



Los investigadores Jesús María Hernández y Marcos González en el Centro de Investigación del Cáncer (CIC).

J. M. GARCÍA

SALAMANCA

# Avances contra la leucemia

**EL CENTRO DE INVESTIGACIÓN DEL CÁNCER PARTICIPA EN UN PROYECTO QUE HA IDENTIFICADO MUTACIONES GENÉTICAS EN LOS PACIENTES CON LEUCEMIA**

ICAL

Un colectivo español de investigadores, integrado, entre otros por científicos del Centro de Investigación del cáncer de la Universidad de Salamanca, ha secuenciado el genoma completo de varios 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, publicado en la revista *Nature*, está dirigido por investigadores del Hospital Clínic, la Universidad de Barcelona y 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. Gracias a la colaboración de todos, se lograron ver alteraciones y muchas mutaciones "aunque la mayoría sin demasiado sentido", reveló el investigador de Servicio de Hematología del

Complejo hospitalario de Salamanca, Marcos González, quien explicó cómo, poco a poco, se fue detectando que en torno a 40 genes podían ser candidatos a derivar en este tipo de leucemia. Filtrando aún más los resultados de los 300 pacientes de la enfermedad analizados (un tercio de ellos en Salamanca) se logró determinar que existen cuatro genes presentes también en otras muestras de leucemia linfática crónica que son, por tanto, mutaciones que tienen que ver con la patología y el desarrollo de la enfermedad.

Aunque no va a originar resultados a corto plazo, el hallazgo permitirá el trabajo de creación de fármacos dirigido específicamente a esas cuatro nuevas dianas con lo que, poco a poco, explicaron los expertos, se van dando pasos para lograr individualizar los tratamientos de cada paciente.

El genoma humano está formado por más de 3.000 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 el trabajo los investigadores utilizaron 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.

Los expertos ven el futuro con optimismo y, sin atreverse a hablar de plazos, creen que en no muchos años "se podrá disponer de terapias específicas" ya que, a medio plazo, se podría disponer de una herramienta diagnóstica que, analizando 20 genes, ofrezca evidencias sobre cómo actuar. "Será más fácil y más barato", recalzó González quien recordó que este macroproyecto se inició hace un año cuando se formó un consorcio mundial para estudiar los 50 tumores más comunes en la sociedad. ■