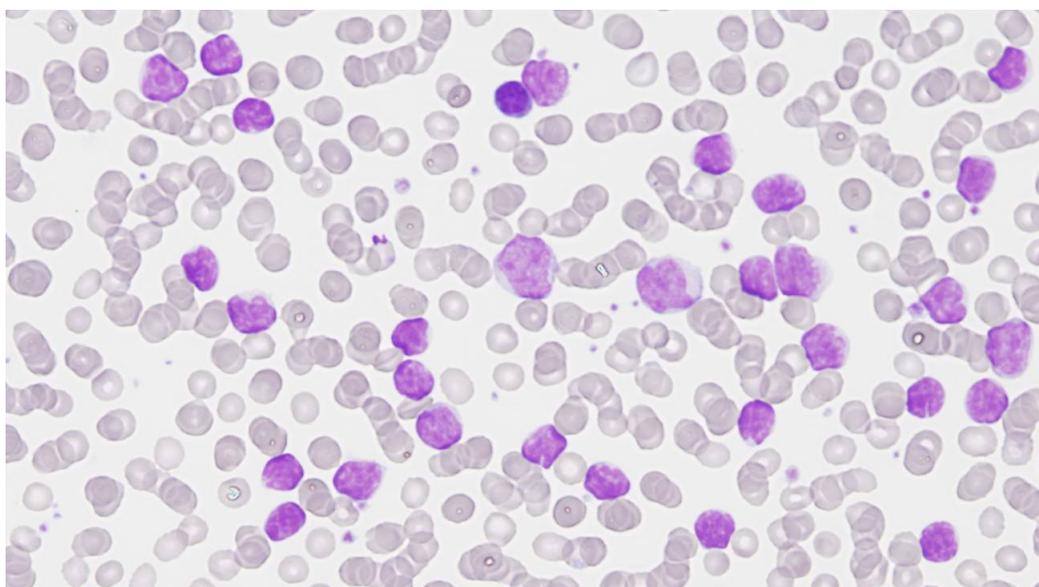


## Completado el mapa genómico de la leucemia linfática crónica

El estudio, en el que se han analizado los genomas de 1.100 tumores, identifica más de un centenar de nuevos genes implicados en la enfermedad. Además, define nuevos grupos de pacientes con diferente evolución que podrán guiar a los investigadores para mejorar las estrategias de diagnóstico y tratamiento.

SINC

4/8/2022 17:00 CEST



El mapa proporcionará una mejor comprensión de esta leucemia y puede conducir a pronósticos más precisos, diagnósticos mejorados y nuevos tratamientos. / IDIBAPS

Un equipo internacional, coordinado por investigadores del Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer (IDIBAPS) y la Universidad de Barcelona (UB), ha completado el mapa de los cambios genéticos en la [leucemia linfática crónica](#). Esta herramienta proporcionará una mejor comprensión de la patología y puede conducir a pronósticos más precisos, diagnósticos mejorados y nuevos tratamientos. Los resultados se han publicado en la revista *Nature Genetics*.

---

Se trata de un tipo de cáncer sanguíneo y la leucemia más frecuente en el mundo occidental, con una

incidencia en torno a los 5 casos por cada 100.000  
habitantes y año

Se trata de un tipo de cáncer sanguíneo y la leucemia más frecuente en el mundo occidental, con una incidencia en torno a los 5 casos por cada 100.000 habitantes y año. Se caracteriza por un aumento en el número de **linfocitos B**, un tipo de glóbulo blanco, que puede detectarse de forma accidental en una analítica rutinaria.

Esta enfermedad puede tener un crecimiento lento y de buen pronóstico o rápido y agresivo, por lo que es esencial conocer las **alteraciones moleculares** que provocan esta evolución tan distinta.

“El objetivo ha sido proporcionar un catálogo prácticamente completo de todas las alteraciones genómicas que causan la LLC y sus subtipos moleculares. Se ha analizado el genoma de más de mil pacientes utilizando nuevas herramientas bioinformáticas durante más de cuatro años”, señala **Elías Campo**, coautor del estudio e investigador del IDIBAPS.

## Más de cien nuevos genes identificados

Para construir el mapa, los investigadores analizaron las variaciones en las secuencias genéticas, los patrones de expresión de genes y las modificaciones químicas del ADN (datos genómicos, transcriptómicos y epigenómicos) de **1.148 pacientes**.

En el estudio se han identificado **202 genes** (109 de ellos nuevos) que, cuando están mutados, pueden conducir a la aparición y progresión de la enfermedad. También se ha perfeccionado la caracterización de los subtipos de esta leucemia, que se diferencian en sus características genómicas y su evolución clínica.

---

En el estudio se han identificado 202 genes (109 de ellos nuevos) que, cuando están mutados, pueden conducir a la aparición y progresión de la enfermedad

“Los patrones de expresión de ciertos genes nos han permitido realizar una subcategorización de la patología, que proporciona información pronóstica muy valiosa”, explica **Xosé S. Puente**, investigador del Instituto Universitario de Oncología de la Universidad de Oviedo ([IUOPA](#)) y coautor del estudio.

Los **resultados clínicos** de los pacientes se asociaron a las características de su tumor, por lo que la integración de estos datos puede predecir la probabilidad de tener una enfermedad muy indolente durante muchos años, experimentar una remisión después del tratamiento o que su leucemia sea más agresiva y requiera nuevos tratamientos.



Investigadores del IDIBAPS que han participado en el estudio: Martí Duran-Ferrer, Iñaki Martín-Subero, Elías Campo y Ferran Nadeu. / IDIBAPS

Las conclusiones del estudio pueden tener un importante impacto en la práctica clínica, ya que “el nuevo mapa permitirá comparar las características genómicas de los nuevos pacientes con los datos de otros perfiles genéticos similares y conocer cuál ha sido su evolución y respuesta a los tratamientos”, explica **Iñaki Martín-Subero**, coautor del estudio y también investigador del IDIBAPS.

## Una herramienta abierta a la investigación

Uno de los objetivos del estudio es que esta información sea aprovechada por la comunidad científica para avanzar en el tratamiento de esta patología. Para ello, el mapa se ha transformado en un **portal web interactivo**. Así, los investigadores de todo el mundo pueden utilizarlo como recurso en sus proyectos y avanzar en el conocimiento de las causas y características de los diferentes subtipos de leucemia linfática crónica.

---

El mapa se ha transformado en un portal web interactivo para que investigadores de todo el mundo puedan utilizarlo como recurso y avanzar en el conocimiento de las causas y características de los diferentes subtipos de esta leucemia

“El nuevo mapa permite avanzar hacia la medicina de precisión en esta enfermedad, ya que nos puede ayudar a adaptar con mayor precisión el pronóstico y el tratamiento de un paciente nuevo en función de sus características moleculares particulares”, concluye **Elías Campo**.

Derechos: **Creative Commons**.

Creative Commons 4.0

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