

#122 - ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN DE MICROTUBULE ASSOCIATED SCAFFOLD PROTEIN 1 EN CÁNCER GÁSTRICO

<https://doi.org/10.46613/congastro2024-122>

Paz Scarleth Henríquez Leiva¹, Barbara Belén Castro Godoy¹, Cassiel Margarita Silva García¹, Daniela Valentina López Pérez¹, Paula Florencia Valenzuela Avilés¹, Alejandro Hernán Corvalán Rodríguez², Patricia Alejandra García Muñoz², Alejandra María Loreto Sandoval Borquez¹

¹Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, ²Pontificia Universidad Católica de Chile.

Angiotensin-II type 2 receptor-interacting protein 3a (ATIP3a) es una isoforma del gen supresor de tumores MTUS1 (Microtubule-Associated Scaffold Protein 1). Esta proteína ha demostrado su capacidad para inhibir la migración, invasión y proliferación celular en varios tipos de cáncer, además de participar en el proceso de transición epitelio-mesenquimal (EMT). ATIP3a se asocia con la regulación de factores de EMT como E-Cadherina, SNAI1 (snail family transcriptional repressor 1) y ZEB1 (Zinc finger E-box binding homeobox 1), sugiriendo su potencial como diana terapéutica. En adicción, ATIP3a presenta bajos niveles de expresión en distintos tejidos neoplásicos, lo que se asocia a menor supervivencia. En el caso del cáncer gástrico (CG), uno de los tipos de cáncer más prevalentes y mortales en Chile y el mundo, su papel no ha sido explorado. El objetivo general de este estudio fue evaluar los niveles de expresión de ATIP3a y de transcritos asociados al proceso de EMT en CG. Se utilizaron muestras de ARN de pacientes hispano-amerindios, obtenidas de tejidos tumorales gástricos (TT) y de tejidos adyacentes no tumorales (TA). Estas muestras fueron recolectadas de pacientes sometidos a gastrectomía en el Hospital Sótero del Río entre 2016 y 2017, con el debido consentimiento informado y la confirmación histológica de los diagnósticos. Para el análisis, se evaluaron los niveles de expresión de ATIP3a, SNAI1, E-Cadherina y ZEB1 mediante RT-qPCR. Las muestras fueron sometidas a comparación estadística utilizando las pruebas de Shapiro-Wilk y Mann Whitney, con el software GraphPad Prism 8. El análisis de supervivencia se llevó a cabo dividiendo las muestras en grupos de alta y baja expresión de ATIP3a, generando curvas de Kaplan-Meier para evaluar la relación con la supervivencia. Los hallazgos del estudio indican una disminución significativa en la expresión de ATIP3a en los TT comparado con los TA no tumorales. El análisis de supervivencia sugiere una tendencia hacia una mayor sobrevida en pacientes con niveles más altos de ATIP3a. En cuanto a los niveles de expresión de SNAI1, ZEB1 y E-Cadherina, se observó que ZEB1 estaba significativamente disminuido en las muestras de TT en comparación con las no tumorales, mientras que SNAI1 y E-Cadherina aumentaron en los TT, aunque sin mostrar diferencias significativas. Este estudio sugiere un rol potencial de ATIP3a como biomarcador en CG. La observación de la disminución de ZEB1 en TT, plantea nuevas preguntas sobre su función en este contexto. En conclusión, esta investigación proporciona una base para futuras exploraciones, sugiriendo también que ATIP3a podría ser un objetivo útil para estrategias terapéuticas. Se recomienda realizar estudios adicionales con cohortes más grandes y análisis in vitro para confirmar estos hallazgos y profundizar en las interacciones moleculares implicadas.

Agradecimientos: Proyecto SOCHED 2023-09, Conicyt-FONDAP 15130011/Fondap Apoyo 1523A0008 y Fondecyt 1231773.

