

EL TRABAJO APARECE PUBLICADO EN LA REVISTA 'ONCOTARGET'

Cómo pronosticar posibles recaídas en pacientes con cáncer colorrectal esporádico

Si un cáncer colorrectal se detecta en fases tempranas, basta con una intervención quirúrgica. Sin embargo, cerca de un 10% de pacientes recaen o desarrollan metástasis y no existe ningún biomarcador para identificarlos. Investigadores de Salamanca han elaborado un sistema de clasificación de pacientes basado en la combinación del estadio del tumor y las mutaciones en el gen BRAF.

SINC

29/5/2018 09:41 CEST

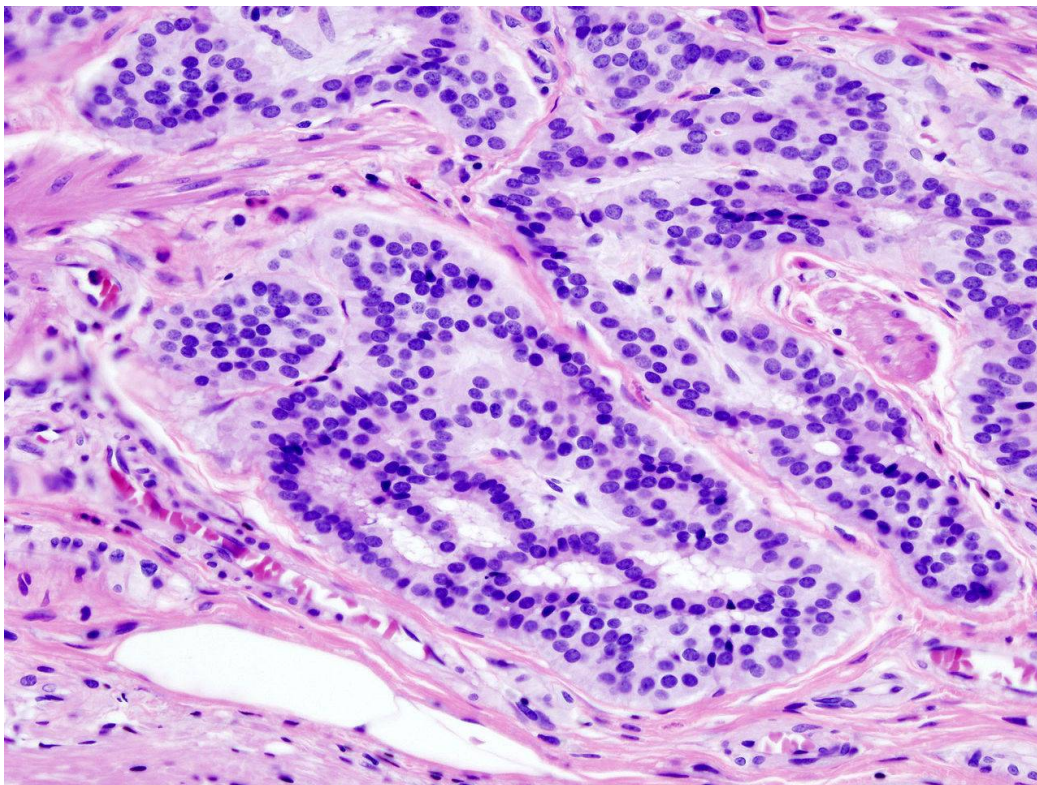


Imagen histopatológica de un carcinoma de colon. / [Wikipedia](#)

Investigadores españoles han elaborado un sistema que clasifica, en el momento del diagnóstico, a los pacientes de cáncer colorrectal en tres grupos con diferente riesgo de recaída. Para ello, analizaron la mutación del gen BRAF en 87 casos y combinaron esta información con un sistema de estadificación que evalúa la extensión y el grado de infiltración del tumor. El

resultado, publicado en la revista *Oncotarget*, hace posible discriminar tres tipos de pacientes con distinto riesgo de recaída, lo que permitiría realizar un seguimiento más estrecho en los pacientes de alto riesgo.

“En el cáncer colorrectal la mayoría de las muertes se producen por metástasis o por recaídas”, explica José María Sayagués, investigador del Hospital Clínico Universitario de Salamanca y del Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca (IBSAL). “Generalmente, si el tumor se detecta en fases tempranas basta con una intervención quirúrgica, pero incluso en este caso hay cerca de un 10% de pacientes que recaen o desarrollan metástasis y no tenemos ningún biomarcador para identificarlos”, afirma.

En el cáncer colorrectal la mayoría de las muertes se producen por metástasis o por recaídas

Por eso, los servicios de Anatomía Patológica, Hematología y Cirugía centraron su atención en el estudio de una serie de genes de relevancia desde el punto de vista de su implicación en el desarrollo de la enfermedad, la respuesta al tratamiento y la supervivencia de los pacientes.

“Antes de aplicar una terapia basada en anticuerpos monoclonales, es preciso determinar si ciertos genes están mutados o no, porque esto nos indica si el tumor será resistente o sensible al tratamiento”, comenta. A día de hoy, los oncólogos ya saben que cuando los genes KRAS y NRAS sufren mutaciones, la terapia no tiene efecto. No obstante, en esta ocasión en el análisis genético de los 87 pacientes participantes se incluyeron estos y otros dos genes, TP53 y BRAF, y el resultado ha sido especialmente significativo en el caso del segundo.

Sin embargo, la investigación no se limita a señalar la importancia de este biomarcador. Los expertos han elaborado un método de puntuación que combina dos parámetros. El primero de ellos es el sistema de estadificación del cáncer colorrectal, que considera el grado de infiltración del tumor en la pared del intestino y su diseminación en tejidos cercanos, ganglios linfáticos y metástasis en otros órganos. El segundo incorpora la información sobre la presencia o ausencia de mutaciones sobre el gen BRAF.

Al combinar los dos parámetros anteriores se perfilan tres grupos de pacientes: los que tienen un 95% de posibilidades de recaer en dos años, los que presentan una probabilidad cercana al 50% y los que no van a recaer. Los casos que presentan estadios avanzados al diagnóstico y mutaciones en el gen BRAF constituyen el grupo de peor pronóstico, pero “su identificación precoz permitiría llevar a cabo un seguimiento más estrecho y anticiparnos a su eventual recaída”, destaca Sayagués.

Otras líneas de investigación en desarrollo

Los investigadores involucrados en este trabajo, que pertenecen también al Centro de Investigación del Cáncer y al Centro de Investigación Biomédica en Red de Cáncer (CIBERONC), preparan nuevas publicaciones relacionadas con esta línea de investigación. Por una parte, en relación con la heterogeneidad genética espacial del tumor, es decir, cuando de un mismo paciente se toman varias muestras tumorales para su análisis (tumor primario, ganglio o metástasis) y el resultado desvela que existen diferencias en el perfil genético entre las diferentes muestras tumorales.

La identificación precoz de los casos con peor pronóstico permitiría un seguimiento más estrecho y anticiparnos a su eventual recaída

Actualmente, “aún no sabemos qué significado clínico tiene este hallazgo, pero nos está indicando que posiblemente en todos los pacientes habría que analizar todas las muestras tumorales para diagnóstico, pronóstico y tratamiento”, aseguran.

Otra línea de investigación muy interesante en la que están trabajando actualmente es la “biopsia líquida”, técnica que permitiría averiguar el perfil genético del tumor a partir de una muestra de sangre periférica, sin necesidad de realizar una biopsia invasiva. No obstante, hasta la fecha los resultados son preliminares.

En teoría, cuando un paciente tiene cáncer, en la sangre periférica aparece alrededor de un 3 a un 5% de ADN tumoral, así que un simple análisis de esta

sangre (biopsia líquida) debería ser suficiente para detectar mutaciones en el tumor primario, ganglios o metástasis. Sin embargo, en realidad “hoy por hoy no hay trabajos donde se demuestre que en la sangre periférica aparecerá cualquier tipo de mutación y además hay que tener en cuenta que pueden coexistir varias mutaciones, así que estamos analizando este problema y los resultados se verán en próximos artículos”.

Referencia bibliográfica:

Combined assessment of the TNM stage and BRAF mutational status at diagnosis in sporadic colorectal cancer patients. José María Sayagués, Sofía Del Carmen, María Del Mar Abad, Luís Antonio Corchete, Oscar Bengoechea, María Fernanda Anduaga, María Jesús Baldeón, Juan Jesús Cruz, Jose Antonio Alcazar, María Angoso, Marcos González, Jacinto García, Luís Muñoz-Bellvis, Alberto Orfao and María Eugenia Sarasquete. *Oncotarget*. 2018; 9:24081-24096. <https://doi.org/10.18632/oncotarget.25300>

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

CÁNCER COLORRECTAL | BIOMARCADORES | CÁNCER | MUTACIONES |
METÁSTASIS |

Creative Commons 4.0

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

