

Descubierta una alteración epigenética que provoca metástasi en tumores humanos

- **Un equipo dirigido por Manel Esteller, director del Programa de Epigenética y Biología del Cáncer del Instituto Catalán de Oncología, ha descrito un mecanismo que explica como las células tumorales se escapan de su lugar de origen hacia los ganglios linfáticos**
- **El trabajo, que se publica en la revista Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS), podría servir para predecir el riesgo de padecer metástasis y para mejorar los tratamientos**

La metástasis, la migración de las células malignas hacia otras partes del organismo, es la responsable del 90% de muertos en pacientes con cáncer. Entender los mecanismos responsables de este fenómeno es uno de los principales objetivos de la investigación en oncología.

El proceso de metástasis consiste en una serie de pasos encadenados en que el tumor primario invade tejidos vecinos y acaba diseminándose por el organismo. Uno de los primeros tejidos que padece metástasis son los ganglios linfáticos que rodean el tumor.

El papel de los microRNA

El equipo dirigido por Manel Esteller, director del Programa en Epigenética y Biología del Cáncer (PEBC) del Instituto Catalán de Oncología, ha identificado un mecanismo que explica como las células tumorales se escapan de su ubicación original y van hacia los ganglios linfáticos.

Los científicos han descubierto que las células tumorales tienen una pérdida de actividad de unas pequeñas moléculas, denominadas microRNA. Estos microRNA son los responsables de frenar el crecimiento y la división celular de las células sanas, así como de fijarlas al tejido correspondiente.

En el desarrollo de un cáncer estos microRNA dejan de producirse porque unos grupos químicos, en concreto los grupos metil, bloquean la expresión: los grupos metil hacen de señal de STOP y paran la producción de estos microRNA. Esto hace que la célula se empiece a dividir frenéticamente, se desenganche del substrato y migre a estructuras vecinas como los ganglios linfáticos y también a órganos lejanos. Los microRNA que tendrán que hacer la función de supresión de la metástasis y se ven alterados son el miR-148a, miR-34b/c y miR-9.

Posible aplicación práctica

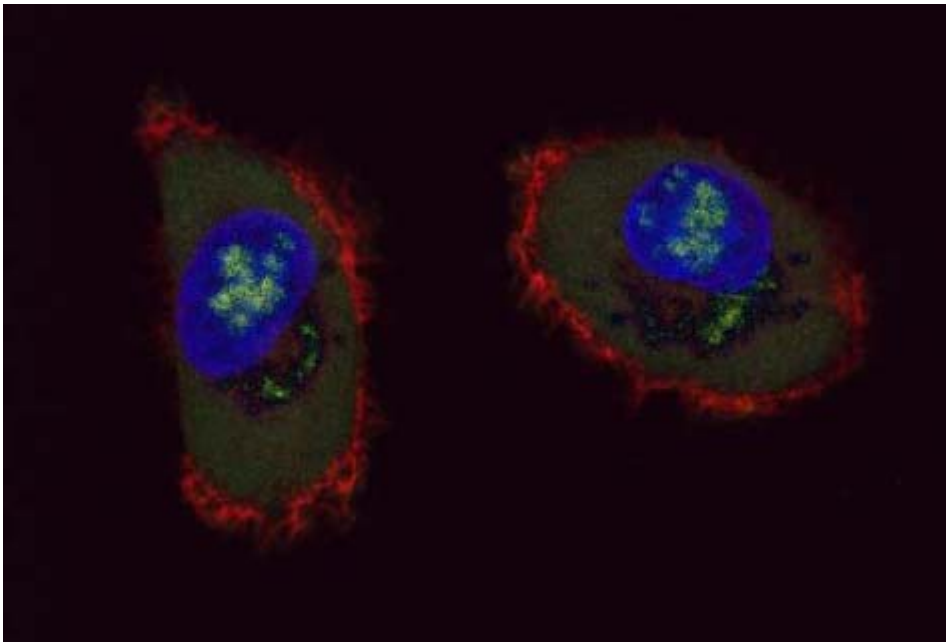
El hallazgo tiene una posible doble aplicación práctica:

Predecir el riesgo de metástasis: por un lado, el estudio de la metilación anómala de los microRNA podría emplearse como biomarcador para predecir el riesgo de

metástasis cuando se produce el diagnóstico del cáncer, y definir así el abordaje clínico más adecuado en cada caso.

Diseños de nuevos fármacos: Por otro lado, el estudio puede tener una aplicación en el tratamiento de los pacientes. Hoy en día existen fármacos que son capaces de eliminar los grupos de metil anómalos, y se podrían utilizar para volver a la actividad a estos microRNA que tienen funciones inhibitoras de metástasis.

Ambas posibilidades tienen que ser analizadas en estudios clínicos translacionales internacionales con la participación de múltiples hospitales y serán el foco de futuras investigaciones en este campo.



Fotografía. Células de metástasis utilizadas en el estudio.