

AVENÇOS MEDICINA

# Desxifren com funciona el genoma de la leucèmia limfàtica

Investigadors de l'Hospital Clínic obren la porta a nous tractaments

AGÈNCIES

BARCELONA | Investigadors de l'Hospital Clínic-Idibaps han desxifrat com funciona el genoma complet de la leucèmia limfàtica crònica, el tipus de leucèmia més freqüent, cosa que obre la porta a desenvolupar nous tractaments contra aquest càncer. L'estudi, que va publicar ahir la revista *Nature Medicine* i que ha coordinat el cap del grup d'Epigenòmica Biomèdica de l'Idibaps i professor de la Universitat de Barcelona, Iñaki Martín-Subero, ha proporcionat un mapa en alta resolució de les funcions del genoma i suposa una nova aproximació a la investigació molecular del càncer. Segons Martín-Subero, la comparació del mapa de la leucèmia amb el mapa de les cèl·lules sanes ha revelat centenars de regions que canvien la funcionalitat en la leucèmia, la qual cosa ajuda a comprendre millor la malaltia i a desenvolupar



El grup d'investigadors de l'Hospital Clínic.

par noves teràpies. Fins ara, els estudis moleculars de la leucèmia, i d'altres tipus de càncer, s'havien centrat a analitzar molècules de només una capa d'informació, que proporcionava una visió parcial i no permetia

dibuixar un mapa precís de les funcions del genoma. "Aquest és un estudi sense precedents en la investigació genòmica del càncer, en el qual han participat cinquanta-un investigadors de vint-i-tres centres de sis països,

i subratlla la importància d'integrar diferents capes d'informació molecular per comprendre millor la malaltia", va dir ahir el director d'Investigació de l'Hospital Clínic i catedràtic de Medicina de la UB, Elías Campo, coautor de l'estudi. Utilitzant tècniques de seqüenciació d'última generació i eines de biologia computacional avançades, han pogut elaborar un mapa detallat del funcionament del genoma de la leucèmia. "Conèixer la seqüència del genoma, segons Martín-Subero, no era suficient per saber com funciona; per conèixer-ne les funcions i la regulació era necessària l'anàlisi integradora de múltiples capes epigenètiques."

Per la seua banda, la investigadora Renée Beekman va dir que "el repte va ser com analitzar i integrar tantes capes d'informació", i van comptar amb la col·laboració del Centre de Computació de Barcelona.