

EDITORIAL

Epigenética y tumores mamarios

Las alteraciones genéticas pueden explicar las causas de varias enfermedades. Sin embargo, la base genética en el origen de las enfermedades complejas y multifactoriales sigue siendo desconocida, y el papel de los mecanismos no genéticos, incluyendo los mecanismos epigenéticos, ha tomado gran importancia.

El término epigenética hace referencia a los cambios en la expresión génica que afectan al fenotipo y que ocurren sin modificaciones en la secuencia del ADN.

Estos mecanismos están fuertemente implicados en diferentes enfermedades, entre ellas el cáncer.

La hipometilación global y la hipermetilación regional parecen ser características distintivas de los tumores, aunque la hipermetilación regional se observa claramente en múltiples regiones genómicas distintas que albergan genes supresores de tumores. Se sabe que la hipometilación global causa inestabilidad genómica, reactivación de elementos transponibles y pérdida de impronta, contribuyendo así al desarrollo del cáncer.

Hoy en día, existe suficiente evidencia que las alteraciones epigenéticas y sus variaciones interindividuales influyen sobre el riesgo de padecer cáncer y pueden emplearse como biomarcadores potenciales.

La investigación en epigenética de tumores mamarios en caninos abarca varios enfoques, como la metilación del ADN, modificaciones de histonas y la regulación mediante microARNs. Se ha estudiado la metilación a nivel específico y global, identificando posibles biomarcadores y relacionándolos con el desarrollo, progresión y recurrencia de los tumores.

Dra. Alicia Decuadro

Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de la República
Uruguay