



"Una manera de hacer Europa"

Identificación del proyecto

Validación clínica y mecanismos de acción de las alteraciones moleculares con valor predictivo de progresión en el cáncer de próstata: algoritmo molecular de la carcinogénesis prostática. (EXPTE. PI15/00452)

Descripción del proyecto

Objetivos.-

1. RAMA CLÍNICA/TRANSLACIONAL.

A) Estudio prospectivo de la validez de moléculas y genes de fusión relevantes en cáncer de próstata, en el diseño de un algoritmo molecular que permita predecir en las biopsias las características de dichos tumores en la prostatectomía radical (grado histológico, uni o multifocalidad, estadio y tiempo de progresión). B). Detección de fusiones múltiples en el suero y la orina de pacientes con cáncer de próstata como prueba diagnóstica y de seguimiento. C) Caracterización de los subgrupos tumorales asociados a inestabilidad de microsatélites. D) Caracterización de las alteraciones de las vías relacionadas con la transición epitelio-mesénquima y células madre tumorales.

2. RAMA BÁSICA/TRANSLACIONAL. A) Caracterización en líneas celulares de los efectos de las alteraciones moleculares genéticas y epigenéticas. B) Colocalización de alteraciones moleculares coexistentes en líneas celulares y tumores y sus implicaciones funcionales en la carcinogénesis prostática. C) Secuenciación masiva de casos de los distintos grupos.

Metodología.-

A) Dos grupos de pacientes, prospectivo y retrospectivo, clasificados: a/ Por grado histológico: 3+3 vs 3+4 vs 4+4 o mayor. b/ Por estadio patológico: pT2 vs pT3-4. c/ Por progresión clínica o bioquímica. d/ Por expresión de Erg (positiva/negativa).

B) Métodos:

- 1/ Reclutamiento prospectivo de pacientes.
2. Determinaciones moleculares en sus tumores y en suero y orina.
3. Recogida de variables clínicas y mapa detallado de prostatectomías radicales.
4. Estudios moleculares (RT-PCR, qRT-PCR, FISH), inmunohistoquímicos, con microscopía confocal, de fluorescencia y electrónica de tumores y líneas celulares.
5. Análisis estadístico y diseño de algoritmo.
6. CHIP sequencing, Next generation sequencing (MiSeq).

Financiación

INSTITUTO DE SALUD CARLOS III

98.615,00

Este proyecto está cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). "Una manera de hacer Europa"