TITULO

**Reconocimiento del patrón de transcripción genética de cáncer específico e identificación de firmas genéticas compartidas en distintos tipos de cáncer**

**Autores:** Jorge Antúnez de Mayolo Vernaza, Thelly del Valle, Rodrigo Guinea, José Lopez, Peter Montalvo.

Primera parte

Introducción

“Está demostrado que el cáncer es fundamentalmente una enfermedad genética”[[1]](#footnote-1) . Recientemente, se han desarrollado proyectos que, usando nuevas tecnologías, están tratando de identificar los orígenes genéticos de cada tipo de cáncer, incluyendo el protector TGA ATLAS.

Actualmente se ha logrado secuenciar ADN para detectar aberraciones genómicas recurrentes, sin embargo, aún en esas aberraciones se encuentra características distintas cuyo estudio no ha sido cubierto plenamente aún.

Dentro de los análisis genéticos encontrados con estas aberraciones, se están presentando nuevos enfoques al estudio genético del cáncer:

1. Hasta la fecha las incidencias de cáncer se clasifican por el órgano que se ve afectado (independientemente de otros órganos), siendo por esa razón que se determina el tratamiento a seguir según el órgano afectado. Sin embargo, de la nueva data que se está obteniendo, Se han encontrado características de aberraciones (que producir cáncer) muy similares en distintos órganos del cuerpo. Esta situación, está llevando a replantear los procedimientos actuales para considerar que los tratamientos podrían ser similares para distintos órganos del cuerpo si estos tuviesen las mismas aberraciones.
2. Para todos los cánceres detectados en un órgano específico, se determina generalmente el mismo tratamiento a seguir[[2]](#footnote-2). Con la nueva información que se está obteniendo, se están encontrando aberraciones muy diferentes para un mismo órgano. Esto nos permite considerar que no necesariamente se debería aplicar el mismo tratamiento aun cuando la incidencia de cáncer se presentase en un órgano específico.
3. Con la data de aberraciones, se podrían evaluar la posibilidad de un pronóstico temprano de un cáncer determinado, permitiendo poder realizar tratamientos en estadíos iniciales aún no detectados y mejorando la tasa de supervivencia para estas incidencias de cáncer[[3]](#footnote-3).

Con estas

Basado en la data que se presenta de este estudio, se buscará desarrollar un análisis para determinar qué tan cercanos estamos de poder identificar las mismas aberraciones- similar tipo de cáncer para distintos órganos (ítem 1), aberraciones distintas dentro de un mismo órgano para poder unificar el tratamiento (iten 2) y pronosticar en forma temprana la presencia de cancer.

estado del arte

Para desarrollar

diseño del experimento

1. *Nat Genet*. 2013 October ; 45(10): 1113–1120. doi:10.1038/ng.2764 [↑](#footnote-ref-1)
2. Entiéndase por tratamiento a seguir como el desarrollo de cualquiera de los procedimientos a usar para el mismo diagnóstico encontrado. [↑](#footnote-ref-2)
3. Extracto libre basdo en *Nat Genet*. 2013 October ; 45(10): 1113–1120. doi:10.1038/ng.2764 [↑](#footnote-ref-3)