## EL ADELANTO DE SALAMANCA

SALAMANCA

Prensa: Diaria

Tirada: 6.440 Ejemplares
Difusión: 4.810 Ejemplares



Página: 6

Sección: LOCAL Valor: 308,00 € Área (cm2): 220,8 Ocupación: 21,63 % Documento: 1/1 Autor: O. PRIETO Núm. Lectores: 32000



Hernández Rivas y González Díaz, científicos del hospital y participantes en el Consorcio. GARCÍA

## Identifican más de mil mutaciones genéticas asociadas a la leucemia

13/12/11

O. PRIETO

Hace seis meses, científicos del Centro de Investigación del Cáncer y del Hospital daban a conocer en Salamanca los prometedores resultados de un estudio de alcance mundial que había permitido descifrar el genoma completo de cuatro afectados por leucemia linfática crónica (LLC). Con el hallazgo, el Consorcio Español del Genoma de la LLC, del que forman parte los dos centros salmaninos, se apuntaba su primer tanto dentro del mayor proyecto internacional de la historia de la investigación oncológica, el Consorcio

Internacional del Genoma del Cáncer (ICGC, por sus siglas en inglés) una iniciativa que implica a 11 países para secuenciar los genes de los 50 tumores más importantes en la actualidad.

Ahora, el equipo español, encargado de evaluar este tipo de leucemia, da un paso más tras lograr identificar más de 1.000 mutaciones genéticas implicadas en esta enfermedad hematológica cuya incidencia aumenta con la edad y de la que cada año se diagnostica un millar de casos. De todas ellas, a los investigadores les ha llamado especialmente la atención la del gen SF3B1, ya que parece que los enfermos con este gen alterado muestran un desarrollo más rápido del cáncer y una peor supervivencia.

El trabajo, publicado en la revista *Nature Genetics* y recogido por el periódico *El Mundo*, ha revelado "nuevas rutas bioquímicas que pueden ser muy relevantes en la búsqueda de alternativas terapéuticas para esta forma de leucemia", según ha explicado al diario el doctor Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo y uno de los coordinadores del proyecto. El especialista recuerda que en el estudio anterior los científicos secuenciaron los genomas tumorales completos de cuatro pacientes e identificaron cuatro alteraciones que están detrás del desarrollo y la progresión de la patología, resultados que fueron validados en 363 afectados, de los cuales más de 100 son tratados en el complejo hospitalario salmantino. II