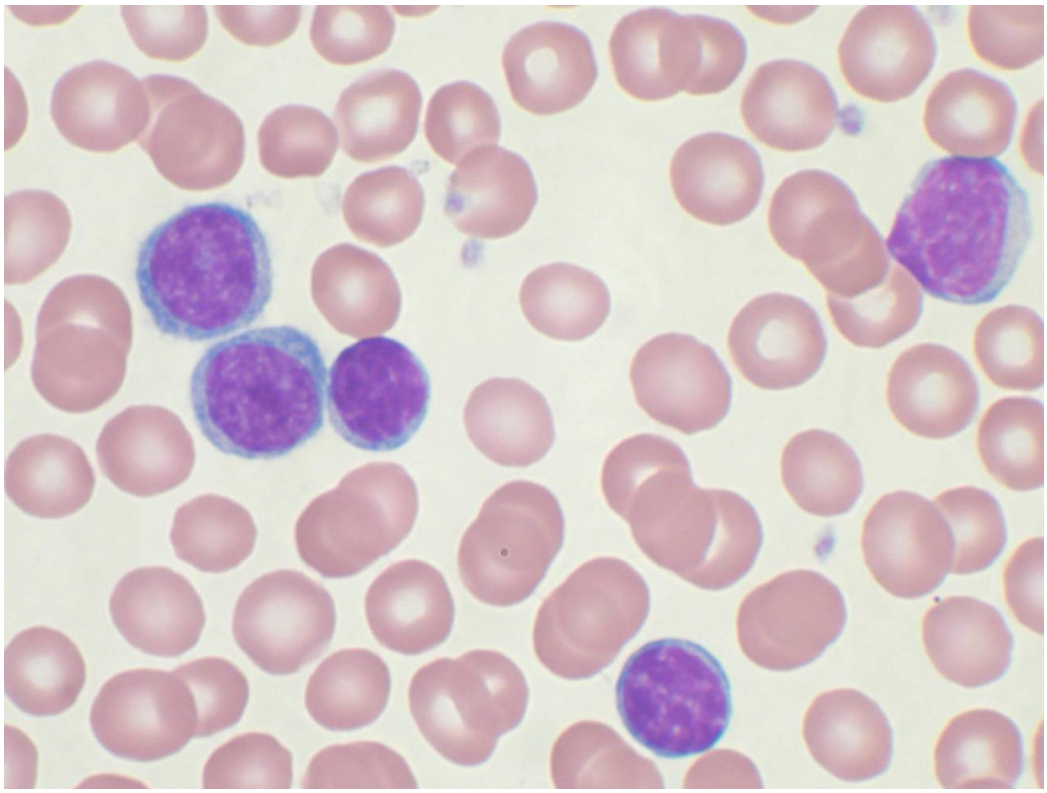
Secuenciados los primeros epigenomas de la leucemia linfática crónica

Un equipo de investigadores de nueve centros españoles ha presentado los epigenomas de 139 pacientes de leucemia linfática crónica. El trabajo, publicado en *Nature Genetics,* ha permitido distinguir nuevos subtipos de la enfermedad.

SINC 15/10/2012 14:24 CEST



Linfocitos de leucemia linfática crónica (en oscuro). Imagen: VashiDonsk

Científicos de nueve centros de investigación españoles han secuenciado el epigenoma de 139 pacientes con leucemia linfática crónica. Los resultados, que se publican en *Nature Genetics*, revelan más de un millón de alteraciones epigenéticas propias de este tipo de cáncer que afecta a los glóbulos blancos.

El epigenoma representa los cambios químicos que no afectan a la secuencia de ADN pero pueden modificar la expresión de los genes haciendo

por ejemplo que estén silenciados. Estas variaciones pueden aparecer debido a factores ambientales, y pueden ser heredables.

El trabajo complementa las investigaciones en las que se secuenció el genoma completo de cuatro pacientes y el exoma –la parte codificante del ADN– de más de cien, que sacaron a la luz más de mil mutaciones genéticas implicadas en el desarrollo de la leucemia linfática crónica.

Conocer los entresijos moleculares del ADN implicados en la enfermedad da pistas para tratarla y controlarla

Esta investigación se engloba dentro de un proyecto internacional, el Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer (ICGC por sus siglas en inglés), en el que participan 11 países, y que pretende descifrar el genoma de 25.000 pacientes de distintos tipos de cáncer.

Ahora, los investigadores han obtenido un tipo de epigenoma concreto, el metiloma, que reúne las metilaciones, modificaciones químicas que consisten en la adición de un grupo metilo (-CH_3) a una molécula. El estudio muestra que la hipometilación –menor grado de metilación de los genes– es el principal cambio epigenético característico de la leucemia linfática crónica.

Los autores señalan que la distinta metilación del cuerpo de los genes podría tener importantes implicaciones clínicas en el desarrollo de este tipo de leucemia. El conocimiento de los entresijos moleculares del ADN implicados en la enfermedad podría dar pistas para tratarla y controlarla.

Además, la secuenciación de los epigenomas ha permitido a los científicos distinguir nuevos subtipos de la enfermedad, de acuerdo con el distinto grado de metilación.

Según el estudio, las diferencias en la metilación del ADN entre los distintos subtipos de esta clase de cáncer están asociadas con sus células de origen. Este diferente origen celular afecta a las características biológicas y a la

evolución clínica de la enfermedad.

La leucemia linfática crónica es el segundo tipo de leucemia más común en adultos, y se caracteriza por una producción excesiva de glóbulos blancos anormales o células leucémicas, que no pueden cumplir con normalidad su función de proteger al organismo frente a agentes externos.

En el estudio han participado científicos del Hospital Clínic de Barcelona, del IDIBAPS y del Centro Nacional de Análisis Genómico, también en Barcelona, de la Universidad Pompeu Fabra, la Universidad de Barcelona, del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), del Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona, del Centro Nacional de Supercomputación y de la Universidad de Oviedo.

Referencia bibliográfica:

Marta Kulis, Simon Heath, Marina Bibikova, Ana C Queirós, Alba Navarro, Guillem Clot, Alejandra Martínez-Trillos, Giancarlo Castellano, Isabelle Brun-Heath, Magda Pinyol, Sergio Barberán-Soler, Panagiotis Papasaikas, Pedro Jares, Sílvia Beà, Daniel Rico, Simone Ecker, Miriam Rubio, Romina Royo, Vincent Ho, Brandy Klotzle, Lluis Hernández, Laura Conde, Mónica López-Guerra, Dolors Colomer, Neus Villamor, Marta Aymerich, María Rozman, Mónica Bayes, Marta Gut, Josep L Gelpí, Modesto Orozco, Jian-Bing Fan, Víctor Quesada, Xose S Puente, David G Pisano, Alfonso Valencia, Armando López-Guillermo, Ivo Gut, Carlos López-Otín, Elías Campo & José I Martín-Subero. “Epigenomic analysis detects widespread gene-body DNA hypomethylation in chronic lymphocytic leukemia”. *Nature.* 14 octubre, 2012. doi:10.1038/ng.2443

Derechos: **Creative Commons**

TAGS | LEUCEMIA | EPIGENOMA | GENOMA |

Creative Commons 4.0
Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. Lee las condiciones de nuestra licencia