

Del 10 al 13 de julio del 2011 se llevó a cabo en la ciudad de Kyoto, Japón, la 5ta reunión científica del Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer (ICGC, por sus siglas en inglés) que contó con la participación de más de 400 investigadores de todo el mundo, todos ellos dedicados al análisis genómico de diversos tipos de tumores humanos.

El Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer se creó con la finalidad de coordinar diversos proyectos internacionales enfocados al análisis de los cambios en la estructura genética presentes en una gran variedad de tipos de cáncer, principalmente aquellos que contribuyan al mayor número de muertes en el mundo. El objetivo de este Consorcio es completar el análisis del genoma completo de 25,000 tumores para desarrollar un catálogo público de la mayor parte de las alteraciones genéticas presentes en tumores humanos.

En el marco de este evento, el día 12 de julio se presentaron los resultados del trabajo: “Análisis genómico en cáncer de mama”. Este proyecto forma parte de la Iniciativa Slim en Medicina Genómica, la cual está coordinada y financiada por el Instituto Carlos Slim de la Salud y en donde colabora el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) de México y el Instituto Broad de MIT y Harvard, en Boston, Estados Unidos, contando además con participación de investigadores del Dana Farber Cancer Institute, Massachussets General Hospital, la Escuela de Medicina de la Universidad de Harvard y el Instituto de Enfermedades de la Mama FUCAM, A.C., de la Ciudad de México.

El Dr. Alfredo Hidalgo Miranda, Investigador en Ciencias Médicas del INMEGEN en coordinación con otros investigadores del Instituto, presentó los resultados obtenidos a través de la comparación de la secuencia del genoma de tumores de mama contra el genoma de tejido normal de cada paciente. Además de los datos de secuenciación, el proyecto analizó los patrones de alteraciones en el número de copias de DNA, así como los perfiles de expresión de RNA los cuales fueron analizados mediante el uso de diversos tipos de microarreglos.

En total se analizaron 116 muestras de tumores, más de la mitad de ellas provenían de pacientes Mexicanas, lo cual fue posible gracias a la participación del Instituto de Enfermedades de la Mama FUCAM, A.C.

Entre los resultados más destacables del trabajo se incluye la generación de un catálogo de los genes que con mayor frecuencia sufren mutaciones en tumores de mama. Asimismo, se pudo evaluar por primera vez la prevalencia en México de diferentes subtipos de tumores de mama y finalmente, fue posible identificar la presencia de alteraciones en un alto número de genes, lo cual tendrá implicaciones clínicas de relevancia.

Los resultados de este trabajo constituyen la primera aportación de México y de la Iniciativa Slim en Medicina Genómica al Consorcio Internacional del Genoma del Cáncer y uno de los mayores esfuerzos en lo que se refiere al análisis de secuenciación del genoma del cáncer de mama a nivel mundial. Sus resultados permitirán obtener una visión más completa acerca de las alteraciones genómicas en este importante tumor.

Para más información de este proyecto, favor de consultar <http://www.icgc.org/icgc/cgp/61/489/71118>