Epigenética dá novas informações sobre o câncer de mama

Biologia & Ciências

Enviado por:

Postado em:25/05/2011

Pesquisadores descobrem que dois sub-tipos importantes de câncer da mama são fortemente controlados epigeneticamente

A mais completa análise já feita das modificações epigenéticas presentes no câncer de mama revelou informações novas e importantes tanto para a detecção quanto para o tratamento da doença. A epigenética é um termo usado para descrever alterações na molécula de DNA que afetam a forma como seu código é traduzido em proteínas. A metilação é o principal mecanismo epigenético: um grupo metil é transferido para algumas bases de citosina do DNA. O processo é fundamental para "desligar" os genes que provocam alterações na transcrição genética. O que controla nossos genes? Primeiro epigenoma humano está pronto Metilação do DNA Embora os pesquisadores já soubessem que a epigenética é importante no câncer em geral, ainda são escassas as informações sobre o seu papel especificamente para o câncer de mama. "Nosso objetivo foi avaliar as diferenças epigenéticas entre o tecido normal e amostras do tumor primário em escala genômica, à semelhança do que tem sido feito para os padrões de expressão gênica," explicou a Dra. Sarah Dedeurwaerder, da Universidade Livre de Bruxelas, na Bélgica. O grupo realizou um perfil completo da metilação do DNA em dois conjuntos independentes de amostras de tecidos congelados de mama: um conjunto principal de 123 amostras e um conjunto de validação, de 125 amostras. Sub-tipos de câncer de mama A primeira descoberta foi que dois sub-tipos importantes de câncer da mama são fortemente controlados epigeneticamente. "Quando realizamos uma análise de agrupamento das nossas amostras com base em seus perfis de metilação do DNA, os tumores segregaram-se naturalmente em dois grupos distintos," disse a pesquisadora. O primeiro grupo compõe-se principalmente de tumores receptor-negativos de estrogênio, e o segundo grupo de tumores receptor-positivos de estrogênio. "Isso indica que os tumores ER-negativos e ER-positivos têm perfis de metilação muito diferentes," disse ela. Resposta aos medicamentos A análise também revelou novas informações sobre novos sub-tipos de câncer de mama - os perfis de metilação do DNA permitem que os tumores de mama sejam classificados em mais grupos do que é feito hoje. Isto é importante porque, hoje, pacientes classificadas no mesmo sub-grupo respondem de maneira diferente aos medicamentos - agora ficou claro que a classificação até então usada não é suficiente. De posse de uma classificação mais precisa e mais abrangente, os médicos poderão prever melhor a resposta a cada tipo de tratamento. Futuramente, novos tratamentos poderão ser desenvolvidos para cada sub-tipo da doença. Esta notícia foi publicada em 25/05/2011 no sítio diariodasaude.com.br. Todas as informações nela contida são de responsabilidade do autor.