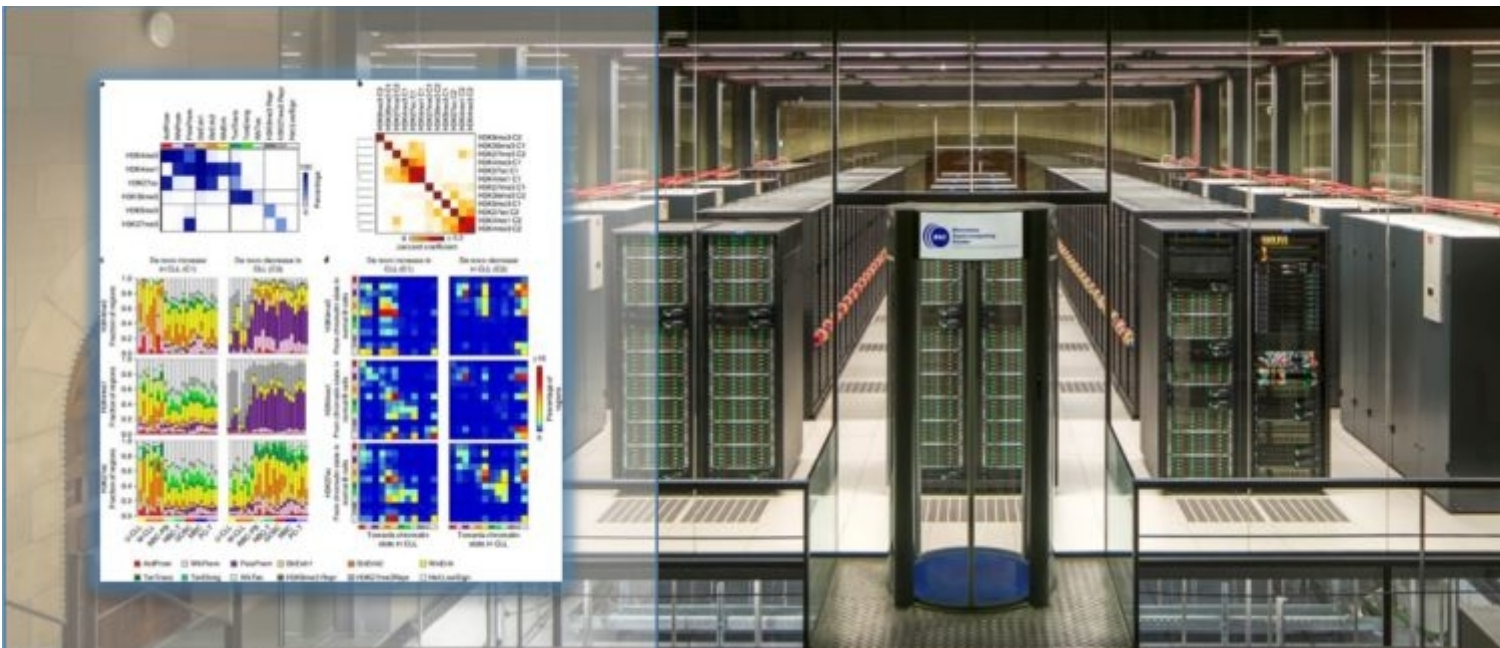


[Inicio](#) > El BSC participa en el estudio para descifrar cómo funciona el genoma de la leucemia

---

## [El BSC participa en el estudio para descifrar cómo funciona el genoma de la leucemia](#)

El estudio de IDIBAPS ha sido publicado en la revista *Nature Medicine* y supone una nueva aproximación a la investigación molecular del cáncer.



Investigadores del IDIBAPS revelan por primera vez el epigenoma completo de la leucemia linfática crónica, el tipo de leucemia más frecuente. El estudio, publicado en la revista *Nature Medicine*, proporciona un mapa en alta resolución de las funciones del genoma y supone una nueva aproximación a la investigación molecular del cáncer. La comparación del mapa de la leucemia con el mapa de las células sanas revela centenares de regiones que cambian su funcionalidad en la leucemia que ayudan a comprender mejor la enfermedad y representan dianas potenciales para el desarrollo y aplicación de nuevas terapias.

El estudio lo ha coordinado **Iñaki Martín-Subero**, jefe del grupo de investigación en Epigenómica Biomédica del IDIBAPS y profesor asociado de la Universidad de Barcelona, que forma parte del equipo que dirige el Dr. Elías Campo, director del IDIBAPS y coautor del estudio. La primera firmante es **Renée Beekman**, investigadora del mismo grupo.

En los últimos años, los estudios moleculares de la leucemia, y otros tipos de cáncer, se han centrado en el análisis molecular de únicamente una capa de información, que proporcionaba una visión parcial y no permitía dibujar un mapa precioso de las funciones del genoma. “*Este es un estudio sin precedentes en la investigación genómica del cáncer y subraya la importancia de integrar diferentes capas de información molecular para una mejor comprensión de la enfermedad*”, explica **Elías Campo**, que también es director del Hospital Clínic y catedrático de la Facultad de Medicina y de Ciencias de la Salud de la Universidad de Barcelona.

Uno de los mayores retos es el análisis computacional de datos masivos. Con la colaboración del Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación (BSC), los investigadores han podido acceder a la alta capacidad de cálculo necesario para este complejo análisis. David Torrents, jefe del grupo de Genómica Computacional del BSC, explica que la contribución del BSC ha consistido en la ayuda al análisis de genomas y la búsqueda de mutaciones, y en la gestión de los recursos computacionales. Renée Beekman afirma que, “el reto más importante al que nos tuvimos que enfrentar una vez generados los datos era cómo analizar e integrar tantas capas de información y destilar información que nos ayude a comprender mejor la leucemia. Han sido tres años intensos de análisis informáticos para poder completar el mapa funcional de la leucemia”.

El estudio se ha realizado en el contexto del Consorcio Europeo Blueprint para el estudio del epigenoma y del Consorcio Español del Genoma de la Leucemia Linfática Crónica, y han participado un total de 51 investigadores de 23 instituciones diferentes pertenecientes a 6 países.

Más información [aquí](#).

Referencia del artículo [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 17 Oct 2024 - 18:06):** <https://www.bsc.es/es/noticias/noticias-del-bsc/el-bsc-participa-en-el-estudio-para-descifrar-c%C3%B3mo-funciona-el-genoma-de-la-leucemia>