

# El catálogo de genomas abre el camino al tratamiento personalizado del cáncer

El proyecto Pan-Cáncer para el Análisis de Genomas Completos es una iniciativa internacional que ha involucrado a 37 países y ha analizado genomas completos del cáncer. El proyecto, en el que han participado varios expertos japoneses, ha hecho importantes aportaciones para el desarrollo del tratamiento genómico del cáncer.

**E**l cáncer es una enfermedad que surge de la acumulación de mutaciones y alteraciones en nuestros genomas, la información genómica presente en el ADN, que constituye el plano de nuestros cuerpos. Un paso esencial para desarrollar terapias personalizadas y medicamentos es identificar cómo un genoma normal muta y se vuelve canceroso.

El proyecto Pan-Cáncer para el Análisis de Genomas Completos (PCAAG, por sus siglas en inglés), una iniciativa internacional en la que han participado 37 países, ha analizado la información genómica de 2.834 muestras de 38 tipos de cáncer. Según sus conclusiones, publicadas en febrero de este año, la investigación ha identificado más de 46 millones de variaciones de genomas

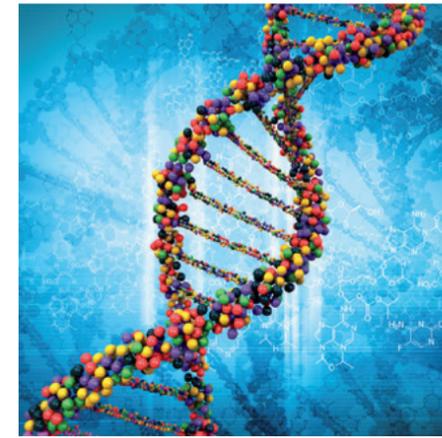
y sus características. Se trata de un logro sin precedentes que podría sentar las bases para desarrollar opciones de terapias más efectivas en pacientes de cáncer.

Más de 1.300 ingenieros e investigadores del cáncer han participado en el proyecto. Entre los miembros japoneses que han contribuido al análisis figuran el jefe del equipo, NAKAGAWA Hidewaki, del Centro Riken de Ciencias Médicas

El Sr. Nakagawa explica que el PCAAG se reúne regularmente de forma presencial y ha creado una valiosa red. (Boston, 2016).



El Sr. Nakagawa afirma: "Debemos considerar cómo aplicar este proyecto al tratamiento del cáncer".



Incluso en pacientes con el mismo tipo de cáncer, la efectividad de los medicamentos y los efectos secundarios que producen pueden diferir, dependiendo de pequeñas diferencias en la secuencia básica de los genomas del cáncer.



En el ámbito de las ciencias de la vida, SHIROKANE cuenta con más potencia computacional que ningún otro supercomputador en Japón. La última versión, el Shirokane 5, redujo el tiempo requerido para analizar datos relacionados con un genoma completo de más de 10 horas a solo 1 hora y 45 minutos, una enorme mejora en la velocidad.

Integrativas, y el Dr. IMOTO Seiya, profesor del Instituto de Ciencias Médicas de la Universidad de Tokio. Además, Riken suministró datos de 270 pacientes con cáncer de hígado, lo que representa el 10% del total de datos.

Los rasgos individuales de la información de la mutación identificada por ordenador fueron dados a conocer por 16 grupos de trabajo. Como codirector del equipo dedicado a la inmunidad frente al cáncer y las mitocondrias, el Sr. Nakagawa orientó a jóvenes investigadores de todo el mundo y, al mismo tiempo, colaboró en los análisis de otros grupos.

"Este proyecto ha sido pionero por haber hecho comparaciones entre varios tipos de cáncer usando una red a escala global", dice el Sr. Nakagawa. Y añade: "Hemos podido deducir los procesos que causan las mutaciones en diferentes tipos de cáncer y sus semejanzas. Anteriormente, no teníamos una idea clara sobre ese punto. Espero que esta investigación conduzca al descubrimiento de medicamentos y al desarrollo de nuevos tratamientos adaptados a los pacientes individuales".

Para completar la base de datos hizo falta analizar una enorme cantidad de información, algo que no hubiera sido posible sin los avances tecnológicos

y la cooperación internacional. El supercomputador SHIROKANE de la Universidad de Tokio y otros nueve supercomputadores de todo el mundo facilitaron el análisis mediante la creación de un gigantesco entorno de computación único.

El Dr. Imoto, que participó en el proyecto, explica: "Ha sido un esfuerzo pionero compartir una cantidad tan enorme de datos genéticos a nivel internacional. Cuando dos grupos trabajan con los mismos datos, estos deben ser analizados exactamente con los mismos medios. Los programas analíticos tienen que ser idénticos. En Japón, abordamos con gran atención el tema de la configuración del sistema hasta encontrar una solución que luego compartimos con el resto del mundo. Fue una aportación muy importante".

Un cáncer específico es, en esencia, una de una serie de variaciones genómicas. Es posible que un medicamento no funcione en dos pacientes que tienen el mismo tipo de cáncer si las mutaciones

muestran diferentes patrones. Completar un "catálogo del cáncer" simplifica la tarea de determinar las mutaciones asociadas con el cáncer de un paciente individual. Nos encontramos en la antesala de una era en la que seremos capaces de seleccionar terapias adaptadas al genoma del cáncer de cada persona. ✨



El Dr. Imoto, de la Universidad de Tokio, afirma: "Los extraordinarios avances tecnológicos de nuestra era nos han permitido el análisis de genomas completos".