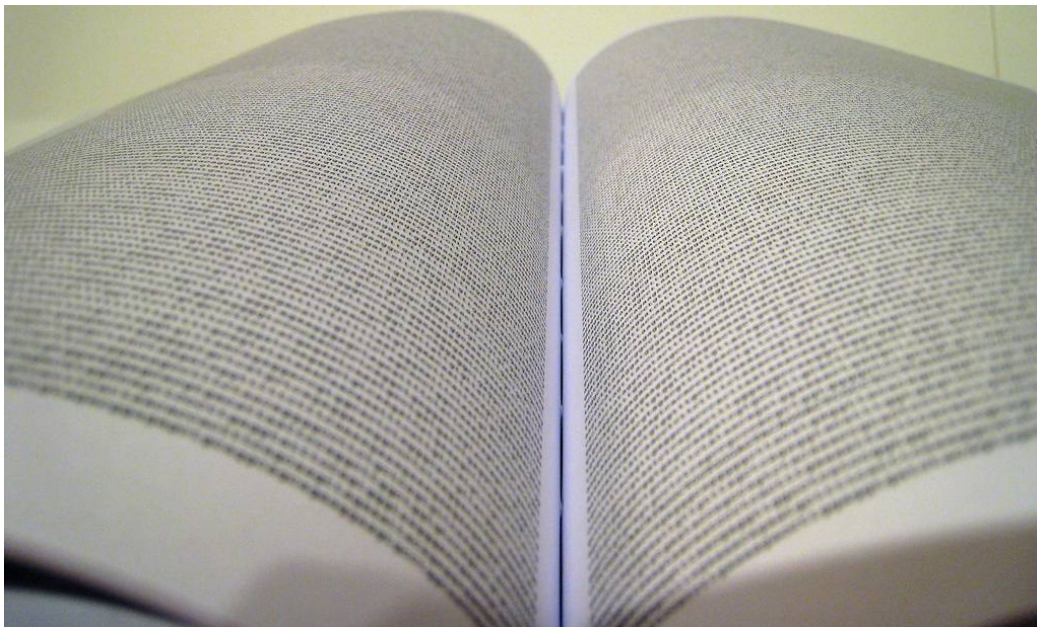


## Descifran el genoma de más de 4.000 tumores

Un grupo de investigadores de la Universidad Pompeu Fabra ha recopilado las mutaciones descritas en 4.623 tumores. Los resultados, publicados en la revista *Nature Methods*, revelan los genes implicados en el desarrollo del cáncer y pretenden avanzar hacia la medicina personalizada de la enfermedad.

SINC/UPF

16/9/2013 12:24 CEST



Solo unas cuantas de las alteraciones que se acumulan en los genes a lo largo de la vida son claves para iniciar un cáncer. / [Jonh Jobby](#)

Investigadores de grupo de Genómica Biomédica de la Universidad Pompeu Fabra (UPF), liderados por Núria López-Bigas, han llevado a cabo un estudio que reúne las mutaciones descritas en 4.623 tumores originados en trece órganos diferentes.

El objetivo del trabajo, publicado esta semana en la revista *Nature Methods*, es identificar los genes implicados en el desarrollo de la enfermedad y avanzar hacia la medicina personalizada del cáncer.

El cáncer se debe a variaciones en el genoma de las células presentes desde

el momento del nacimiento o, sobre todo, a alteraciones que se acumulan durante la vida debido a factores biológicos intrínsecos o ambientales. Sin embargo, solo unas cuantas de estas alteraciones son claves para iniciar la enfermedad y hacerla progresar, indica el artículo.

---

Solo unas cuantas de las alteraciones que se acumulan en los genes a lo largo de la vida son claves para iniciar un cáncer

"El análisis conjunto de un gran número de genomas de tumores nos permite identificar los patrones que indican qué mutaciones y genes son claves para su desarrollo", ha explicado López- Bigas, investigadora principal del estudio.

En este trabajo los autores describen IntOGen Mutations, una plataforma computacional que analiza las características de las mutaciones observadas en los tumores mediante algoritmos.

"Algunos de los genes clave que hemos identificado codifican proteínas que son posibles dianas para nuevos tratamientos contra el cáncer", señalan los autores. "Esta información puede afinar el diagnóstico de cada paciente, señalar marcadores para la detección precoz de la enfermedad y utilizar las estrategias terapéuticas existentes más adecuadas".

Para los expertos, este hecho tiene implicaciones en el avance de la medicina personalizada del cáncer, que consiste en tratar la enfermedad con estrategias terapéuticas diseñadas para los mecanismos específicos del tumor de cada paciente.

### **Disponibles para la comunidad científica**

Los resultados de analizar los 4.623 tumores están ahora disponibles para la comunidad científica y el sistema está preparado para que el usuario pueda analizar sus propios datos y compararlos con los ya existentes. Además, el sistema se irá actualizando a medida que se vayan secuenciando nuevos tumores.

Los tumores analizados pertenecen a los tipos de mayor prevalencia entre la población española, como los cánceres de mama, colon, riñón, ovario, estómago, pulmón, cerebro, hígado, cabeza y cuello, así como también la leucemia.

En un futuro no muy lejano será posible que el diagnóstico rutinario de un paciente de cáncer incluya la secuenciación de su genoma –o parte de este– para ayudar a decidir el tratamiento más adecuado. "El conocimiento que obtenemos con el análisis de miles de tumores nos permite interpretar mejor las mutaciones observadas en el tumor de un nuevo paciente", concluye López- Bigas.

#### Referencia bibliográfica:

Abel Gonzalez-Perez, Christian Perez-Llamas, Jordi Deu-Pons, David Tamborero, Michael P Schroeder, Alba Jene-Sanz, Alberto Santos & Nuria Lopez-Bigas. 'IntOGen-mutations identifies cancer drivers across tumor types'. *Nature Methods*.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS CÁNCER | MUTACIÓN | ALTERACIÓN |

#### Creative Commons 4.0

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

