



# Una vigilancia más estrecha del cáncer

Una herramienta informática, desarrollada en el laboratorio del científico gallego Xosé Bustelo, analiza en detalle las alteraciones genéticas del genoma de las células cancerosas

REDACCIÓN  
VIGO

Un equipo de investigadores del Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca (CIC-CSIC-US), instituto mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad de Salamanca, ha desarrollado una nueva herramienta informática, denominada CiberAMP, para analizar con más detalle las alteraciones genéticas del genoma de las células cancerosas. La herramienta permite establecer, por primera vez, correlaciones directas entre cambios en el número de copias de genes en las células tumorales y los niveles de expresión de estos, así como identificar alteraciones genéticas con un papel directo en el desarrollo del cáncer. El trabajo se ha elaborado por el laboratorio dirigido por el investigador gallego del CSIC Xosé Bustelo, del CIC-CSIC-US. Se publica en la revista "Biology".

"Esta nueva herramienta nos da información sobre el grado de correlación entre el cambio del número de copias de genes y sus niveles de expresión utilizando los datos genómicos disponibles para 33 tipos de tumores diferentes obtenidos tras el estudio de más de 11.000 pacientes", explica Rubén Caloto, investigador del CIBERONC-CSIC-US y autor principal de este trabajo. "Además, nos permite saber el contexto genómico de estas alteraciones genéticas, lo que nos da una información muy valiosa para saber si esos genes alterados tienen funciones importantes en el desarrollo de estos tumores", añade.

La caracterización del genoma de los tumores principales ha permitido descubrir miles de alteraciones

genéticas asociadas. Muchas son cambios puntuales del genoma que pueden dar lugar a la activación o inactivación de genes que favorecen o antagonizan el desarrollo del cáncer, respectivamente. Sin embargo, en muchos otros casos, estas alteraciones genéticas no implican modificaciones puntuales, sino cambios en el número de copias de trozos de diverso tamaño de nuestros cromosomas, la estructura que alberga nuestro AND dentro de las células.

las.

El significado funcional de este segundo tipo de alteraciones genéticas, que pueden suponer la ganancia o pérdida de los genes implicados en estos cambios en los cromosomas, es difícil de establecer. En principio, se supone que un gen que haya aumentado su número de copias podría ayudar al desarrollo del cáncer. Alternativamente, aquellos genes que hayan sido eliminados podrían estar relacionados

con funciones supresoras del desarrollo tumoral. Sin embargo, un gen sin función alguna en el desarrollo del cáncer puede aumentar su número de copias simplemente porque está cerca de otro que sí juega un papel clave en el desarrollo del cáncer.

Asimismo, muchas alteraciones genéticas no tienen valor real alguno, puesto que solo aquellas que determinan cambios en la expresión de los genes contenidos en dicha alteración cromosómica pueden contribuir a cambios en el comportamiento celular. Y eso no es siempre así. Por

ejemplo, existen casos en que la ganancia en el número de copias de genes no se traduce en cambios en la expresión de dichos genes. Saber cuáles son los elementos clave en este proceso es esencial para desarrollar, posteriormente, nuevos diagnósticos y tratamientos específicamente dirigidos contra estos tumores.

Para resolver este problema, se necesitan nuevas herramientas informáticas que puedan aportar información sobre la correlación entre los cambios del número de copias de los genes y los niveles de expresión de estos en las células cancerosas. También se necesita que estas herramientas den información sobre los genes contenidos en dichas alteraciones cromosómicas para identificar aquellos que tienen papeles importantes en el desarrollo o malignidad de tumores concretos.

Para demostrar la utilidad de esta nueva herramienta bioinformática, el grupo de investigación utilizó el CiberAMP para analizar un tumor cerebral denominado glioblastoma. "El uso del CiberAMP nos permitió descubrir 74 genes que pueden tener un papel clave en el desarrollo de este tipo tumoral —señala Xosé Bustelo—. 38 ya se sabía que participaban en este u otros tumores, lo que es lógico dado el amplio número de estudios que se han realizado en cáncer en estas últimas décadas. Sin embargo, los restantes 36 genes identificados son nuevos, lo que hará que tengamos que centrarnos en su estudio en los próximos años".

"Lo interesante es que este tipo de estudios se puede hacer para cualquier otro tipo tumoral del que haya disponibles datos genómicos de un número significativo de pacientes, lo que hace que tenga un uso general por cualquier investigador u oncólogo", apunta Francisco Lorenzo-Martín, científico en el CIC-CSIC-US y segundo firmante del artículo. Para facilitar este uso general, la nueva herramienta informática es de acceso público de forma libre. Y se puede instalar en cualquier ordenador.

LA FRASE  
**XOSÉ BUSTELO**  
INVESTIGADOR (CSIC)  
**"Su uso nos permitió descubrir 74 genes que pueden tener un papel clave en el glioblastoma"**



El investigador gallego especializado en cáncer Xosé Bustelo. // FdV