

El futuro de la detección: estudio de múltiples ancestros revela claves genéticas para la predicción del cáncer de próstata

Por Michelle Arely Berrueto Duarte

Estudiante de Ingeniería Biomédica, Instituto de Ingeniería y Tecnología, UACJ



Actualmente el cáncer de próstata es la causa más frecuente de mortalidad por tumores malignos ocupando el 4to lugar de todas las enfermedades cancerígenas y el 2do más común en hombres, según la Organización Mundial de la Salud (OMS). En 2020 este tipo de cáncer contaba con un porcentaje de prevalencia aproximado del 20%, que serían alrededor de 57,824 individuos; según la “American Cancer Society” en los Estados Unidos aproximadamente 1 de cada 41 hombres morirá por cáncer de próstata. Mundialmente el cáncer de próstata es el más diagnosticado en varones, pero se observó una variación en la incidencia de este tipo de cáncer en distintas poblaciones de todo el mundo. El riesgo de contraer este tipo de cáncer está directamente influenciado por factores genéticos, contando actualmente con la identificación de 278 variantes de riesgo a través de estudios de asociación de todo el genoma (GWAS), los cuales son investigaciones que tienen como finalidad la identificación de variantes genéticas asociadas con determinadas enfermedades, características o rasgos en una población.

En un escenario donde la transferibilidad y utilidad

clínica de los puntajes de riesgo genético (GRS), empleados para calcular la probabilidad de que un individuo desarrolle una determinada condición o enfermedad, se ven limitados por la falta de equilibrio en los estudios genéticos entre poblaciones, se planteó la necesidad de abordar esta brecha. La falta de representación de diversas ascendencias en este tipo de investigaciones ha llevado a una comprensión incompleta de las variantes genéticas asociadas con el cáncer de próstata en diferentes grupos étnicos. Un grupo de investigadores realizó un estudio de asociación genómica en múltiples ancestros, abordando esta limitación realizando un meta análisis a nivel mundial, utilizando alrededor de 150,000 casos de cáncer de próstata y aproximadamente 700,000 controles de hombres entre europeos, africanos, asiáticos e hispanos, lo que arrojó un aumento del 57% en los casos no europeos a diferencia de estudios anteriores de asociación genómica en el cáncer de próstata, el aumento observado en este nuevo estudio fue del 3% en asiáticos, 14% en europeos, 15% en hispanos y 23% en africanos (ver Figura 1).

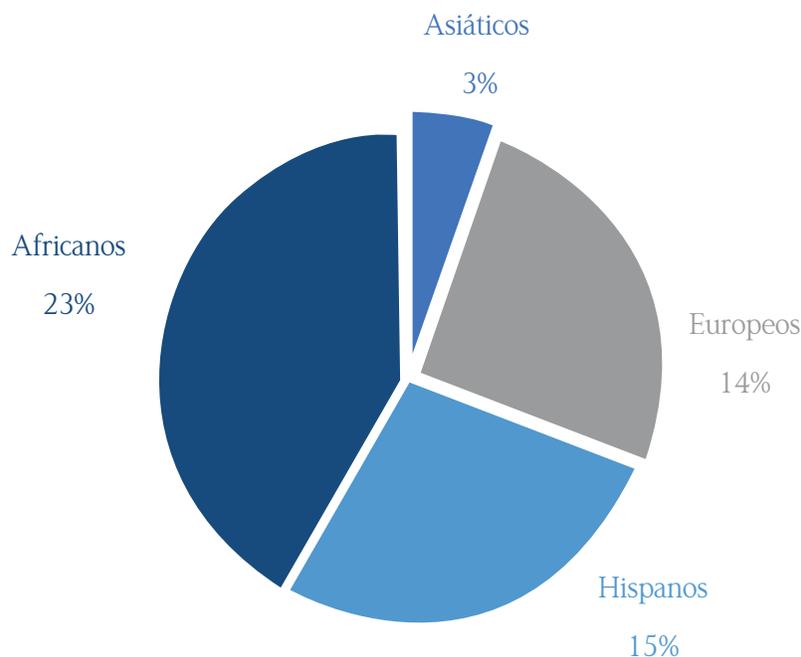


Figura 1. Aumento de variantes genéticas asociadas con el cáncer de próstata en diferentes poblaciones

Figura 1. Aumento de variantes genéticas asociadas con el cáncer de próstata en diferentes poblaciones

En total se identificaron 451 variantes de riesgo significativas a nivel mundial para el cáncer de próstata en análisis de múltiples ancestros, incluyendo 187 que no se habían detectado previamente. De estas nuevas variantes de riesgo se identificaron 28 que alteran directamente la estructura de las proteínas, también se encontró una relación entre las variantes genéticas identificadas y la agresividad del cáncer de próstata; esta asociación se basa en el análisis de la expresión de genes y las variantes genéticas identificadas en el estudio, que sugieren una conexión entre la información genética y la naturaleza agresiva del cáncer de próstata, siendo los hombres de ascendencia africana con cáncer de próstata, los individuos con mayor riesgo de enfermedad agresiva en comparación con la no agresiva. Este hallazgo se refuerza al tener en cuenta las variantes relacionadas con el antígeno prostático específico (PSA), el cual es un marcador comúnmente utilizado para evaluar la salud de la próstata.

Si bien este estudio no habla sobre el descubrimiento de una cura o de un tratamiento novedoso para el cáncer de próstata, los resultados obtenidos no solo amplían nuestro conocimiento de las variantes genéticas asociadas con el cáncer de próstata, sino que también destacan la complejidad y la diversidad genética que está detrás de esta enfermedad, además de que reveló información valiosa para la detección temprana del cáncer de próstata; dado que muchos casos de cáncer de próstata diagnosticados hoy en día podrían no llegar nunca a poner en peligro a sus portadores, diferenciar el riesgo de padecer una enfermedad agresiva mediante el análisis de puntuación de riesgo es un factor clave para el correcto tratamiento del cáncer de próstata.

Referencias Bibliográficas:

- [1] «Estadísticas importantes sobre el cáncer de próstata». Accedido: 23 de noviembre de 2023. [En línea]. Disponible en: <https://www.cancer.org/es/-cancer/tipos/cancer-de-prostata/acerca/estadisticas-clave.html>
- [2] «Cancer today». Accedido: 23 de noviembre de 2023. [En línea]. Disponible en: <http://gco.iarc.fr/today/home>
- [3] A. Wang et al., «Characterizing prostate cancer risk through multi-ancestry genome-wide discovery of 187 novel risk variants», *Nat Genet*, pp. 1-10, nov. 2023, doi: 10.1038/s41588-023-01534-4.