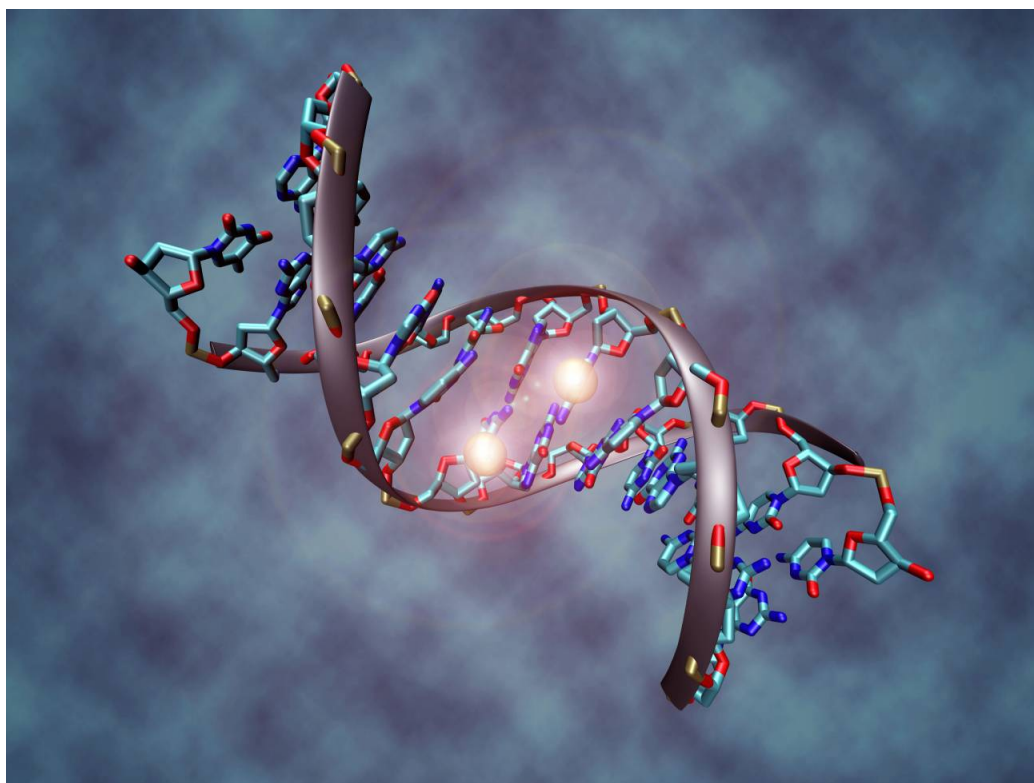


Entender los cambios epigenéticos: un paso más en la medicina de precisión

Una serie de 41 artículos publicados por científicos del Consorcio Internacional del Epigenoma Humano arroja luz sobre mecanismos epigenéticos que facilitará nuevas formas de diagnosticar y tratar enfermedades. Entre la participación española, destacan trabajos sobre el tratamiento de los datos biológicos y sobre la metilación del ADN, que impulsa a las células a desarrollarse en diferentes identidades.

SINC

17/11/2016 18:00 CEST



En la imagen puede verse el proceso de metilación del ADN. / Christoph Bock, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences

Uno de los grandes misterios de la biología es cómo los muchos tipos de células diferentes que componen nuestros cuerpos derivan de una sola célula y de una secuencia de ADN o genoma. Hemos aprendido mucho del estudio del genoma humano, pero solo hemos desvelado parcialmente los procesos subyacentes a la determinación celular.

La identidad de cada tipo de célula es definida en gran medida por el epigenoma, un conjunto de reacciones químicas y demás procesos que modifican la actividad del ADN pero sin alterar su secuencia. El epigenoma actúa como un modelo único para cada tipo de célula y etapa de desarrollo. A diferencia del genoma, el epigenoma cambia a medida que las células se desarrollan y en respuesta a los cambios en el medio ambiente.

Los defectos en los factores que leen, escriben y borran la huella epigenética están involucrados en muchas enfermedades. El análisis exhaustivo de los epigenomas de las células normales y anormales facilitará nuevas formas de diagnosticarlas y tratarlas.

El análisis de los epigenomas facilitará nuevas formas de diagnosticar y tratar enfermedades

Ahora, una serie de 41 artículos publicados por científicos del Consorcio Internacional del Epigenoma Humano (*International Human Epigenome Consortium*, IHEC), de Canadá, la Unión Europea, Japón, Singapur, Corea del Sur y Estados Unidos, arroja luz sobre estos procesos. Un conjunto de 24 artículos ha sido publicado en revistas como *Cell* y *Cell Reports* y otros 17 artículos han sido publicados en otras revistas de alto impacto.

Los resultados describen los mecanismos epigenéticos de desarrollo normal y lo que va mal cuando hay una enfermedad. Comprender estos cambios ayudará a los médicos a seleccionar el tratamiento adecuado para los pacientes en el momento idóneo.

La metilación del ADN

El Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG) ha liderado uno de los estudios publicados en *Cell Reports*, que describe un aspecto específico del epigenoma: la metilación del ADN. Este es uno de los mecanismos epigenéticos que impulsa a las células a desarrollarse en diferentes identidades, aunque su origen son células genéticamente idénticas.

Los investigadores han analizado el desarrollo global de los patrones de

metilación del ADN en células sanas y enfermas y han descubierto que las células cancerosas pierden el estricto control de la metilación del ADN observado en las células normales.

Más de mil colecciones de datos públicos

Otro centro español, el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) ha participado en el mayor proyecto europeo enmarcado en IHEC, el BLUEPRINT. “Nuestro trabajo ha sido hacer accesibles los datos a otros grupos”, explica Alfonso Valencia, líder del trabajo del CNIO. “El proyecto ha generado un gran volumen de datos de epigenómica y había que desarrollar los métodos y los sistemas para analizarlos”.

Los resultados describen los mecanismos epigenéticos de desarrollo normal y lo que va mal cuando hay una enfermedad

Además de este papel en la organización y distribución de los datos, el grupo de Valencia ha liderado varios trabajos en los que han desarrollado sus propios sistemas de análisis.

“BLUEPRINT ha generado más conocimientos nuevos acerca de las enfermedades de la sangre de que lo que podríamos haber imaginado al inicio. Hemos puesto a disposición del público información de más de 1.000 colecciones de datos”, subraya Henk Stunnenberg, de la Universidad de Radboud (Holanda), coordinador del proyecto. “Más aún, hemos forjado una alianza de investigadores y compañías de innovación de toda Europa y, trabajando codo con codo con socios internacionales, ya estamos viendo resultados que, con el tiempo, mejorarán la vida de los pacientes”.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

EPIGENÉTICA | ICTS | METILACIÓN | ADN |

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