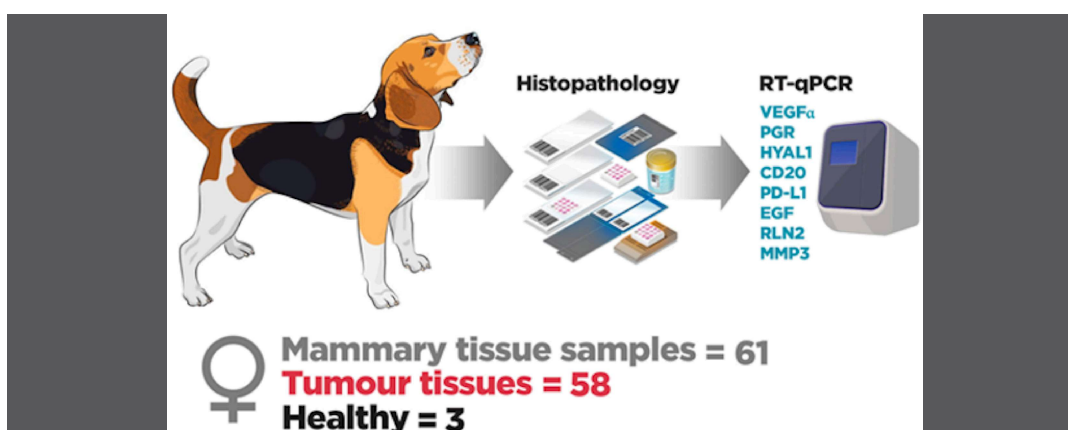


03/04/2024

Identifican biomarcadores clave de tumorigénesis y malignidad en neoplasia mamaria canina



Un estudio realizado por la UAB ha identificado potenciales biomarcadoras de tumorigénesis y malignidad en la neoplasia mamaria canina (NMC). Los investigadores han analizado la expresión génica en muestras de tejido mamario tumoral y sano mediante la técnica molecular qRT-PCR. Estos hallazgos podrían mejorar el diagnóstico precoz y el tratamiento de los caninos afectados.

Este trabajo se realizó en colaboración entre la Facultad de Veterinaria y el Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología, ambos de la Universitat Autònoma de Barcelona, como parte del trabajo de una tesis doctoral presentada recientemente. Los autores buscaron nuevos marcadores moleculares potenciales de malignidad utilizando la expresión génica en neoplasias mamarias caninas (NMC).

El diagnóstico precoz de los tumores, especialmente los malignos, es crucial en las actuales estrategias de terapia del cáncer para mejorar el pronóstico. En la actualidad, el estudio de los patrones de expresión génica ligados al tumor ha cobrado relevancia como herramienta útil en el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de las NMC. Varios biomarcadores (sustancias que indican un estado biológico) han sido ampliamente evaluados en cáncer de mama, pero la investigación en CMN es menos abundante.

Por este motivo, realizamos un estudio piloto para evaluar la expresión génica de hialuronidasa-1 (HYAL-1), CD20, metalopéptidasa de matriz 3 (MMP3), factor de crecimiento endotelial vascular- α (VEGF α), relaxina 2 (RLN2), ligando de muerte programada 1 (PD-L1), factor de crecimiento epidérmico (EGF) y receptor de progesterona (PGR) en CMN para determinar su posible potencial como biomarcadores moleculares de malignidad mediante la técnica molecular qRT-PCR. Se incluyeron 58 CMN parafinados y fijados con formol (FFPE) y se clasificaron histológicamente como benignos (n=37) o malignos (n=31). Además, también se incluyeron muestras mamarias de tres perras sanas.

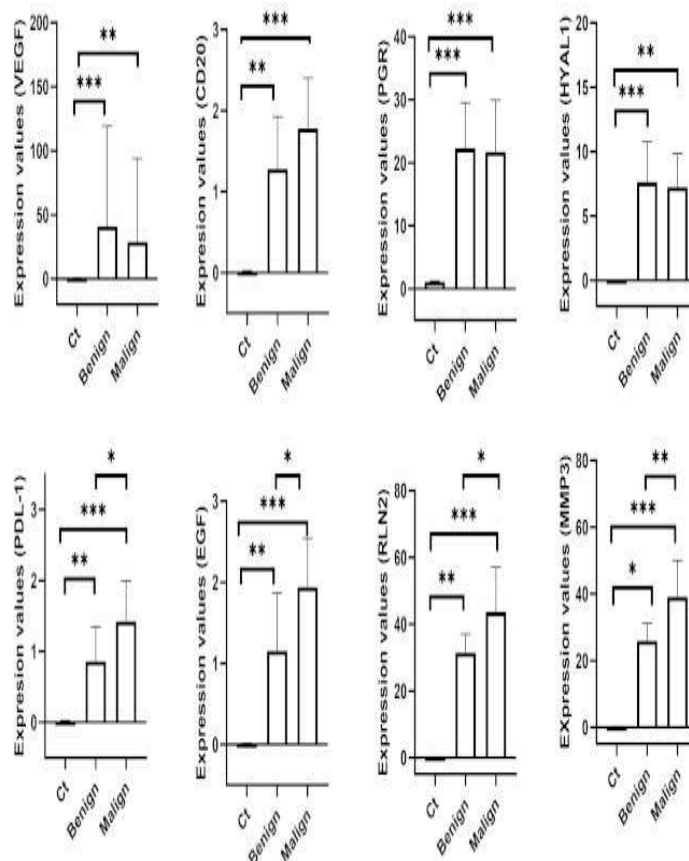


Figura 1: Niveles relativos de ARNm de los genes diana medidos en muestras obtenidas de tejido mamario sano y tumores mamarios. Las barras representan la mediana con el rango intercuartílico. Las diferencias estadísticas entre los grupos están marcadas con asteriscos (* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$).

Todos los genes que evaluamos mostraron una mayor expresión en el tejido mamario neoplásico que en el sano. En otras palabras, estaban sobreexpresados en el tejido mamario neoplásico, lo que sugiere un papel en el proceso de tumorigénesis (Figura 1), la transformación de células normales en células malignas del tumor. Además, PD-L1, EGF, relaxina y MMP3 se sobreexpresaron significativamente en la neoplasia mamaria canina maligna en comparación con la neoplasia mamaria canina benigna, lo que sugiere que pueden ser útiles como biomarcadores de malignidad.

Finalmente, podemos concluir que la sobreexpresión de los genes evaluados está relacionada con el proceso tumorigénico en la neoplasia mamaria canina, mientras que PD-L1, EGF, RLN2, y MMP3, pueden ser también útiles como biomarcadores de malignidad en el propósito CMN.

Mariana Teles

Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología
Universitat Autònoma de Barcelona
mariana.teles@uab.cat

Referencias

Galadima, M.; Teles, M.; Pastor, J.; Hernández-Losa, J.; Rodríguez-Gil, J.E.; Rivera del Alamo, M.M. **Programmed Death-Ligand (PD-L1), Epidermal Growth Factor (EGF), Relaxin, and Matrix Metalloproteinase-3 (MMP3): Potential Biomarkers of Malignancy in Canine Mammary Neoplasia.** *Int. J. Mol. Sci.* 2024, 25, 1170.
<https://doi.org/10.3390/ijms25021170>

[View low-bandwidth version](#)