

Investigadores del Centro de Investigación sobre el Cáncer Fred Hutchinson y de la Universidad de Washington en Seattle, han identificado una variedad de errores genéticos recurrentes comunes en los cánceres de próstata avanzados letales.

Este proyecto de secuenciación de ADN identificó varios casos de "hipermutación" genética, un exceso de errores de ADN de una sola letra que pueden dar a los cánceres resistencia a las terapias comúnmente usadas para ralentizar el avance del cáncer de próstata, como la castración quirúrgica y los fármacos para bloquear los andrógenos. Se identificaron tres tipos agresivos de tumor que presentaban diez veces el número de mutaciones.

El descubrimiento de estas mutaciones genéticas podría ayudar a mejorar la comprensión sobre por qué algunos cánceres de próstata son tan letales, y podría también llevar a mejores pruebas de detección o tratamientos.

Fuente: medico.com 28/09/2011

Para ampliar información pinchar [aquí](#).