# El genoma de la leucemia abre la vía para una mejora en su tratamiento

Científicos españoles descifran las claves del cáncer más común de la sangre



investigador del hospital y Carlos López-Otín, Universidad de Oviedo, lideran la investigación



**JOSEP CORBELLA** 

Barcelona

Tras analizar los 105 primeros genomas de personas con leucemia linfática crónica, la forma más común de leucemia, un equipo de investigadores españoles han identificado 78 genes diferentes que parecen estar involucrados en el origen o la progresión de la enfermedad.

Los resultados de la investigación, presentados ayer en la web de la revista Nature Genetics, obligan a redefinir la visión que los médicos tienen de la leucemia, que emerge como una enfermedad más heterogénea y compleja de lo que se asumía hasta ahora. A diferencia de otros cánceres, en que unas pocas alteraciones genéticas explican la gran mayoría de casos, en la leucemia linfática crónica (LLC) muchas alteraciones genéticas explican pocos casos.

Pero, dentro de esta complejidad, los resultados de la investigación abren la vía a mejorar el tratamiento de la LLC. Algunas de las alteraciones genéticas que se han identificado están involucradas también en otros tipos de cáncer y ya existen fármacos para contrarrestarlas. Los investigadores tienen previsto estudiar si estos fármacos son eficaces en algunos pacientes con leucemia.

Se han identificado otras dos alteraciones genéticas que afectan a un 10% de pacientes cada una y que están relacionadas con formas agresivas de leucemia. El estudio de estas alteraciones, que afectan a los genes NOTCH1 y SF3B1, ya ha empezado a aportar pistas para comprender por qué favorecen una progresión rápida de la enfermedad y para buscar tratamientos contra ellas.

En conjunto, estos resultados apuntan a una nueva estrategia en el tratamiento de la leucemia. "Tendremos que hacer análisis genéticos más detallados de las células tumorales para conocer todo su perfil de mutaciones; con los resultados de los análisis, podremos pronosticar cómo progresará la leucemia y decidir el tratamiento más adecuado para cada paciente", explica Elías Campo, hematólogo del instituto de investigación Idibaps del hospital Clínic de Barcelona y coordinador de esta investigación junto a Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo.

El proyecto Genoma de la leucemia se enmarca en el Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer, que prevé secuenciar los genomas de las células tumorales de 500 pacientes para cada uno de los 50 tipos de cáncer más frecuentes. El de la leucemia es el único de los 50 proyectos que está liderado desde España. El consorcio internacional, puesto en marcha en el 2008 con participación

de veinte países, aspira a catalogar las alteraciones genéticas más relevantes de los cánceres más comunes con el objetivo de mejorar su diagnóstico y su tratamiento.

En el caso de LLC, enfermedad de la que se diagnostican más de mil nuevos casos al año en España y que representa un 35% de todas las leucemias, los resultados de los primeros 105 pacientes ya ofrecen una visión general de cómo se altera el genoma y permiten empezar a definir futuras líneas de investigación.

Los coordinadores del proyecto tienen previsto acabar la secuenciación de los 500 genomas a

### Los resultados presentados ayer en la web de 'Nature Genetics' redefinen la visión de la leucemia

lo largo del 2013. "Avanzamos cada vez más rápido", explica Elías Campo. "Nos costó un año y medio completar los cuatro primeros genomas y ahora hemos tardado menos de un año en completar más de cien".

El gran reto que tienen ahora los investigadores es "agrupar casos que aparentemente no tienen relación entre ellos" en una nueva clasificación de las leucemias, explica Carlos López-Otín. "Esta es ahora mismo una prioridad para nosotros".

Han observado ya que alteraciones genéticas diferentes tienen efectos similares en las células tumorales. Por ejemplo, las alteraciones en el gen SF3B1, que se dan en el 10% de las LLC, afectan al mecanismo por el que la célula fabrica proteínas a partir de la información del ADN. Cuando esto ocurre, algunas proteínas importantes de la célula resultan defectuosas. Los investigadores han hallado alteraciones en otros tres genes que afectan al mismo mecanismo. "Este mecanismo, por lo tanto, es común a leucemias que tienen alteraciones genéticas distintas", explica Elías Campo. "Pensamos, aunque por ahora es una hipótesis, que si el mecanismo es el mismo, la enfermedad tendrá una progresión similar y responderá a unos mismos tratamientos incluso si la alteración genética original no es la misma".

> **Este domingo** una nueva entrega:

tenedor v cuchillo.

P.V.P. **}3**€

Por solo

### Cuando España apostó por la genómica

■La iniciativa de España de integrarse en el Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer partió del Ministerio de Ciencia e Innovación que dirige, ahora en funciones, Cristina Garmendia. Carlos López-Otín contactó entonces con Elías Campo para convencerle de presentar un proyec-

to sobre leucemia. "Pero si yo nunca he trabajado en genomas", objetó Campo. "Yo nunca he trabajado en cáncer humano", contestó López-Otín. "Pero juntos haremos un buen equipo porque yo sí trabajo en genomas y tú sabes mucho de leucemias". Al equipo se han sumado después

gran parte de los principales centros de investigación biomédica de España, como el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), el Centre de Regulació Genòmica (CRG), el Institut de Recerca Biomèdica de Barcelona (IRB) o el Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca.

## Completa la colección con nuevas entregas de packs de tenedor y cuchillo chuleteros.

### Tenedor chuletero:

especialmente diseñado para ser el complemento ideal del cuchillo chuletero.

#### Cuchillo chuletero:

poderosa hoja de acero inoxidable, con filo dentado especial, para realizar los más perfectos cortes en todo tipo de carnes.





