

COMENTARIO EDITORIAL de:**BIOLOGIA MOLECULAR EN EL CÁNCER DE PRÓSTATA.***Jesús M. Fernández Gómez.**Servicio de Urología. Hospital Universitario Central de Asturias. Universidad de Oviedo. Oviedo. Asturias. España.*

En esta revisión se han examinado brevemente las técnicas de biología molecular con mayor proyección para el futuro de la práctica clínica del cáncer de próstata, según los autores. Efectivamente, ya no se busca un único oncogén o proteína implicados en diferentes fases de la carcinogénesis, sino que se investiga en base a la hipótesis de que se producen múltiples procesos frecuentemente de manera simultánea. La aparición de nuevas técnicas de investigación molecular de alto rendimiento empleando micromatrices tisulares, microdissección láser, hibridación in situ, estudio de hipermetilaciones,..., ha permitido abordar esta multiplicidad en parte, seleccionando los mecanismos claves que pueden bloquear el desarrollo tumoral (1). Uno de los problemas es la heterogeneidad del cáncer de próstata, si bien se citan en el trabajo importantes avances en cuatro aspectos de la investigación molecular de este tumor:

- El perfil (firma) de expresión genética que ha permitido, por ejemplo, la descripción del PCA3-DD3, que parece ser un instrumento eficaz en el diagnóstico de cáncer de próstata junto al PSA.
- El estudio de mutaciones, que pueden servir como marcadores y también como dianas específicas (inactivación del gen KLF6). En este sentido es notable el descubrimiento de fusiones entre genes en el cáncer de próstata, como ocurre entre el gen TMPRSS2 y el ERG (regulado por andrógenos), que se produce con una frecuencia significativamente mayor en el tejido tumoral que en el de HPB o en la próstata normal.
- Los cambios epigenéticos, destacando el estudio de la hipermetilación de algunos genes supresores de tumor, que ha demostrado ser uno de los mecanismos más habitualmente implicados en el desarrollo tumoral y que es frecuente en el cáncer de próstata (GSTP1, Nkx3.1, HPC1...). A pesar de ello, por el momento, son pocos los genes candidatos a poder ser empleados en el diagnóstico y la evaluación del pronóstico en este tumor. Probablemente la búsqueda de hipermetilaciones en varios genes pueda ser efectiva en la predicción de la evolución del cáncer de próstata
- Es interesante la tecnología de los bacteriófagos (virus ADN que infectan bacterias), que el autor explica algo más ampliamente por haber trabajado en ella. Lograron demostrar que la proteína GRP78 puede ser una diana molecular en el cáncer de próstata metastático.

Como se dice en el artículo, la investigación básica aporta una cantidad enorme de conocimiento cuya translación a la práctica frecuentemente es complejo o imposible. No obstante, actualmente es el camino, no solo para entender mejor el desarrollo del cáncer de próstata, sino para identificar futuros marcadores y dianas terapéuticas (2).

El que podamos estar al tanto de estos descubrimientos y de las técnicas modernas de estudio molecular como la proteómica y la bioinformática permitirá a los urólogos su empleo sin complejos, participando tanto en los ensayos clínicos previos a su implantación, como en su adecuada aplicación en la rutina diaria. Por ello, es de agradecer trabajos como el presente, que aborden de una manera comprensible un tema tan árido como la biología molecular del cáncer de próstata en este caso y que deberían ser más habituales en las revistas urológicas.

Jesús M. Fernández Gómez.

BIBLIOGRAFÍA y LECTURAS RECOMENDADAS

1. Gross-Goupil M, Massard C, Fizazi K. Integrating Molecular Oncology into Therapeutic Strategies for Prostate Cancer. *European Urology Supplements*, 2009; 8: 114-119.
2. Bickers B, Aukim-Hastie C. New molecular biomarkers for the prognosis and management of prostate cancer-the post PSA era. *Anticancer Res.* 2009; 29:3289-98.