El Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica está integrado por más de sesenta investigadores de distintas áreas

Científicos españoles descifran el genoma de la leucemia común

El trabajo, con participación gallega, identifica mutaciones en cuatro genes

R. ROMAR
REDACCIÓN / LA VOZ

Mil mutaciones en cada tumor. La compleja biología del cáncer sanguíneo más común acaba de ser descifrada por un equipo multidisciplinar de científicos españoles que han secuenciado por primera vez la leucemia linfocítica crónica, la más frecuente en Occidente y de la que cada año se diagnostican más de mil casos en España. El trabajo, coordinado por Carlos López-Otín, de la Universidad de Oviedo, y Elías Campo, del Hospital Clínico de Barcelona, se publica hoy en *Nature*.

Los investigadores han realizado la secuencia completa de cuatro tumores, lo que les ha permitido identificar las mutaciones en cuatro genes que aportan nuevas claves sobre la enfermedad y abre la puerta, aunque a más largo plazo, al futuro desarrollo de mejores fármacos para combatir la dolencia. «Los datos demuestran que la secuenciación de genomas es una estrategia válida para identificar nuevas mutaciones en cáncer que pueden ayudar a conocer mejor la patología», explica López-Otín, quien también precisa que «durante los próximos años se secuenciarán 500 genomas de leucemia linfática crónica, lo que permitirá conocer mejor sus causas moleculares e identificar dianas terapéuticas para el desarrollo de nuevas terapias».

Investigador gallego

En el trabajo ha participado el científico gallego José Manuel C. Tubío, del servicio de hematología de Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, que ha realizado la investigación en el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, donde se está formando con cargo a un contrato Ángeles Alvariño, de la Xunta. El hallazgo ha contado con la participación de más de sesenta investigadores del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, en el que también colabora el grupo de Medicina Xenómica de la Universidade de Santiago liderado por Ángel Carracedo, aunque en este caso no ha intervenido en el artículo.

El equipo ha secuenciado el genoma de cuatro tumores y ha validado los resultados con el análisis posterior de los genes mutados en un grupo de más de treinta pacientes, lo que ha permitido, según explica López-Otín, «identificar cuatro genes cuyas mutaciones provocan el desarrollo de este tipo de leucemia». Hasta ahora se sabía que la enfermedad era causada por la proliferación incontrolada de los linfocitos B de los pacientes, pero, según otro de los coordinadores del estudio, Elías Campo, «se desconocía qué mutaciones la provocan».

Las anomalías genéticas detectadas que inducen al tumor afectan a cuatro genes, de los que el más importante es el NOTCH1, mutado en el 12 % de los afectados. Estas variaciones, sin embargo, solo explican entre el 17 y el 18 % de las leucemias linfocíticas, por lo que serán necesarias nuevas secuencias para encontrar más alteraciones y también para entender por qué ocurre este proceso.

En cualquier caso, y según destaca el Ministerio de Ciencia e Innovación, que ha financiado el estudio, el trabajo «supone un hito en la investigación en España y un importante avance para la lucha contra el cáncer».

CONSORCIO INTERNACIONAL

«Consolida el papel de España en la investigación mundial»

El trabajo que hoy publica la revista *Nature*, una de las *biblias* de la ciencia, representa la primera contribución de España al Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer, el mayor proyecto de investigación en esta área de la historia que involucra a científicos de once países encargados de secuenciar el genoma de los cincuenta tipos de tumores más importantes. Los investigadores se incorporaron a esta agrupación hace tres años como socios fundadores, y reciben una financiación de diez millones de euros por parte del Ministerio de Ciencia e Innovación.

El hallazgo de hoy supone, a juicio de uno de sus coordinadores, Carlos López-Otín, «el primero de todo el consorcio internacional en el que se secuencian varios pacientes de cáncer, lo que contribuye a consolidar el papel de nuestro país en la investigación internacional».

LA ENFERMEDAD

Enormes pérdidas de material genético en dos cromosomas

La secuencia del genoma de la leucemia linfática crónica no solo ha permitido identificar las mutaciones que afectan a cuatro genes, sino que también se han localizado enormes pérdidas de material genético (grandes fragmentos de ADN) en bloque, concretamente en los cromosomas 13 y 16. Esta anomalía implica, a su vez, la pérdida de genes importantes para el correcto funcionamiento celular e incluso pueden ser la responsable de la aparición del tumor en más de un 50% de los pacientes. Esto último es una hipótesis que deberá ser validada por una investigación más específica, de la que se encarga el Centro de Regulación Genómica de Barcelona y cuyos resultados serán presentados probablemente antes de fin de año. La leucemia linfática es el cáncer que causa más muertes en Occidente entre varones menores de 40 años y mujeres menores de 20.

Chicago acoge los últimos ensayos contra el cáncer de piel, mama y ovarios

CHICAGO / AGENCIAS

El Congreso de la Sociedad Americana de Oncología Clínica (ASCO), que se celebra desde hace casi medio siglo en Chicago y es el más importante del mundo —acuden 30.000 especialistas—, acogió una serie de charlas en las que se daba cuenta de los últimos hallazgos en la lucha contra la enfermedad en diferentes ámbitos.

Melanoma

Los españoles Salvador Martín Algarra —presidente del Grupo Español Multidisciplinar de Melanoma (GEM)— y Antoni Ribas —del centro de cáncer de la Universidad de California, en Los Ángeles (UCLA)— presentaron sendos ensayos del fármaco molecular Vemurafenib para tratar el melanoma. Es la primera terapia personalizada para los enfermos con mutación de la proteína BRAF V600, que presentan un 50% del total de los afectados.

Ovario

Lo último contra el cáncer de ovario lo presentó la doctora Carol Aghajanian, del Centro Oncológico Memorial Sloan-Kettering, de Nueva York. Es el estudio Oceans en fase III (es decir, que se probó en cientos de personas). Se trata de una terapia biológica añadida a la quimioterapia, que representa el primer gran avance en una década contra el cáncer de ovario, y reduce un 52% la progresión de este tumor.

Mama

Finalmente, de las muchas comunicaciones presentadas, destacan dos estudios sobre el cáncer de mama. Uno anuncia los beneficios de un fármaco preventivo, y el otro, que la radioterapia en los ganglios linfáticos mejora la supervivencia. El primer estudio, también en fase III, lo presentó Paul Goss (Harvard) y apunta al exemestano —un antiestrógeno— como forma de reducir en un 65% el riesgo de tumor de pecho en posmenopáusicas. Mientras, Timothy Whelan (Universidad McMaster, Canadá) estudió a 1.000 mujeres operadas de un tumor incipiente y detectó que en esos casos aplicar radioterapia en los ganglios linfáticos mejora en un 30% la supervivencia.