El cáncer es el resultado de cambios en las modificaciones del DNA

El Ciudadano · 12 de agosto de 2021

Investigadora BUAP analiza el proceso de metilación en la secuencia de genes involucrados en cáncer de mama



El cáncer es un padecimiento en aumento entre la población, afectando incluso a adultos jóvenes. Con el paso de los años, sus factores de predisposición también han variado, por lo que su prevalencia se relaciona estrechamente con tener una mayor cantidad de tejido adiposo, una alimentación inadecuada, falta de ejercicio y consumo de alcohol y tabaco.

El estilo de vida incide en la expresión de genes; es decir, en su forma de funcionar y pueden presentarse cambios en la actividad de un gen —sin cambiar la secuencia del DNA correspondiente—, uno de esos cambios es la adición de un grupo metilo, proceso llamado metilación. Este fenómeno permite tener marcas específicas en el genoma, las cuales se pueden comparar entre el tejido sano y enfermo de diversas patologías.

Con el estudio de la metilación en diversos tumores se ha descubierto que algunos genes presentan variaciones en su patrón de metilación. Por lo tanto, el inicio y progresión del cáncer también puede ser el resultado de alteraciones que no producen una modificación en la secuencia del DNA, pero sí en la actividad de los genes. Por ello la doctora Elena Hernández Caballero, académica de la Facultad de Medicina de la BUAP, analiza el proceso de metilación en la secuencia de algunos genes involucrados en el cáncer de mama: DACT2, PHF20L1, HDAC2 y DEK.

Para ello, la integrante del Cuerpo Académico de Biomedicina utiliza técnicas de conversión de DNA con bisulfito de sodio y PCR sensible a metilación (método para identificar metilación en fragmentos de DNA). "De esta forma, cuando nosotros obtenemos este fragmento podemos realizar su secuenciación para compararlo con una secuencia de DNA genómico en una base de datos; si al realizar la revisión de la secuencia del fragmento de DNA de interés, encontramos diferencias en las bases susceptibles a metilación, entonces podemos decir que esa región tuvo un cambio por metilación".

Contrario a lo que pudiera pensarse, **la metilación es un proceso reversible y este puede modficarse con estilos de vida saludables,** ya que el ejercicio y una alimentación adecuados, por ejemplo, pueden reprogramar la metilación del DNA especialmente en enfermedades metabólicas, señaló la académica.

Campo de estudio

El gen DACT2 es un supresor de tumor que regula la proliferación celular. Después de analizar su patrón de metilación en 80 muestras de tejido mamario, Elena Hernández Caballero, doctora en Ciencias por el Instituto Politécnico Nacional, comprobó que 15 tejidos sanos (el grupo control) no presentaron modificación, validando así la diferencia en la metilación de este gen entre tejido sano y tejido enfermo. En el resto de las muestras mostró que conforme avanzaba el estadio tumoral, se incrementaba la cantidad de estas con metilación, sobre todo en el estadio 3.

Por lo tanto, **esta investigación pretende localizar biomarcadores en tejido tumoral que luego puedan buscarse en otros tejidos.** "Uno podría buscar los cambios de metilación a nivel de células de sangre para no tener que ser invasivos, sin llegar a la biopsia", refirió la investigadora de la Facultad de Medicina.

Asimismo, la académica analiza un oncogen, DEK, en una línea celular de cáncer de mama. "Cuando un oncogen sufre un cambio en la metilación de su promotor, se incrementa su expresión y eso promueve que las células proliferen de manera desregulada, lo cual se traduce en un tumor".

En este trabajo en desarrollo, se analizan los cambios en expresión y metilación del gen DEK al exponer a las células a un antioxidante presente en el té verde, la Epigalocatequina-3-galato, mejor conocida

como EGCG. El propósito es que, de obtener resultados positivos, este compuesto pueda ser sugerido como un coadyuvante en la terapia médica.

Fuente: El Ciudadano