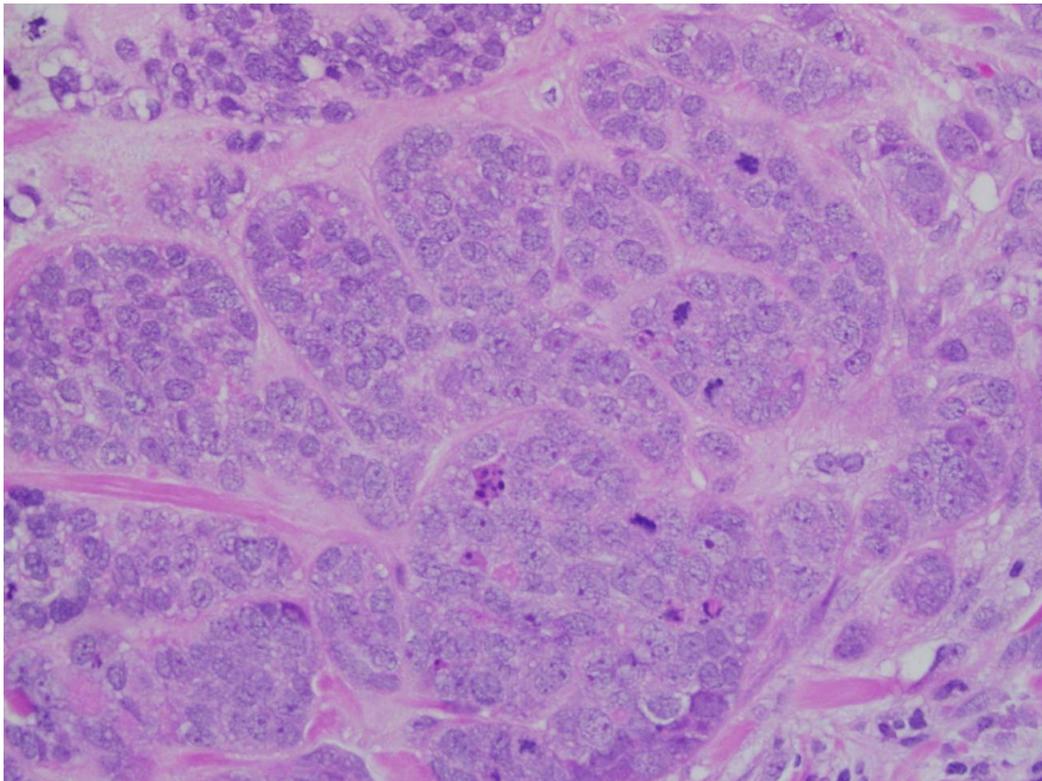


Una aplicación informática identifica proteínas representativas en metástasis de cáncer de mama

El programa MinerProt permite crear perfiles de expresión de las proteínas más relevantes para las metástasis de tumor mamario en cerebro, pulmón, hígado y hueso. El sistema es útil para encontrar marcadores del proceso tumoral. Ha sido desarrollado en el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), en colaboración con investigadores de la Universitat Politècnica de Catalunya y la Universitat Pompeu Fabra.

IDIBELL

7/8/2012 16:15 CEST



Carcinoma de mama al microscopio. Imagen: [Wikipedia](#)

Investigadores del Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL) han creado una aplicación informática, llamada MinerProt, que permite la clasificación de proteínas según su función. El sistema, creado en colaboración con investigadores de la Universitat Politècnica de Catalunya (UPC) y la Universitat Pompeu Fabra (UPF), resulta útil para priorizar la

importancia de ciertas proteínas. El estudio ha sido publicado en la revista *Molecular BioSystems*.

El equipo, coordinado por la investigadora del IDIBELL Àngels Sierra, ha empleado esta herramienta junto con redes de interacción proteína-proteína para crear perfiles específicos de expresión de proteínas para diferentes metástasis de cáncer de mama, en cerebro, pulmón, hígado y hueso, estableciendo funciones prioritarias en cada una de ellas.

La aproximación funcional, basada en la selección de las proteínas más representativas, puede servir para encontrar marcadores y predecir la evolución del proceso canceroso, así como para desarrollar futuras dianas terapéuticas.

El principal objetivo de la investigación ha sido buscar un clasificador funcional que ayude a interpretar todos los datos referentes a las proteínas relacionadas con las metástasis del cáncer de mama. El clasificador indica las funciones celulares que pueden estar más representadas en un determinado tipo de célula metastásica.

Selecciona las proteínas clave en la metástasis

“Sobre estas funciones, el clasificador nos indica qué proteína puede ser más importante para la función que hemos integrado”, explica Sierra, y continúa: “partiendo de genes y proteínas previamente identificadas se clasifican atendiendo al grado de expresión diferencial (significación estadística) para luego organizarse en una red de interacción proteína-proteína. Es una forma práctica de filtrar la información, seleccionando las proteínas clave para definir funciones relevantes. Hemos seguido un enfoque basado en discriminar las funciones de las metástasis de cáncer de mama atendiendo a su organoespecificidad que permitiría el crecimiento celular en microambientes de órganos distantes como hueso, cerebro, hígado y pulmón”.

Existen otros programas clasificadores similares, pero MinerProt prioriza la proteína más representativa de cada grupo funcional, cosa que “ha ayudado a conocer los mecanismos moleculares característicos de la organoespecificidad de las metástasis”, explica la Dra. Sierra.

La metástasis depende de múltiples y complejas interacciones. Solo las células adaptadas tienen la capacidad de sobrevivir y crecer en un órgano distante. "Identificar interacciones letales entre proteína y proteína en las células cancerosas es una vía prometedora para futuros desarrollos de dianas terapéuticas y de fármacos cada vez más potentes y selectivos", concluye Sierra.

El trabajo, financiado por la UE, el Instituto de Salud Carlos III, INCA, el Ministerio de Educación y Ciencia, y la Asociación Española Contra el Cáncer (AECC), se podría comercializar en un futuro.

Referencia bibliográfica:

Rebeca Sanz-Pamplona, Javier García-García, Sergi Franco, Xavier Messeguer, Keltouma Driouch, Baldo Oliva and Àngels Sierra. "A taxonomy of organ-specific breast cancer metastases based on a protein-protein interaction network". *Mol. BioSyst.*, 2012, 8, 2085–2096

Derechos: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

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