



## Científicos de Salamanca ayudan a descifrar el genoma de la leucemia linfática crónica

**DICYT**  
SALAMANCA

Un colectivo español de investigadores ha secuenciado el genoma completo de pacientes con leucemia linfática crónica e identificado mutaciones que aportan nuevas claves sobre esta enfermedad, la más común de los tipos de leucemia en países occidentales. El estudio, hecho público ayer en la revista *Nature*, está dirigido por los investigadores Elías Campo, del Hospital Clínic y la Universidad de Barcelona, y Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y ha contado con la participación de más de 60 investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, entre ellos, los del Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca, que mañana explicarán a los medios de comunicación su contribución a este avance científico.

“La leucemia linfática crónica es la leucemia más frecuente en los países occidentales, con más de mil nuevos pacientes diagnosticados cada año en nuestro país”, explica Elías Campo en declaraciones distribuidas por el Ministerio de Ciencia e Innovación. Se sabe que la causa de la enfermedad es la proliferación incon-

trolada de los linfocitos B de los pacientes. “Sin embargo, se desconoce qué mutaciones la provocan”, precisa Campo.

### Resultados del estudio

El genoma humano está formado por más de tres mil millones de unidades químicas llamadas nucleótidos. Al secuenciar el genoma, cada nucleótido se lee al menos 30 veces para verificar que la lectura es la correcta, y así poder asignar con total certeza las mutaciones identificadas.

En este trabajo, los investigadores han utilizado la más avanzada tecnología para secuenciar los 3.000 millones de nucleótidos del genoma completo de las células tumorales de cuatro pacientes y lo han comparado con la secuencia del genoma de las células sanas de los mismos individuos. “Esta aproximación nos ha permitido comprobar que cada tumor ha sufrido unas mil mutaciones en su genoma” aclara Carlos López-Otín. “El posterior análisis de los genes mutados en un grupo de más de 300 pacientes permitió identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia”, revela el investigador. ■