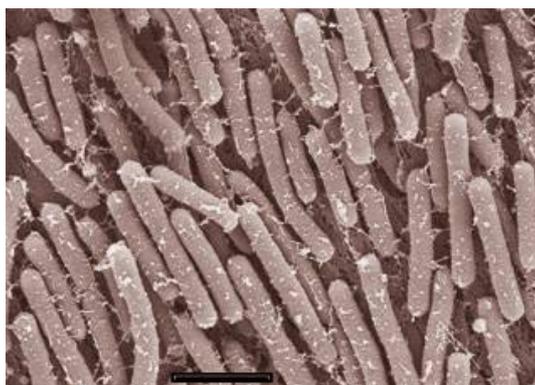


## Cuatro pasos contra el cáncer

La revista *Nature* publica esta semana cuatro hallazgos sobre el cáncer de cuatro equipos estadounidenses. Uno de los estudios presenta una “enciclopedia” genómica de los dominios *Bacteria* y *Archaea*. Un segundo recoge un nuevo medicamento que reduce el crecimiento de los tumores en ratones. En un tercer trabajo se llega a la conclusión de que los reordenamientos cromosómicos son más habituales en algunos cánceres de mama, y en el cuarto artículo se comunica el hallazgo de dos factores de transcripción que cooperan para estimular la formación de tumores. Cuatro descubrimientos oncológicos que pueden despejar algunas incógnitas importantes en la lucha contra el cáncer.

SINC

23/12/2009 19:00 CEST



Un equipo estadounidense ha creado la “enciclopedia” genómica de los dominios *Bacteria* y *Archaea* para que, en última instancia, proporcione una representación equilibrada del árbol de la vida microbiana. En la imagen, *Haliangium ochraceum*. Imagen: M.Rohde.

“La afinidad genética debería utilizarse para determinar qué genomas de microorganismos unicelulares son los próximos que van a secuenciarse”, indica el primer estudio sobre cáncer que esta semana publica *Nature*. Empleando este enfoque, un equipo de la Universidad de California (EE UU) ha creado una “enciclopedia” genómica de los dominios *Bacteria* y *Archaea* para que, en última instancia, proporcione una representación equilibrada del árbol de la vida microbiana.

Hasta la fecha, se han desentrañado cerca de 1.000 genomas de bacterias y arqueobacterias, la mayoría de los cuales se eligieron para ser secuenciados

porque eran interesantes por alguna actividad biológica concreta. Jonathan Eisen, autor principal del estudio, destaca el valor que tiene elegir los genomas que se van a secuenciar en función de la proximidad evolutiva, en lugar de emplear otro criterio.

El equipo ha secuenciado y analizado los genomas de 56 especies cultivables de *Bacteria* y *Archaea* seleccionadas para abarcar el "árbol de la vida microbiana". Los científicos estadounidenses han demostrado que su método de selección genera importantes beneficios por los conocimientos que se obtienen. En concreto, su técnica ofrece una nueva percepción de la función de las proteínas y permite predecir las funciones de genes conocidos de otros organismos.

### **Un nuevo medicamento contra el cáncer de pulmón**

Otro estudio que publica *Nature* presenta un nuevo tipo de medicamento contra el cáncer para reducir el crecimiento de los tumores pulmonares en ratones que padecen la enfermedad.

Algunos tumores pulmonares de células no pequeñas sufren mutaciones que hacen que una proteína concreta, el receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), esté permanentemente "activada". Los medicamentos que bloquean el receptor son útiles en el tratamiento clínico, "pero pueden desarrollarse mutaciones secundarias que provocan resistencia al medicamento", puntualiza Pasi Janne director del equipo de investigadores que han obtenido el nuevo medicamento en el Dana Farber Cancer Institute de Boston (EE UU).

Este nuevo inhibidor del EGFR sirve para los dos tipos de mutaciones que se dan en el cáncer de pulmón. Por un lado, bloquea selectivamente el mutante que domina sobre el receptor de tipo silvestre, y por otro, el mutante resistente al medicamento.

El medicamento parece prometedor en dos modelos de ratón de cáncer de pulmón, y los autores esperan que resulte más eficaz desde el punto de vista clínico y mejor tolerado que los actuales inhibidores de la actividad quinasa del EGFR, como Iressa y Tarceva.

### **Mezclas cromosómicas y cáncer de mama**

En el tercer artículo de *Nature*, investigadores del Wellcome Trust Sanger Institute, en Cambridge (EE U), han llegado a la conclusión de que los reordenamientos cromosómicos son más habituales en algunos cánceres de mama humanos de lo que se creía. Esta investigación supone una gran mejora nuestra comprensión de la biología del cáncer.

Los reordenamientos cromosómicos (por los que algunas partes de un cromosoma pueden borrarse, invertirse, moverse o amplificarse) aparecen con frecuencia en los genomas de personas con cáncer. En el estudio, Mike Stratton y su equipo han secuenciado más de 2.000 reordenamientos cromosómicos en 24 cánceres de mama humanos.

Los científicos han averiguado que el número de reordenamientos es mayor de lo que se pensaba, y que la mayoría de ellos tienen lugar dentro de los cromosomas, en vez de entre ellos. Además, las duplicaciones en tándem, por las que aparecen secuencias idénticas una junto a la otra, son especialmente habituales en algunos cánceres, “lo que quizás sea reflejo de un defecto específico en el mantenimiento del ADN”, puntualizan los expertos.

### **Factores de agresividad**

En la misma edición de *Nature*, se informa esta semana sobre dos factores de transcripción que cooperan para estimular la formación de tumores y la invasividad de un tumor cerebral enormemente agresivo. Los científicos, de la Universidad de Columbia (EE UU) esperan que sus hallazgos “puedan ayudar a predecir los resultados clínicos en los pacientes y puedan abrir la puerta a nuevas estrategias terapéuticas”.

Algunos glioblastomas humanos muy agresivos expresan genes que son propios de un fenotipo mesenquimal, y los investigadores saben que esta característica está relacionada con un mal pronóstico de la enfermedad.

Desde un enfoque bioinformático, Antonio Iavarone y su equipo han identificado dos proteínas (STAT3 y C/EBPbeta) como las reguladoras responsables de la activación de los genes mesenquimales característicos

de la enfermedad. “La eliminación de estos dos factores provoca una fuerte caída en la expresión de los genes mesenquimales y reduce la agresividad del tumor”, asegura Iavarone.

Derechos: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

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