



Descifran cómo funciona el genoma de la leucemia más frecuente

Los resultados del estudio abren la puerta para desarrollar nuevos tratamientos contra este cáncer.

Un grupo internacional de científicos ha descifrado cómo funciona el genoma completo de la leucemia linfática crónica, el tipo de leucemia más frecuente, lo que abre la puerta a desarrollar nuevos tratamientos contra este cáncer, según un estudio que publica este lunes Nature Medicine.

El estudio, coordinado por Iñaki Martín-Subero, del español Hospital Clínic-IDIBAPS, proporciona un mapa en alta resolución de las funciones del genoma y supone una nueva aproximación a la investigación molecular del cáncer.

Según Martín-Subero, la comparación del mapa de la leucemia con el mapa de las células sanas ha revelado cientos de regiones que cambian su funcionalidad en la leucemia, lo que ayuda a comprender mejor la enfermedad y a desarrollar nuevas terapias.

Hasta ahora, los estudios moleculares de la leucemia, y de otros tipos de cáncer, se habían centrado en analizar moléculas de sólo una capa de información, que proporcionaba una visión parcial y no permitía dibujar un mapa preciso de las funciones del genoma.

"Este es un estudio sin precedentes en la investigación genómica del cáncer -en el que han participado 51 investigadores de 23 centros de 6 países- y subraya la importancia de integrar diferentes capas de información molecular para comprender mejor la enfermedad", dijo el director de Investigación del Hospital Clínic Elías Campo, coautor del estudio.

Usando técnicas de secuenciación de última generación y herramientas de biología computacional avanzadas, han podido hacer un mapa detallado del funcionamiento del genoma de la leucemia.

"Conocer la secuencia del genoma -según Martín-Subero- no era suficiente para saber cómo funciona; para conocer sus funciones y su regulación era necesario el análisis integrador de múltiples capas epigenéticas".

La investigadora del IDIBAPS Renée Beekman detalló: "el reto más importante al que nos enfrentamos una vez generados los datos era cómo analizar e integrar tantas capas de información", para lo que contaron con la colaboración del Centro de Computación de Barcelona.



Sala de Prensa

"Han sido tres años intensos de análisis informáticos para poder completar el mapa funcional de la leucemia", destacó Beekman.

Los investigadores han podido identificar con precisión regiones con funciones específicas, como las zonas oscuras del genoma, conocidas como 'ADN basura', pero que en realidad contienen multitud de regiones esenciales para que el genoma funcione.

"De manera similar a un mapa geográfico, donde se representan pueblos, montañas o ríos - explicó Martín-Subero-, hemos podido cartografiar por primera vez el mapa completo de las funciones del genoma de la leucemia, definiendo genes activos, genes inactivos, regiones que no contienen genes pero controlan su expresión o grandes desiertos inactivos del genoma".

"En total -concretó- hemos identificado que el mapa del genoma contiene un total de 12 funciones diferentes".

"También hemos podido observar cómo cambia el mapa de la leucemia en comparación con el mapa de las células sanas, y como las leucemias son capaces de crear una infraestructura molecular muy eficiente para crecer sin control. Por así decirlo, donde antes había un desierto, las células de cáncer crean núcleos industriales", puso como ejemplo Beekman.

Martín-Subero añadió: "además, descubrimos que tan sólo tres familias de proteínas parecen estar encargadas de dicho cambio. Siguiendo con la metáfora, se podría decir que tan sólo tres empresas se encargan de construir y mantener todas las industrias", por lo que la acción de estas tres familias de proteínas puede ser inhibida con fármacos que ya se están desarrollando.

En este sentido, Elías Campo apuntó que "quizás este es el aspecto translacional más importante del estudio, ya que ofrece una perspectiva terapéutica mediante la cual se puedan revertir las alteraciones funcionales en la leucemia".

"Este mapa tan completo no sólo nos permite comprender mejor la leucemia a nivel molecular, si no que también ofrece una gran fuente de información para otros investigadores para hallar un mejor tratamiento para los pacientes", concluyó Martín-Subero.