

# Descubiertos nuevos genes clave en la evolución del mieloma múltiple

**Científicos de la Clínica y el Cima lideran un estudio internacional que revela un conjunto nuevo de genes específicos de la enfermedad**

**CUN** ■ Científicos de la Clínica y el Cima lideran una investigación internacional que revela un conjunto nuevo de genes específicos de mieloma múltiple que condicionan su aparición y desarrollo, que ha permitido identificar 40.511 nuevos genes no codificantes (hasta ahora denominados como genoma basura) implicados en la evolución de este cáncer de la sangre.

El estudio además demuestra que la expresión de estos genes, junto con las alteraciones genéticas relacionadas con un mal pronóstico en los pacientes con mieloma múltiple, permite clasificar mejor los resultados de supervivencia.

Los resultados de este trabajo se han publicado en *Leukemia*, una de las revistas científicas con mayor prestigio internacional en el campo de la hematología, y abren la puerta al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas basadas en el ARN para el mieloma múltiple, el segundo cáncer hematológico más frecuente.

En la investigación han participado el grupo del Dr. Iñaki Martín-Subero, del Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer (IDIBAPS) de Barcelona, y del grupo del Dr. Ari Melnick, del Weill Cornell Medical College de Nueva York, entre otras instituciones.



De izquierda a derecha, delante: Felipe Prósper y Xabi Agirre junto a las primeras autoras del artículo Arantxa Carrasco-León y Teresa Ezponda y, detrás, otros investigadores del Programa de Hemato-Oncología del Cima.

**UN ARN TRADUCTOR.** El mieloma múltiple es una enfermedad incurable que se origina en la médula ósea. Se trata de una enfermedad muy heterogénea biológicamente y de manejo clínico complejo. En concreto, esta investigación ha descifrado un tipo de moléculas de ARN, los ARN largos no codificantes, que ha permitido a los investigadores identificar nuevos genes con un papel clave en el origen y funcionamiento de las células cancerígenas.

“El estudio inicial se ha realizado en muestras de 38 pacientes con mieloma múltiple mostrando su funcionalidad en la enfermedad. También hemos demostrado su potencial como biomarcador analizando la serie de pacientes de mieloma múltiple más completa en la actualidad, denominada Estudio CoMMPass”, señala el Dr. Xabier Agirre, investigador

del Cima. En la parte clínica, “hemos demostrado que la expresión de los lncRNAs, junto con las alteraciones genéticas de mal pronóstico para los pacientes con mieloma múltiple, sub-estratifica mucho mejor a los pacientes en cuanto a su supervivencia”, apunta el Dr. Felipe Prósper, codirector del Programa de Hemato-Oncología del Cima y del Servicio de Hematología de la Clínica.

Según los investigadores, este avance demuestra que hay otros muchos genes que son clave para el desarrollo de esta enfermedad y que podrían ser interesantes dianas tera-

**El hallazgo, publicado en *Leukemia*, abre la puerta al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas basadas en el ARN para el mieloma múltiple.**

péuticas abriendo las puertas a nuevas terapias basadas en ARNs específicos.

Esta investigación se ha realizado en el marco del Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdISNA) y del Centro de Investigación Biomédica en la Red de Cáncer (CIBERONC). Ha contado con la colaboración de Iberdrola, a través de la Asociación Española contra el Cáncer (AECC) en su convocatoria Accelerator, en la que participan también la Cancer Research UK (CRUK) y la Fondazione AIRC per la Ricerca sul Cancro (AIRC). A su vez, ha recibido financiación de la Unión Europea dentro del proyecto Blue Print Epigenome, la Multiple Myeloma Research Foundation, el Ministerio de Ciencia e Innovación de España, la Fundación Ramón Areces y el Gobierno de Navarra, entre otras instituciones públicas.