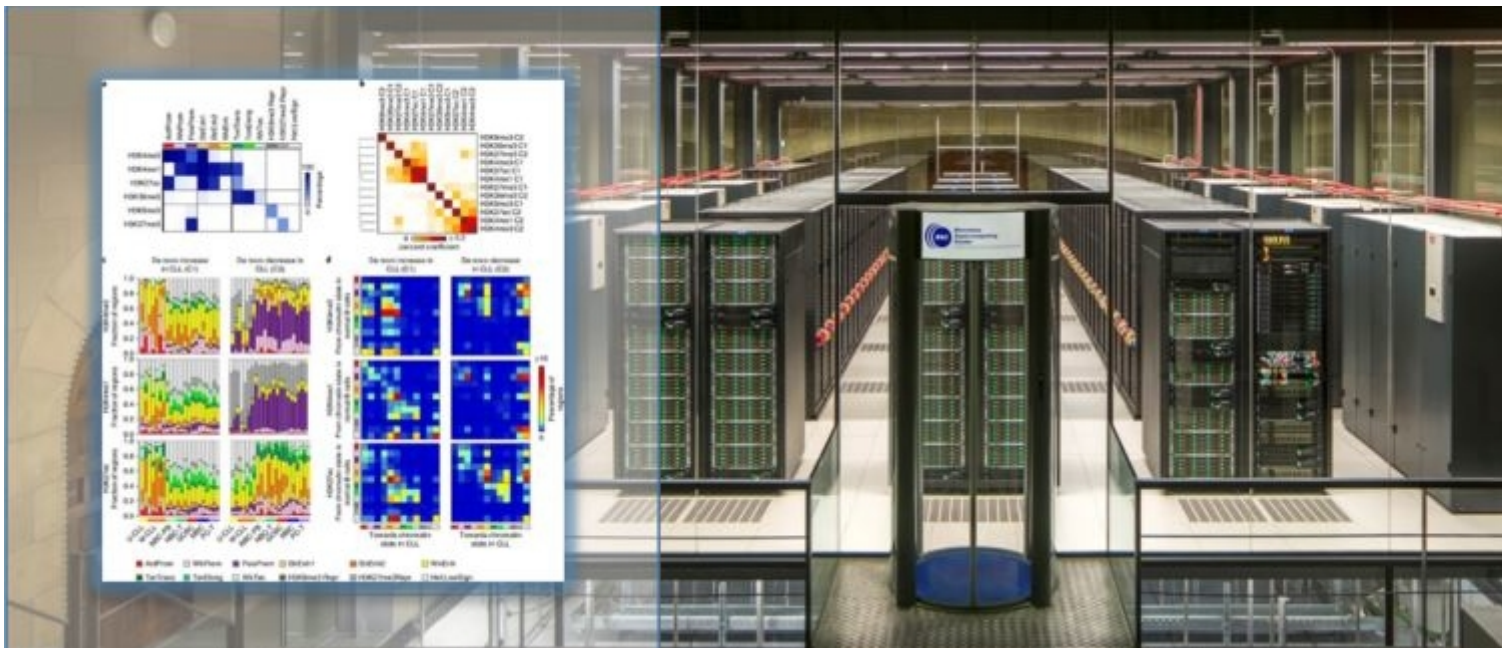


[Inici](#) > El BSC participa en l'estudi per desxifrar com funciona el genoma de la leucèmia

El BSC participa en l'estudi per desxifrar com funciona el genoma de la leucèmia

L'estudi de l'IDIBAPS ha estat publicat a la revista *Nature Medicine* i suposa una nova aproximació a la investigació molecular del càncer.



Investigadors de l'IDIBAPS revelen per primera vegada l'epigenoma complet de la leucèmia limfàtica crònica, el tipus de leucèmia més freqüent. [L'estudi](#), publicat a la revista *Nature Medicine*, proporciona un mapa en alta resolució de les funcions del genoma i suposa una nova aproximació a la investigació molecular del càncer. La comparació del mapa de la leucèmia amb el mapa de les cèl·lules sanes revela centenars de regions que canvien la seva funcionalitat en la leucèmia que ajuden a comprendre millor la malaltia i representen dianes potencials per al desenvolupament i aplicació de noves teràpies.

L'estudi l'ha coordinat **Iñaki Martín-Subero**, cap del grup de recerca en Epigenòmica Biomèdica de l'IDIBAPS i professor associat de la Universitat de Barcelona, que forma part de l'equip que dirigeix el Dr. **Elias Campo**, director de l'IDIBAPS i coautor de l'estudi. La primera signant és **Renée Beekman**, investigadora del mateix grup.

En els darrers anys, els estudis moleculars de la leucèmia, i d'altres tipus de càncer, s'han centrat en l'anàlisi molecular de tan sols 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 i subratlla la importància d'integrar diferents capes d'informació molecular per a una millor comprensió de la malaltia"*, explica **Elias Campo**, que també és director de recerca de l'Hospital Clínic i catedràtic de la Facultat de Medicina i Ciències de la Salut de la Universitat de Barcelona.

Un dels majors reptes és l'anàlisi computacional de dades massius. Amb la col·laboració del Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación (BSC), els investigadors han pogut accedir a l'alta capacitat de càlcul necessari per a aquest complex anàlisi. David Torrents, cap del grup de Genòmica Computacional del BSC, explica que la contribució del BSC ha consistit en l'ajuda a l'anàlisi de genomes i la cerca de mutacions, i en la gestió dels recursos computacionals. Renée Beekman afirma que, *"el repte més important a què ens vam enfrontar un cop generades les dades era com analitzar i integrar tantes capes d'informació i destil·lar informació que ens ajudi a comprendre millor la leucèmia. Han estat tres anys intensos d'anàlisi informàtics per poder completar el mapa funcional de la leucèmia"*.

L'estudi s'ha realitzat en el context del Consorci Europeu Blueprint per a l'estudi de l'epigenoma i del Consorci Espanyol del Genoma de la Leucèmia Limfàtica Crònica, i hi han participat un total de 51 investigadors de 23 institucions diferents pertanyents a 6 països.

Més informació [aquí](#).

Referència de l'article: [The reference epigenome and regulatory chromatin landscape of chronic lymphocytic leukemia](#)

Nature Medicine, May 2018. DOI: 10.1038/s41591-018-0028-4

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 24 des 2024 - 17:35): <https://www.bsc.es/ca/noticies/noticies-del-bsc/el-bsc-participa-en-l%E2%80%99estudi-desxifrar-com-funciona-el-genoma-de-la-leuc%C3%A8mia>