



Nace una aplicación para analizar las alteraciones en células cancerosas

● El Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca (CIC) ha creado “CiberAMP”, una herramienta para descubrir nuevos genes implicados en el desarrollo del cáncer

CELIA LUIS

Salamanca— El laboratorio dirigido por Xosé Bustelo del Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca (CIC, instituto mixto de la Universidad de Salamanca y el CSIC), del Centro de Investigación Biomédica en Red de Cáncer y de la Conexión Cáncer del CSIC publicó ayer una nueva herramienta informática denominada “CiberAMP” para establecer por primera vez correlaciones directas entre cambios en el número de copias de genes que tienen lugar en las células tumorales y los niveles de expresión de estos e identificar alteraciones genéticas

que tienen un papel directo en el desarrollo del cáncer.

Como apuntó Rubén Caloto, el autor principal de este trabajo: “Esta nueva herramienta, que es de fácil utilización por cualquier usuario sin necesidad de tener grandes conocimientos de informática, 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”.

Además, permite saber el contexto genómico de estas alteraciones genéticas, lo que da una información muy valiosa para saber si estos genes alterados tienen funciones importantes en el desarrollo de estos tumores. Y es también muy flexible, puesto que con ella se puede estudiar un gen concreto en un tumor concreto o, alternativamente, miles de genes en cualquier tumor o grupo de tumores.

Como demostración de la utilidad de esta nueva herramienta bioinformática, el grupo de investigación



LA FRASE

“Es muy flexible, puesto que con ella se puede estudiar un gen concreto en un tumor concreto”

RUBÉN CALOTO,

Autor principal de “CiberAMP”

utilizó el CiberAMP para analizar el posible significado funcional de alteraciones genéticas ligadas al cambio en el número de copias de genes en un tumor cerebral denominado glioblastoma. Como explicó el Dr. Bustelo, director de este trabajo: “El uso del CiberAMP nos permitió descubrir 74 genes que pueden tener un papel clave en el desarrollo de este tipo tumoral. 38 de estos genes 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 nos tengamos que centrar 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”, detalló el Dr. Lorenzo-Martín, segundo firmante del artículo

La herramienta informática es de acceso público, libre y se puede instalar en cualquier ordenador.