



Investigadores de Salamanca y Madrid relacionan el gen SNAI2 con la progresión del cáncer de mama

REDACCIÓN / WORD

SALAMANCA. Un estudio recientemente publicado en la revista *Cancer Research* relaciona el gen SNAI2 con la progresión del cáncer de mama. En un modelo de ratón que genera esta patología, los autores demuestran que «la ausencia de SNAI2 en el estroma tumoral hace que éste se active con más dificultad y cumpla peor su función».

Según aclaró ayer el Centro de Investigación del Cáncer (CIC) a través de la Usal, esto se traduce en «una mayor dificultad del tu-

mor para crecer, con una menor proliferación de las células tumorales». Más aún, si se somete a ese estroma a un estrés funcional, es decir, «se le pide» que aumente todavía más su función, lo que se consigue incrementando la actividad oncogénica de las células tumorales, aun así incluso se observa «un defecto en la metastatización tumoral».

«Ciertamente, a SNAI2 se le había relacionado previamente con la diseminación tumoral cuando está activo en las propias células tumorales, pero en este trabajo se demuestra que la insuficiencia

estromal por la pérdida de SNAI2 también se asocia a un defecto en la diseminación tumoral. Todos estos resultados sugieren que la inhibición de SNAI2 en el estroma podría ser una diana terapéutica de utilidad para el tratamiento del cáncer de mama», según explicó Jesús Pérez Losada, del Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer de Salamanca.

Desde el punto de vista práctico, el estudio demuestra que el aumento de expresión de SNAI2 en el estroma de tumores de las pacientes con cáncer de mama, se asocia a «mal pronóstico» en

un subgrupo de ellas, en las portadoras de tumores luminales B que son a la vez HER2-positivos.

La información del CIC recordó que hay cuatro grandes grupos moleculares de cáncer de mama, según el patrón de genes que expresan: luminales A, luminales B, enriquecidos en HER2 y basales. Esta clasificación de los tumores de mama tiene implicaciones prácticas «muy importantes», porque según el subtipo intrínseco de tumor, tienen a priori «mejor o peor pronóstico» y requieren de un tratamiento «más o menos agresivo». Esta clasificación ha sido esencial para permitir una práctica clínica «más personalizada» en el tratamiento.

Según señaló Sonia Castillo Lluva, de la Universidad Complutense de Madrid, en este estudio se

demuestra que «las pacientes portadoras de tumores de mama que son a la vez luminales B y HER2 positivos se pueden dividir en dos grupos, según el grado de expresión de la proteína SNAI2 en el estroma tumoral». Así, las pacientes portadoras de tumores con niveles altos de SNAI2 en el estroma se asocian a «una peor evolución de la enfermedad». «Ello no quiere decir que la sobreexpresión de SNAI2 en el estroma no esté participando en el crecimiento de otros subtipos de cáncer de mama; pero sí que su sobreexpresión donde más repercusión parecería tener a nivel clínico, hasta el punto de llegar a afectar incluso a la evolución y pronóstico de las pacientes, es en las portadoras de este subtipo tumoral, luminal B y HER2 positivo».