



Los marcadores biológicos ayudarían a detectar cáncer asociado al VPH

Investigación de la Universidad Javeriana se concentró en estudiar la epigenética de las células.

A través de biomarcadores epigenéticos, que se encargan de identificar las alteraciones patológicas heredables en el ADN, se podría entender la incidencia del virus del papiloma humano (VPH) en algunos tipos de cáncer de la cabeza, el cuello y el útero.

Se ha comprobado que las mucosas de estas áreas del cuerpo comparten características que las hacen susceptibles de ser colonizadas por el VPH y generar tumores malignos. Con base en eso, un grupo de investigadores se dio a la tarea de entender la implicación del VPH en los tipos de cáncer y comprender los factores que formarían parte del proceso de vacunación.

Así lo indica una investigación de la Pontificia Universidad Javeriana de Bogotá, desarrollada por la docente de la Facultad de Odontología Adriana García Robayo.

La investigación se basó en conocer los biomarcadores genéticos de más precisión, que permitirían detectar la presencia de cáncer en el organismo. Los biomarcadores son herramientas biológicas que indican las variaciones bioquímicas y morfológicas en los organismos y permiten establecer factores de riesgo.

En primera instancia, el estudio se inició en cáncer cervical (cuello uterino). El grupo de trabajo estaba interesado en conocer algunas moléculas o partes del ADN en donde hubiera alteraciones y pudieran predecir el pronóstico de los pacientes. “¿Por qué? Porque el cáncer cervical es una enfermedad crónica pero prevenible. Sin embargo, la infección con VPH es una causa necesaria pero no suficiente para desarrollarlo. Hay muchos otros factores, principalmente ambientales, que pueden influir en el desarrollo de este; uno de esos fenómenos que pueden ocurrir en la célula es la epigenética,” dijo García.

La epigenética es el estudio de los factores que no corresponden al estudio de la genética clásica, principalmente basada en la información contenida en los genes heredables, sino a los factores ambientales y circundantes en el momento de la concepción y durante el desarrollo del organismo.

En ese sentido, lo que pretende la investigación es “buscar, mediante tecnologías más masivas, cómo esa epigenética cambia en una persona con cáncer, en una persona con lesiones preneoplásicas (como las del cáncer en cuello uterino), cómo cambia por genes que están modificados epigenéticamente en estadios tempranos del cáncer, en estadios más avanzados y, finalmente, ya en el cáncer invasivo”, afirmó la docente.



Universidad del Valle

Facultad de Salud - Grupo de Comunicaciones



Sala de Prensa

Fueron cerca de 10.000 partes del ADN en las que se estudiaron los genes indicadores de cáncer en general. Posteriormente, se hizo una comparación de cómo van cambiando dichos genes gradualmente, ya que existen lesiones evolutivas de la enfermedad y se buscaba conocer cuáles eran los genes que podrían predecir si ya una mujer presenta alguna lesión preneoplástica o alteración epigenética, o si tiene hacia el futuro el riesgo de desarrollar el cáncer.

“Queríamos complementar el tamizaje de estas pacientes. Es decir que, aparte de decirles que son un caso positivo para la infección del VPH y tienen encima un virus de alto riesgo, también tiene estas modificaciones epigenéticas, que, además, incrementan ese riesgo de desarrollar un cáncer”, explicó García.

Diario EL TIEMPO, 14 de Noviembre de 2017. Página 2.7