

Fondo Sectorial de Investigación en Salud y Seguridad Social

Clave del Proyecto:

A-S-31603

Convocatoria:

FSSS01-C-2018-2

Demanda:

I.5 Otras Neoplasias

Título:

El melanoma lentiginoso acral en México: Perfil genómico y transcriptómico



El melanoma lentiginoso acral en México

Perfil genómico y transcriptómico

Responsable Técnico:

Carla Daniela Robles Espinoza

Institución:

Universidad Nacional Autónoma de
México

Instituciones Participantes:
(si aplica)

Instituto Nacional de Cancerología
(México), Wellcome Sanger Institute
(Reino Unido)

Entidad Federativa:

Ciudad de México

Monto Autorizado:

\$1,747,221.00

Tiempo de Ejecución:

36 meses

Objetivo:

(Máximo 800 caracteres)

Definir los eventos moleculares, a nivel de genoma y de transcriptoma, que originan y conducen el melanoma acral lentiginoso.

Resumen:

(Máximo 1,200 caracteres)

El melanoma es el tipo más agresivo de cáncer de piel, ya que causa aproximadamente 75% de las muertes por éste. El melanoma lentiginoso acral (MLA) es el subtipo más común de la enfermedad en México, y surge en las palmas de las manos, las plantas de los pies y en zonas subungueales. Asimismo, conlleva una tasa de sobrevida pobre. Al no ser común en países como Estados Unidos, Australia y Reino Unido, este subtipo de melanoma está pobremente estudiado y su etiología es desconocida. El Instituto Nacional de Cancerología (INCan) de México mantiene desde 1980 un registro de todos los casos de MLA atendidos en este Hospital. En esta propuesta, planteamos estudiar 20 tumores frescos de MLA por medio de secuenciación de genoma y transcriptoma completo seguido de un análisis bioinformático profundo para encontrar los eventos moleculares causales y conductores del MLA. Este análisis, realizado en una de las colecciones de tumores de MLA más grandes del mundo, representa una oportunidad única para sentar las bases que permitirán después plantear terapias dirigidas para estos pacientes.

Resultados Esperados:

(Máximo 400 caracteres)

Una lista de los eventos moleculares, a nivel de genoma y de transcriptoma, que originan y conducen el MLA. Hipótesis sobre posibles blancos terapéuticos.

Productos Comprometidos:

(Máximo 400 caracteres)

Una tesis de doctorado, una tesis de maestría, dos artículos científicos.

(Máximo 400 caracteres)

Mecanismo de Divulgación:	Artículos científicos
	(Máximo 400 caracteres)
Sitios WEB o Repositorio:	http://www.ligh.unam.mx/droble/