Desarrollan predictor de riesgo de progresión de células de precáncer de mama

El análisis molecular del carcinoma ductal in situ (DCIS), el precursor más común del cáncer de mama invasivo, ha permitido desarrollar un nuevo clasificador genómico para predecir la recurrencia o progresión de este tipo de células.

Así se desprende de una investigación publicada en la revista 'Cancer Cell' liderada por investigadores de la Universidad de Stanford (Estados Unidos), en la que ha participado el Jefe del Grupo de Biología Computacional del Cáncer del Vall d'Hebron Instituto de Oncología (VHIO) de Barcelona (España), José Antonio Seoane.

Según ha explicado este lunes el hospital barcelonés en un comunicado, el DCIS es un cáncer de mama no invasivo o preinvasivo que se inicia en los conductos lácteos, que aunque no es potencialmente mortal aumenta el riesgo de padecer uno de mayor gravedad más adelante.

El proyecto, que ha recibido el apoyo de la Fundación «La Caixa», ha servido para elaborar el primer atlas de precáncer de mama, que podría ayudar precisamente a identificar cuáles de estos DCIS tienen más riesgo de recurrencia o progresión de la enfermedad.

Los investigadores analizaron muestras de pacientes que se habían sometido a cirugía para extirpar el DCIS e identificaron 812 genes asociados con la progresión del cáncer durante los próximos cinco años de vida del enfermo y desarrollaron un clasificador de estas personas.

Gracias al clasificador, los investigadores pudieron predecir el riesgo de que el cáncer de mama progresara, y además descubrieron que las vías asociadas con la recurrencia incluyen la proliferación, la respuesta inmune y el metabolismo.

EFE