

**NOMBRE DEL PROYECTO:** "Secuenciación de nueva generación para la identificación de características moleculares del melanoma cutáneo según la vía etiopatogénica de desarrollo y su relevancia clínica potencial".

**Nº Expediente:** PI15/01860

**Descripción del proyecto**

El melanoma cutáneo es uno de los cánceres más agresivos y resistentes al tratamiento y un ejemplo de enfermedad multifactorial en el que están implicados factores genéticos, ambientales y propios del paciente. Se ha sugerido que existen al menos dos vías etiopatogénicas implicadas en el desarrollo del melanoma, una determinada por las características del paciente y la inestabilidad melanocitaria (vía nevogénica) y otra relacionada con la exposición solar crónica. Sin embargo, los sistemas de clasificación actuales no son capaces de explicar con claridad los diferentes modelos de progresión de la enfermedad avanzada. El objetivo general de este estudio es determinar, mediante técnicas de secuenciación masiva con un panel de genes específico, el perfil de mutaciones de los melanomas y su relación con las vías etiopatogénicas previamente establecidas (nevogenicidad vs. acumulación de daño solar), así como su impacto en el comportamiento biológico del tumor.

Financiación: El Instituto de Salud Carlos III

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

**Importe:** 74.415,00 €

**Resultados:**

El melanoma cutáneo es uno de los cánceres más agresivos y resistentes al tratamiento y un ejemplo de enfermedad multifactorial en el que están implicados factores genéticos, ambientales y del sujeto. El patrón y cantidad de radiación solar requerida para originar un melanoma depende de las características del huésped y de la ubicación anatómica de los melanocitos. Se ha sugerido que existen al menos dos vías etiopatogénicas, una determinada por características del sujeto que expresan la existencia de una inestabilidad melanocitaria (nevogénica) y otra relacionada con la exposición solar crónica (por radiación solar acumulada elevada). Sin embargo, los sistemas de clasificación actuales no son capaces de explicar con claridad los diferentes modelos de progresión de la enfermedad avanzada.

La financiación del Ministerio ha permitido emplear tecnología de secuenciación masiva para implementar un panel de genes involucrados en el desarrollo del melanoma. Con este proyecto hemos llevado a cabo una caracterización a nivel molecular de ambas poblaciones, para identificar qué mutaciones se asocian con cada una y conocer mejor esta enfermedad.



**UNIÓN EUROPEA**  
Fondo Europeo de Desarrollo Regional

*"Una manera de hacer Europa"*

**Fecha comienzo: 01/01/2016**

**Duración: 3 años**

**Investigador principal: Dr. Nagore Enguñidos**