



Pacientes zamoranos ayudan a descifrar el genoma de la leucemia linfática

El proyecto mundial halla 4 alteraciones que determinan el desarrollo del tumor

OLGA PRIETO
SALAMANCA

Es solo el principio de un camino que conduce a un horizonte prometedor, pero constituye todo un hito en el conocimiento de la leucemia más frecuente en los países occidentales, la linfática crónica (LLC), cuya incidencia aumenta con la edad, hasta generar cada año 16 casos nuevos por cada 100.000 habitantes.

Ayer, la revista *Nature*, un referente mundial en el ámbito científico, publicó los resultados de un estudio internacional que ha permitido descifrar el genoma completo de cuatro afectados por esta enfermedad oncológica e identificar cuatro alteraciones genéticas concretas que están detrás del desarrollo y la progresión de la patología. Los resultados han sido validados en 363 pacientes españoles, de los cuales más de un centenar, entre los que se encuentran algunos zamoranos y abulenses, son tratados en el complejo hospitalario salmantino, que tiene un activo papel en el trabajo, junto con el Centro de Investigación del Cáncer de la Universidad de Salamanca.

Presentación simultánea en Madrid

Así lo explicaron ayer los doctores Marcos González Díaz y Jesús María Hernández Rivas, investigadores del servicio de Hematología del hospital y firmantes del estudio,



Jesús María Hernández Rivas (izquierda) y Marcos González Díaz, en el Centro del Cáncer.

impulsado por el Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, uno de los que integran el mayor proyecto de la historia de investigación contra el cáncer, y en el que científicos de 11 países pretenden secuenciar los 50 tumores más importantes en la actualidad. Durante su intervención, que tuvo lugar de forma simultánea a la presentación de los resultados en la sede del Ministerio de Ciencia e Innovación, los especialistas recordaron que el pronóstico de este tipo de leucemia -que se produce por la proliferación incontrolada de los linfocitos B- es "muy heterogéneo", de forma que mientras unos enfermos tienen una supervivencia menor a dos años, en otros el cáncer permanece asintomático, y su expectativa de vida es similar a la del resto de la

población. "Es algo intrigante y tenemos que saber por qué", indicó el doctor González Díaz, responsable de la unidad de Biología Molecular y HLA del hospital salmantino y miembro del panel de expertos que valida el diagnóstico de los afectados que participan en el trabajo.

"El objetivo del estudio es descubrir por qué varían los pronósticos, determinando qué genes están alterados y de qué manera explican el desarrollo de la enfermedad", aclaró el científico, quien señaló que aunque el análisis del genoma descubrió un millar de mutaciones, "muchas no tenían mucho sentido", hasta que se definieron "menos de 40 genes candidatos a tener un efecto patogénico en el desarrollo y la progresión de la enfermedad".

Para comprobarlo, y a través de sofisticadas herramientas informáticas, los investigadores evaluaron muestras de 363 pacientes -más de un centenar del complejo asistencial de Salamanca y unos 200 del Clínic de Barcelona- para comprobar si en ellos estaban presentes estas alteraciones, un análisis que permitió identificar "cuatro genes que presumiblemente tienen que ver con la aparición y la progresión" de esta patología.

3.000 millones de unidades químicas

A partir de ahora, este estudio en el que han participado 12 instituciones del país continuará secuenciando el genoma de afectados por leucemia linfática crónica -de hecho, ya se han analizado varias decenas-, ya que actualmente "se puede realizar un análisis completo en unas semanas". Sin embargo, a partir de ahí llega lo más complicado, que es procesar los 3.000 millones de letras o unidades químicas que constituyen el genoma completo de las células tumorales -llamadas nucleótidos- y compararlas con la secuencia de las células sanas, para lo cual se requieren avanzadas tecnologías.

En este sentido, el doctor Marcos González apuntó que aunque el objetivo inicial del consorcio era realizar la secuenciación genética de 500 enfermos por cada tipo de tumor, "cuando hayamos analizado unos 100 afectados evaluaremos si merece la pena hacer una secuenciación completa de todos o ir a análisis dirigidos a determinadas mutaciones, porque lo importante es validar los hallazgos en series largas de enfermos, para ver si esas alteraciones se encuentran en ellos". ■