

# Nueva clave epigenética de la metástasis de mama

Un 15 por ciento de los tumores mamarios presenta un número excesivo de copias del gen 'EMSY', lo que conduce a la pérdida de factores protectores

BARCELONA  
**REDACCIÓN**  
dmredaccion@diariomedico.com

Un estudio que se publica hoy en *Molecular Cell* con la colaboración del grupo de Manel Esteller, director del Programa de Epigenética y Biología del Cáncer del Instituto de Investigaciones Biomédicas de Bellvitge (Idibell), investigador ICREA y profesor de Genética de la Universidad de Barcelona, describe una de las claves para entender la metástasis en cáncer de mama.

La investigación demuestra que en un 15 por ciento de tumores de mama existe un número excesivo de copias del gen *EMSY* en el

material genético de los pacientes, lo que induce la pérdida de factores protectores de metástasis.

El trabajo, dirigido desde la Universidad británica de Cambridge, constituye un ejemplo de investigación traslacional y multidisciplinaria, y en el que han colaborado, además del grupo de Manel Esteller, el laboratorio de Alberto Villanueva, del Instituto Catalán de Oncología-Idibell.

#### COPIAS EXTRAS DEL GEN

Según el estudio, aquellos tumores de mama con copias extras del gen *EMSY* en su genoma son capaces de reclutar múltiples moléculas para apagar la actividad

de genes anti-metástasis como el denominado microARN-31. Los investigadores también comprobaron que, si conseguían disminuir la función de *EMSY*, los factores protectores de metástasis volvían a activarse y no se producía la diseminación del tumor.

"Este último hallazgo podría despertar interés en la búsqueda de fármacos ca-

paces de bloquear a la proteína EMSY", comenta Esteller. "Además, en este caso sería más fácil identificar a las pacientes que podrían ser sensibles al fármaco, ya que en principio serían aquellas que presentarían una sobredosis de este oncogén *EMSY* en el análisis genético. Sería un proceso similar al que ya se realiza para la detección del marcador HER2 en cáncer de mama, que permite su tratamiento con un fármaco específico".

La aparición de metástasis es responsable del 90 por ciento de muertes en pacientes con cáncer; de ahí que sea un objetivo fundamental en la investigación.

La alteración descubierta potencia la capacidad de reclutar múltiples moléculas para apagar la actividad de los genes antimetastásicos, como microARN-31