



'SIDRÓN'



Herramienta para identificar las mutaciones

El análisis del volumen de datos generado ha exigido crear programas especializados, como el diseñado por la Universidad de Oviedo

Terapias más eficaces y menos tóxicas

O. PRIETO
SALAMANCA

Cuando hace algo más de un año los responsables del estudio en Salamanca avanzaban las prometedoras expectativas del proyecto, también aclararon que la secuenciación del genoma completo de la leucemia linfática crónica (LLC) permitiría diseñar en un periodo "de cinco a diez años" fármacos nuevos dirigidos a las alteraciones genéticas concretas causantes del tumor en cada paciente.

Ayer, el doctor Marcos González subrayaba la trascendencia de este primer hallazgo de genes implicados en el desarrollo y el pronóstico de la enfermedad, aunque recordaba la necesidad de mostrarse prudentes. "Es un logro muy importante, aunque desde el punto de vista práctico no sea inmediato. De hecho, si preguntan por su utilidad, diré que de hoy para mañana, ninguna", reconoció. Sin embargo, este científico del servicio de Hematología del hospital recordaba que en la actualidad se están dando significativos pasos en patologías que en 1979, cuando comenzaron a estudiarse, "eran mortales, y que hoy se curan".

A este respecto, resaltó que conocer "cuál es la ruta metabólica afectada" en el genoma de este tipo de cáncer permitirá, "a la vuelta de no muchos años", desarrollar "terapias más específicas, menos tóxicas y más dirigidas a dianas tumorales concretas". De hecho, como recordó el doctor Jesús María Hernández Rivas, responsable de la unidad de Genética del servicio hospitalario y también miembro del panel de expertos que valida el diagnóstico de los participantes en el proyecto, "la detección de mutaciones de determinados genes ya está determinando el tratamiento de algunos tumores y está permitiendo saber por qué unos afectados se curan y otros no".

Como indicaron los especialistas, en algunas patologías oncológicas una sola alteración genética es responsable de la afección, algo que no es probable que suceda en

Los científicos recuerdan que la utilidad práctica del hallazgo no es inmediata, pero subrayan su trascendencia cara a un futuro próximo



La ministra de Ciencia e Innovación, junto a Carlos López-Otín (izquierda) y Elías Campo, directores del proyecto.

EFE

el caso de la leucemia linfática crónica, según los investigadores del hospital salmantino, quienes aclararon que dos de los cuatro genes hallados en el estudio "están implicados en la forma más agresiva" de este cáncer, la que arroja el peor pronóstico para los pacientes.

Garmendia promete medios

Además, el doctor Hernández Rivas apuntó que una de las mutaciones descubiertas "no es nueva", y curiosamente ya se había descrito para otro tipo de leucemia, la linfoblástica aguda de células T, para la que se están diseñando fármacos que, quizás, podrían beneficiar también a los enfermos con LLC.

La exposición en Salamanca de los primeros resultados de la

secuenciación del genoma completo de este tumor coincidió con la presentación que realizaron en Madrid los responsables del estudio en un acto en el que también intervino la ministra de Ciencia e Innovación, Cristina Garmendia, que aseguró que su departamento se dotará "de presupuestos específicos para que este triunfo científico pueda llevarse a la práctica clínica con la mayor brevedad posible".

Por su parte, uno de los directores del trabajo, el profesor Carlos López-Otín, catedrático de la Universidad de Oviedo, recordó que uno de los retos en la genética del cáncer es descubrir qué alteraciones juegan un papel clave en el origen de la enfermedad. Sin embargo, aclaró que la información genómica "no repre-

senta la curación rápida ni definitiva" de la patología, sino "la posibilidad de ofrecer a los oncólogos todos los datos sobre cada tumor y cada paciente".

Por otro lado, y en relación a la posición de nuestro país en este ámbito científico, los doctores González Díaz y Hernández Rivas destacaron la relevancia que tiene el hecho de que el trabajo sobre la LLC se haya adjudicado al grupo español, dentro del Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer, teniendo en cuenta que la iniciativa ha dado lugar a candidaturas de todo el mundo. De hecho, otros países analizarán dentro del consorcio otros tipos de cáncer, entre ellos Canadá (páncreas), Francia (hígado y mama), India (boca) y Japón (hígado). ■

Agradecimiento a los profesionales y a los enfermos participantes

■ El Consorcio Español para el Estudio del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está formado por una docena de instituciones, entre ellas el Hospital Universitario de Salamanca y el Centro de Investigación del Cáncer, además de los siguientes centros: el Clínic de Barcelona; el Instituto Universitario de Oncología de Oviedo; la Universidad de Barcelona; el Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer; el Centro de Regulación Genómica de Barcelona; la Fundación Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge-Instituto Catalán de Oncología; el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas; las universidades de Deusto y Santiago de Compostela; el Centro Nacional de Supercomputación de Barcelona y el Centro Nacional de Análisis Genómico.

■ Sobre la participación salmantina, los doctores Hernández Rivas y González Díaz agradecieron el trabajo del director del CIC, Eugenio Santos; del jefe del servicio de Hematología, Jesús San Miguel -uno de los impulsores de la candidatura española- y del subdirector del Banco Nacional de ADN, Enrique de Álava, así como la importante contribución de los profesionales del hospital que han colaborado en la recogida y el procesamiento de las muestras. También subrayaron su reconocimiento "por el esfuerzo generoso" de los más de 100 pacientes que dieron su consentimiento para disponer de las muestras necesarias para avanzar en el estudio.

■ Hasta ahora, la identificación de los daños que sufren las células normales, causantes del cáncer, era un proceso lento y laborioso. Sin embargo, ya existen sofisticados equipos para la secuenciación masiva de genomas -uno de ellos está disponible en Salamanca-, aunque la principal dificultad está en interpretar los datos.