

Descubiertos nuevos genes clave en la evolución del mieloma múltiple

Investigadores españoles han descrito un conjunto nuevo de genes específicos que condicionan la aparición y desarrollo del mieloma múltiple, el segundo cáncer de la sangre más frecuente. La investigación demuestra que la expresión de estos genes permite clasificar mejor a los pacientes en términos de supervivencia.

SINC

22/2/2021 13:41 CEST



De dcha a izda: Felipe Prósper y Xabi Agirre junto a las primeras autoras del artículo Arantxa Carrasco-León y Teresa Ezponda y otros investigadores del Programa de Hemato-Oncología del Cima. / CIMA

Científicos de la Clínica y el [Cima Universidad de Navarra](#) lideran una investigación internacional que revela un conjunto nuevo de genes específicos de **mieloma múltiple** que condicionan su aparición y desarrollo. Este descubrimiento ha permitido identificar **40.511 nuevos genes no codificantes** –hasta ahora denominados como genoma basura– implicados en la evolución de este cáncer de la sangre.

El estudio además demuestra que la expresión de estos genes, junto con las alteraciones genéticas relacionadas con un mal pronóstico en los pacientes con mieloma múltiple, permite clasificar mejor los resultados de supervivencia. [Los resultados](#), publicados en la revista *Leukemia*, abren la puerta al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas basadas en el ARN para este tumor.

Esta investigación ha descifrado un tipo de moléculas, los ARN largos no codificantes, que permiten identificar nuevos genes con un papel clave en el origen y funcionamiento de las células cancerígenas

El mieloma múltiple es una enfermedad incurable que se origina en la **médula ósea**. Se trata de una enfermedad muy heterogénea biológicamente y de manejo clínico complejo, y el segundo cáncer hematológico más frecuente.

Recientes investigaciones en oncología se han centrado en el estudio de unas moléculas implicadas en la regulación del genoma y la expresión de los genes. En concreto, esta investigación ha descifrado un tipo de moléculas de ARN, los ARN largos no codificantes (lncRNA, por sus siglas en inglés), que permiten identificar nuevos genes con un papel clave en el origen y funcionamiento de las células cancerígenas.

“El estudio inicial de la detección y definición del transcriptoma completo de los lncRNAs se ha realizado en muestras de 38 pacientes con mieloma múltiple mostrando su funcionalidad en la enfermedad. También hemos demostrado su potencial como biomarcador analizando la serie de pacientes de mieloma múltiple más completa en la actualidad, denominada estudio CoMMPass”, señala Xabier Agirre, investigador en Hemato-Oncología del Cima.

Interesantes dianas terapéuticas

En la parte clínica “hemos demostrado que la expresión de los lncRNAs, junto con las alteraciones genéticas de mal pronóstico para los pacientes

con mieloma múltiple, subestratifica mucho mejor a los pacientes en cuanto a su supervivencia”, apunta **Felipe Prósper**, codirector del Programa de Hemato-Oncología del Cima y del Servicio de Hematología de la Clínica Universidad de Navarra.

Hay otros muchos genes clave para el desarrollo del mieloma múltiple que podrían abrir las puertas a nuevas terapias basadas en ARNs específicos

Según los investigadores, este avance demuestra que hay otros muchos genes que son clave para el desarrollo de esta enfermedad y que podrían ser interesantes dianas terapéuticas abriendo las puertas a nuevas terapias basadas en ARNs específicos de mieloma múltiple.

Referencia:

Leukemia (2021). Characterization of complete lncRNAs transcriptome reveals the functional and clinical impact of lncRNAs in multiple myeloma. Carrasco-Leon, A., Ezponda, T., Meydan, C. et al. DOI: doi.org/10.1038/s41375-021-01147-y

Los resultados de este trabajo forman parte de la tesis doctoral de Arantxa Carrasco-León, investigadora en Hemato-Oncología del Cima. Esta investigación se ha realizado en el marco del Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdiSNA) y del Centro de Investigación Biomédica en la Red de Cáncer (CIBERONC). Ha contado con la colaboración de Iberdrola, a través de la Asociación Española contra el Cáncer (AECC) en su convocatoria Accelerator, en la que participan también la Cancer Research UK (CRUK) y la Fondazione AIRC per la Ricerca sul Cancro (AIRC). A su vez, ha recibido financiación de la Unión Europea dentro del proyecto Blue Print Epigenome, la Multiple Myeloma Research Foundation, el Ministerio de Ciencia e Innovación de España, la Fundación Ramón Areces y el

Gobierno de Navarra, entre otras instituciones públicas y privadas.

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

SUPERVIVENCIA | CÁNCER | MIELOMA MÚLTIPLE | SANGRE |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)