



El CSIC desarrolla una herramienta para analizar las alteraciones de células cancerosas

CANARIAS7

LAS PALMAS DE GRAN CANARIA. 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 que tienen lugar en las células tumorales y los niveles de expresión de estos, así como identi-

car alteraciones genéticas con un papel directo en el desarrollo del cáncer. El trabajo se ha elaborado por el laboratorio dirigido por el investigador del CSIC Xosé Bustelo, del CIC-CSIC-US, el Centro de Investigación Biomédica en Red de Cáncer (CIBERONC-CSIC-US) y la Conexión Cáncer del CSIC. Se publica en la revista *Biology*.

«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», explica Rubén Caloto, investigador del CIBERONC-CSIC-US y autor principal de este trabajo. «Además -señala Caloto-, 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. Y es también muy flexible, puesto que con ella podemos estudiar un gen concreto en un tumor concreto o, alternativamente, miles de genes en cualquier tumor o grupo de tumores que queramos». La caracterización del genoma de los tumores principales ha permitido descubrir miles de alteraciones genéticas asociadas.