



# El 'big data' identifica genes que influyen en los cánceres de colon más agresivos

El Centro del Cáncer usa herramientas informáticas para analizar la genética de 1.273 tumores y la supervivencia de los pacientes

A.B. | SALAMANCA

“Sin 'big data' no hubiera sido posible este proyecto”. El investigador del Centro del Cáncer de Salamanca Javier de las Rivas explica la importancia que ha tenido la gestión de miles de datos en la genómica y el conocimiento del cáncer. Su proyecto ha permitido vincular la expresión de genes con la agresividad de los tumores colorrectales.

El experto detalla que se llevó a cabo en Salamanca la recogida de 1.273 muestras de tumores recibidos de siete centros sanitarios diferentes que habían sufrido un cáncer de colon. Además también se analizó el tiempo de supervivencia de esos pacientes. En concreto, se integraron los datos completos de la secuencia de ARN sumados a los del tiempo de vida. En este punto entra la especialización del grupo en bioinformática —dentro del equipo hay un ingeniero informático o Santiago Bueno-Fortes del departamento de Estadística de la Universidad, firmante del primer trabajo—. En la investigación se aplicaron algoritmos y cálculos computacionales para identificar los genes marcadores de riesgo y así clasificarlos en

cuatro subtipos, atendiendo a su biología molecular. Si los genes identificados están altamente expresados en el tumor de un paciente, implican que van a tener un mal pronóstico.

A través de este estudio, demostraron que la pérdida del gen CDKN1A y su correspondiente proteína p21, que ya estaban estudiando en el Hospital Universitario de Erlangen con el que colaboran, está asociada con tumores de colon más agresivos por tener peor supervivencia general a los cinco años y que suelen ser diagnosticados en etapas más avanzadas. “Este trabajo no se puede hacer si no aplicamos los algoritmos y si no utilizamos los servidores de alta computación que tenemos en el Centro del Cáncer”, detalla De las Rivas.

**Medicina de precisión en el cáncer de colon.** Una de las claves de que este trabajo se haya desarrollado sobre el cáncer de colon es que es uno de los tumores sobre los que se sigue realizando un tratamiento más tradicional teniendo en cuenta criterios clásicos como el tamaño o la extensión, a diferencia del de mama en el que los componentes genéticos



Elena Sánchez, Enrique de la Rosa, Natalia Alonso, José Manuel Sánchez y Javier de las Rivas. | CC

ya afectan a la hora de plantear uno u otro tratamiento. “El cáncer de colon estamos todavía en el inicio. No tenemos unos buenos genes marcadores y por eso es lo interesante de nuestro estudio”.

De las Rivas precisa que el hallazgo del Centro del Cáncer es de “unos buenos primeros candidatos” que habría aún que validarse con otras cohortes, pero es un buen camino. “Hemos encon-

trado marcadores genéticos que están asociados a la supervivencia. El asunto es precisamente discernir aquellos que podemos predecir que van a tener un peor pronóstico”.