cinco leucemias linfáticas crónicas

do que están analizando la secuencia de los genomas descifrados. La primera observación extraída del estudio revela que el número de mutaciones parece inferior al que presentan los tumores sólidos, probablemente porque los mecanismos que llevan a las mutaciones son también diferentes, según ha indicado Elías Campo; el trabajo de este investigador ha resultado recientemente

en la descripción de cuatro regiones del genoma asociadas con un mayor riesgo de desarrollar la LLC (ver DM del 11-I-2010).

Ahora están tratando de determinar entre las mutaciones encontradas cuáles son pasajeras y aquellas que son conductoras. Campo calcula que presentar resultados concretos puede ser cuestión de meses. El ritmo de trabajo se ha acelerado con la experiencia. Si para descifrar el primer genoma necesitaron varios meses para los dos últimos "hemos requerido menos de un mes y a partir de ahora podemos hacerlo en semanas". Para descifrar el primer genoma humano fue necesaria una década. Campo ha puesto de relieve la importancia de



Leucemia linfática crónica.

que España esté incorporada de lleno en un proyecto a escala mundial cuyo objetivo es secuenciar un total de 25.000 genomas de los 50 tipos de cáncer más frecuentes con el fin de identificar las alteraciones genéticas implicadas en cada tumor y así desarrollar métodos diagnósticos más precisos y terapias más eficaces y selectivas en su abordaje.

Objetivos

Los primeros proyectos puestos en marcha tendrán una duración de cinco años. Actualmente, el ICGC está trabajando en la secuencia

de más de 10.000 genomas de una veintena de diferentes tipos y subtipos de cáncer. En el plazo de entre uno y dos años se espera obtener la financiación para iniciar los trabajos que permitan alcanzar los objetivos planteados.

Los restantes autores españoles del estudio publicado en *Nature* pertenecen al Centro de Regulación Genómica de Barcelona, el Instituto Catalán de Oncología, el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (Madrid), el Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca y la Universidad de Deusto (Bilbao).

La elección de la leucemia linfática crónica como el genoma en el que España ha concentrado su esfuerzo investigador está relacionada con la amplia experiencia de varios equipos en el estudio de esta enfermedad y la disposición de muestras asociadas a una completa base de datos.

MORTALIDAD VARIABLE

La leucemia linfática crónica constituye el 35 por ciento de todas las leucemias, con una incidencia de entre tres y siete por 100.000 habitantes, mientras que en población mayor de 60 años la incidencia es de entre 12 y 15 casos por 100.000. La enfermedad muestra un comportamiento muy heterogéneo, con

casos en los que la mortalidad es similar a la de la población general y otros en los que la supervivencia es de entre cinco y ocho años. Esta variabilidad se debe a diferencias genético-moleculares aún poco caracterizadas. Algunas regiones cromosómicas están asociadas con un mayor riesgo de padecer LLC.