

Hallan un subgrupo de tumores de mama que constituye un tipo de cáncer único

Mediante el análisis genómico de seis tipos de cáncer, un grupo de investigadores ha establecido que los tumores de mama del subtipo *basal-like* no son solo un tipo de cáncer único, sino que se parecen más al cáncer de pulmón de células escamosas que al resto de tumores de mama.

SINC

18/12/2013 13:58 CEST



Aleix Prat, investigador principal del grupo de Genómica Traslacional del Vall d'Hebron Instituto de Oncología y primer firmante de este estudio. / VHIO

Un estudio liderado por el grupo de [Genómica Traslacional del Vall d'Hebron Instituto de Oncología \(VHIO\)](#) de Barcelona ha demostrado que el tipo de cáncer de mama conocido como *basal-like* tiene unas características moleculares que hacen que pueda considerarse un tipo de cáncer único.

Además, el equipo de investigación ha observado que este subgrupo de cáncer de mama es más parecido genómicamente al cáncer de pulmón de células escamosas que al resto de tumores de mama.

El estudio, publicado en *Scientific Reports*, ha analizado genómicamente seis tipos de cáncer y ha identificado ciertas alteraciones moleculares que ocurren en distintos grupos de tumores independientemente de su órgano de origen.

La identificación de estas alteraciones comunes entre dos o tres tipos de cáncer podría ser importante para diseñar fármacos contra dianas terapéuticas más específicas e independientes del órgano de origen del tumor.

La identificación de estas alteraciones comunes entre dos o tres tipos de cáncer podría ser importante para diseñar fármacos contra dianas terapéuticas

El trabajo ha comparado el perfil molecular de 18.000 genes en dichos seis tipos distintos de cáncer (cáncer de mama, de ovario, cerebral y colorrectal, adenocarcinoma de pulmón y cáncer de pulmón de células escamosas).

Una de las primeras conclusiones de la investigación es que el cáncer de mama del tipo *basal-like* es distinto del resto de tumores de mama de lo que se pensaba.

“Este hallazgo implica que el grupo de tumores *basal-like* ya no debe considerarse un subtipo más de cáncer de mama, sino que se trata de un verdadero tipo de cáncer con unas características biológicas únicas, las cuales son más similares a las del cáncer de pulmón de células escamosas que a las del resto de tumores de mama”, afirma el Aleix Prat, uno de los autores e investigadores del VHIO.

Similitudes genómicas

Hoy en día, el tipo de cáncer de mama *basal-like* equivale clínicamente al llamado cáncer de mama triple negativo, caracterizado por no expresar los dos receptores hormonales ni el receptor HER2. El curso clínico y la respuesta a los tratamientos de los tumores triple negativos es muy diferentes del resto de tumores de mama (los HER2 positivos o el cáncer de

mama hormonosensible).

“Estos resultados genómicos refuerzan la observación clínica que siempre hemos tenido: que los tumores de mama triple negativos tienen una respuesta a los tratamientos y un comportamiento muy distinto al resto de los tumores de mama y es más parecido a tumores de otros órganos. En nuestro centro tenemos actualmente ensayos clínicos en marcha para este subgrupo de pacientes”, explica Javier Cortés, otro de los investigadores.

Sorprendentemente, los tumores de mama *basal-like* comparten muchas similitudes genómicas con el cáncer de pulmón de células escamosas. Esto sugiere que la célula de origen de cada uno de estos dos tipos de cáncer tiene una función y una localización muy similares, tanto en el pulmón como en la mama.

Los tumores de mama basal-like comparten
muchas similitudes genómicas con el cáncer de
pulmón de células escamosas

De hecho, los datos apuntan a que esta célula de origen podría hallarse en la capa basal del epitelio de ambos órganos. A nivel clínico, los dos tipos de tumores también tienen muchas similitudes ya que suelen responder a los mismos esquemas de quimioterapia y suelen presentar un mal pronóstico en general si no responden al tratamiento.

En el marco del proyecto *The Cancer Genome Atlas* ([TCGA](#)), destinado a averiguar las bases moleculares del cáncer, este estudio ha analizado datos genómicos de 18.000 genes y 1.707 tumores pertenecientes a seis tipos de cáncer.

El equipo ha observado que hay alteraciones moleculares presentes en varios grupos de tumores independientemente de su órgano de origen. Este hecho fue ya apuntado en una publicación reciente liderada por Cortés, en la que se ponía de manifiesto un cambio conceptual en el abordaje del cáncer.

“Estos datos refuerzan la necesidad de realizar ensayos clínicos en base a la

presencia o no de una alteración genómica y no tanto en base a la localización u origen del tumor del paciente. En el VHIO se están llevando a cabo ensayos clínicos con este concepto y con resultados muy prometedores. Por ejemplo, tratamientos en pacientes con tumores diferentes pero con el nexo común de tener una alteración en un oncogén determinado como HER2 o BRAF, tratados en un mismo estudio, lo que se denomina estudios paraguas o basket”, concluye Josep Tabernero, director del VHIO.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

CÁNCER DE MAMA | ONCOLOGÍA | CÁNCER | GENÓMICA |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)