

Demuestran la participación del gen 'NCAPH' en el pronóstico y evolución de un tipo de cáncer de mama

- Un estudio liderado por la Universidad Complutense de Madrid (UCM) y el CSIC demuestra la importancia del gen NCAPH en la progresión del cáncer de mama luminal A al confirmar su participación en el desarrollo de la enfermedad.
- El trabajo, publicado en la revista '*Clinical and Translational Medicine*', destaca la participación de este gen en la mala evolución de la enfermedad. Al estar asociado con un buen pronóstico, recibe habitualmente un tratamiento menos agresivo que otros subtipos, a pesar de que un importante porcentaje de casos muestra una evolución desfavorable, con un 15% de recaídas a los 5 años y otro 15-16% después de los 10 años del diagnóstico inicial.
- El hallazgo ofrece nuevas vías para identificar esos casos de peor evolución y emplear en ellos estrategias de tratamiento personalizadas que podrían mejorar los resultados en esos pacientes.

Madrid, 9 de abril de 2024.- El cáncer de mama Luminal A es el subtipo de cáncer de mama más frecuente y el de menor agresividad. Sin embargo, un porcentaje de las pacientes con este tipo de tumores sufren recaída años después del diagnóstico llegando a suponer el 15% después de 10 años. **Identificar a estas pacientes es vital, ya que aquellas con recaídas a largo plazo podrían beneficiarse de una terapia hormonal prolongada**, mientras que aquellas que recaen temprano podrían necesitar tratamientos más rigurosos. Por tanto, son necesarias estrategias que permitan discernir el mal pronóstico de este subtipo de cáncer de mama para así optimizar la selección del tratamiento.

El equipo liderado por la Dra. **Sonia Castillo-Lluva** de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Complutense de Madrid, junto a un equipo de investigadores del CSIC, han empleado la minería de datos en muestras de cáncer de mama, identificaron la proteína NCAPH, encargada de garantizar la condensación correcta de los cromosomas durante la mitosis. Los estudios llevados a cabo en este trabajo indican que la alteración en la expresión de este gen es crucial para el desarrollo del cáncer de mama luminal A y su evolución desfavorable. Mediante análisis de regresión multivariante (LASSO), encontraron una firma

genética, **GSLA10**, que es capaz de identificar aquellas pacientes con tumores luminales A con peor pronóstico tanto a corto como a largo plazo. Esta firma genética presenta una capacidad pronóstica superior a **Oncotype DX**, firma genética utilizada actualmente en clínica.

La firma **GSLA10** puede ser utilizada como herramienta diagnóstica que permita identificar a pacientes con tumores luminales A de mal pronóstico para administrarles un tratamiento más agresivo y realizar un seguimiento más exhaustivo que evite la recaída y mejore la evolución de la enfermedad.

