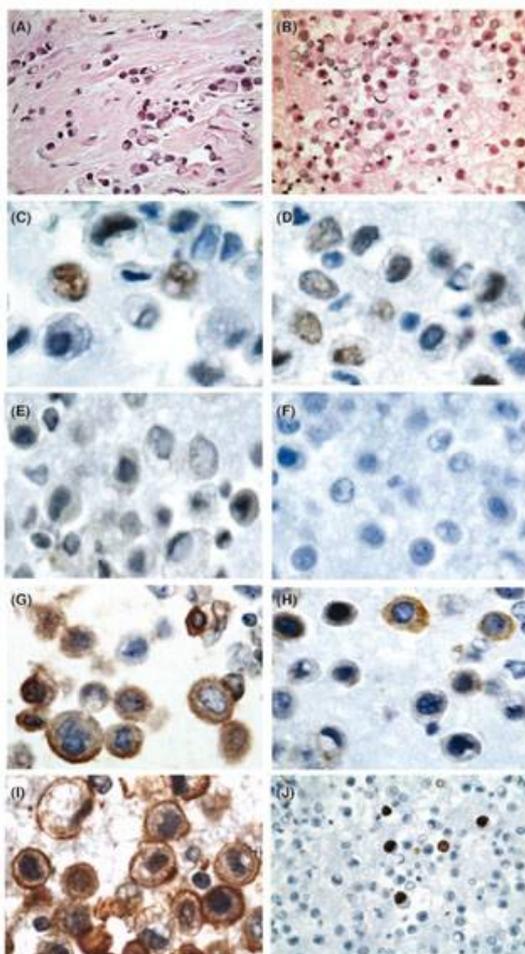


Proponen secuenciar los tumores primarios para comprender cómo se activa el cáncer

Un nuevo artículo analiza la evolución genética de los tumores de mama. Los hallazgos, que serán publicados mañana en la revista *Nature*, ayudarán a los investigadores a comprender los cambios que se producen en los tumores a medida que progresa la enfermedad.

SINC

7/10/2009 19:00 CEST



En las imágenes, tumores primarios y metástasis. Foto: Nature.

A medida que progresan los tumores, éstos van adquiriendo nuevas mutaciones genéticas que les permiten continuar creciendo y extenderse. Un equipo de investigadores, dirigido por Samuel Aparicio, científico del Centro de Investigación del Cáncer BC de Vancouver (Canadá), propone secuenciar

los tumores primarios, antes de la terapia y antes de que se hagan invasivos.

Esta secuenciación “debería facilitar el encontrar candidatos genéticos para llegar a comprender los eventos que activan el cáncer inicial”, explican los autores. “Si sólo se estudian las muestras de tumores más agresivos, donde las mutaciones son numerosas, se necesitaría un número mucho más elevado de muestras para comprender la información”.

Los autores utilizaron técnicas de secuenciación de nueva generación para trazar un gráfico de las mutaciones genéticas que se producen en un tumor de mama alfa positivo receptor de estrógenos, que supone el 15% de todos los casos de cáncer de mama. La muestra provino de la biopsia original de una paciente y de un tumor secundario que se le extrajo a la misma paciente 9 años más tarde, cuando el tumor ya se había extendido.

“El análisis combinado de los datos del genoma y el transcriptoma reveló la existencia de procesos de edición del ARN que se producen en el tumor, dos de los cuales eran desconocidos hasta ahora”, afirman. El equipo encontró 32 mutaciones presentes en el ADN del tumor secundario, 19 de las cuales no estaban presentes en la muestra original del tumor.

Referencia bibliográfica:

Sohrab P. Shah, Ryan D. Morin, Jaswinder Khattra, Leah Prentice, Trevor Pugh, Angela Burleigh, Allen Delaney, Karen Gelmon, Ryan Guliany, Janine Senz, Christian Steidl, Robert A. Holt, Steven Jones, Mark Sun, Gillian Leung, Richard Moore, Tesa Severson, Greg A. Taylor, Andrew E. Teschendorff, Kane Tse, Gulisa Turashvili, Richard Varhol, René L. Warren, Peter Watson, Yongjun Zhao, Carlos Caldas, David Huntsman, Martin Hirst, Marco A. Marra & Samuel Aparicio. “Mutational evolution in a lobular breast tumour profiled at single nucleotide resolution”. *Nature*, 8 de octubre de 2009.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

PRIMARIO | TUMOR | CÁNCER | MAMA | METÁSTASIS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)