EL MUNDO DE CASTILLA Y LEON
VALLADOLID
24/02/15
Prensa: Diaria
Tirada: 19.372 Ejemplares
Difusión: 14.333 Ejemplares
Cód: 90460137
Página: 9
Sección: REGIONAL Valor: 1.179,00 € Área (cm2): 320,6 Ocupación: 38,22 % Documento: 1/1 Autor: Núm. Lectores: 57332

El Centro del Cáncer y el IBM definen el patrón genético de un tipo de linfoma

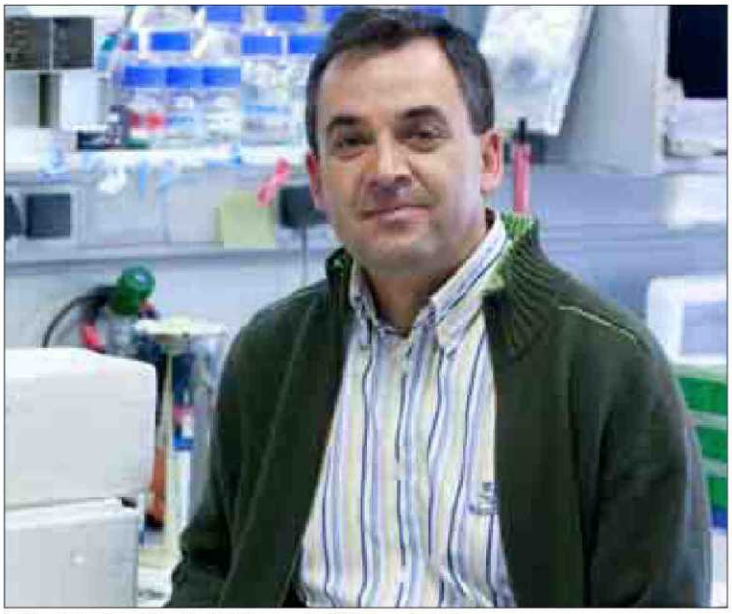
La investigación es fruto de la colaboración con las universidades de Nebraska y Stanford

SALAMANCA

Investigadores de la Universidad de Stanford, de la Universidad de Nebraska (EE.UU) y del Centro de Investigación del Cáncer e Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer (IBMCC), en Salamanca, han logrado definir pormenorizadamente el patrón genético del linfoma folicular, un tipo de cáncer incurable, y su evolución, mediante el análisis filogenético de una serie de biopsias tumorales, según informaron ayer fuentes de la investigación.

El trabajo se titula 'CREBBP mutations in folicular progenitors', será publicado en el próximo número de Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS) y supone un avance «muy relevante», porque la descripción de los mecanismos patológicos que explican el desarrollo de cualquier linfoma representa un «gran reto» para la investigación, según recoge Ical.

La dificultad radica en la enorme complejidad del sistema linfoide, por su localización en el cuerpo y por la implicación en el mismo tanto un gran número de líneas celulares como de mecanismos moleculares.



Isidro Sánchez García del Centro del Cáncer de Salamanca. ICAL

AVANCE

El linfoma folicular es uno de los más de veinte Linfomas no hodgkinianos y es un cáncer incurable con los tratamientos convencionales que tiene una evolución clínica caracterizada por recaídas tras la terapia. Desde el punto de vista genético, se caracteriza por la translocación del protooncogén BCL2 y genes implicados en la modificación de la cromatina. Los científicos firmantes del artículo han logrado identificar en el 96 por ciento de los tumores de linfoma folicular genes mutados, y confirmado en el 76 por ciento dos o más genes modificadores de cromatina, mediante el análisis de células tumorales aisladas (purificadas). Además, han definido la jerarquía de las mutaciones somáticas aparecidas durante la evolución del linfoma folicular, mediante el análisis de biopsias de veintidós pacientes. Entre todos los genes mutados analizados en la investigación, destaca el gen CREBBP por varios motivos. Por una parte, la mutación de CREBBP es temprana y contribuye a evitar la vigilancia inmunológica. El desarrollo de un cáncer no sólo implica cambios en elcrecimiento incontrolado de determinadas células, sino que también implica que las células cancerígenas no sean reconocidas por el sistema inmunológico.

Por consiguiente, manifestaron que CREBBP permite explicar el mecanismo de evolución del linfoma folicular y además puede ser una «buena diana terapéutica» para el desarrollo de nuevos fármacos.