



CIÈNCIA

Desenvolupen un nou mètode que detecta en hores els canvis genètics en tumors

El procés necessitava fins ara una setmana i es farà de manera més senzilla i més barata

L.D.
BARCELONA

Un nou programa bioinformàtic analitza els canvis genètics en pacients de càncer en poques hores, mentre que fins ara per a aquest procés es necessitava una setmana. Aquest nou mètode permet detectar les mutacions cel·lulars d'un tumor cancerigen en cinc hores "i d'una manera més senzilla i més barata", segons el biòleg David Torrents, que ha liderat la investigació del grup de genòmica computacional del Barcelona Supercomputing Center - Centre Nacional de Computació (BSC-CNS).

El desenvolupament del programa, batejat com a Smufin (Somatic Mutations Finder), es va publicar ahir a la revista *Nature Biotechnology* i és de lliure accés per a ús acadèmic i científic i de pagament per a objectius comercials. El programa permet detectar de manera "senzilla, ràpida i precisa" les alteracions genètiques que causen l'aparició i progressió de tumors "i fins i tot és capaç de localitzar les grans reorganitzacions de cromosomes difícilment detectables fins ara", explica Torrents en una entrevista a Efe. En el projecte, que ha necessitat dos anys de treball, també hi han col·laborat grups d'investigació de l'Hospital Clínic, l'Institut d'Investigació Biomèdica August Pi i Sunyer de Barcelona, l'Institut d'Oncologia de la Universitat d'Oviedo, l'European Molecular Biology Laboratory i el Centre Nacional d'Anàlisi Genòmic.

"L'anàlisi genòmica de cada pacient ajudarà al seu diagnòstic i permetrà la selecció de tractaments cada vegada més eficaços i menys agressius", subratlla el biòleg, que veu en aquesta nova eina un pas fonamental per arribar a la medicina personalitzada.

Una de les principals novetats que aporta Smufin és que suposa un canvi radical en el mètode



EN EL SUPERCOMPUTADOR
El programa del grup del Barcelona Supercomputing Center, a la imatge, permet detectar de manera més ràpida les alteracions genètiques que causen els tumors. XAVIER BERTRAL

d'anàlisi de genomes. Fins avui la identificació de mutacions responsables de l'aparició de tumors ha implicat comparar genomes extrems del tumor amb genomes de cèl·lules sanes del mateix pacient, a través d'un genoma humà de referència que s'utilitza com a guia. Aquest "lent i complex" procés comporta una pèrdua d'informació i dificulta la identificació de molts tipus de mutacions rellevants per al tumor. L'anàlisi, a més, s'executa successivament amb diversos programes informàtics, cadascun dels quals és capaç de detectar només determinats tipus de variacions. Smufin, en canvi, fa una comparació directa entre el genoma de cèl·lules sanes i el genoma de cèl·lules tumorals d'un mateix pacient i localitza pràcticament totes les mutacions detecta-

Mètode
Detecta en
cinc hores
les mutacions
d'un tumor
cancerigen

bles al mateix moment, sense haver de recórrer a diversos programes. D'aquesta manera, "l'anàlisi resulta molt més ràpida i més completa".

Nova manera de llegir el genoma

"Per estudiar un càncer cal identificar la mutació de la cèl·lula que s'ha tornat boja i per això es mira en el genoma quina mutació ha patit. Se seqüencia el genoma i es compara amb una cèl·lula sana, per veure quin canvi hi ha i quina proteïna està tocada i veure quin fàrmac s'ha de donar -explica Torrents-. Hem generat una nova manera de llegir el genoma, hem tret la càrrega dels altres mètodes i el fem més senzill, més ràpid i capaç de detectar molts més tipus de mutacions, com les grans reorganitzacions de cromosomes, ja que

la majoria quedaven ocultes", afegeix Torrents.

Torrents augura que el cost de seqüenciar el genoma, actualment entre 2.000 i 3.000 euros per un genoma complet, baixarà a uns 700 euros, "un preu que ja és atractiu per introduir medicines personalitzades en les pràctiques clíniques". Segons el científic, per utilitzar el nou mètode només és necessari tenir coneixements bàsics de Linux, el sistema operatiu amb què s'ha desenvolupat.

El BSC està participant en la més gran iniciativa mundial de genòmica del càncer a través del Consorci Internacional del Genoma del Càncer, que pretén analitzar els genomes de milers de pacients per estudiar les bases genètiques de l'aparició i l'evolució d'un gran nombre de tipus tumorals. —