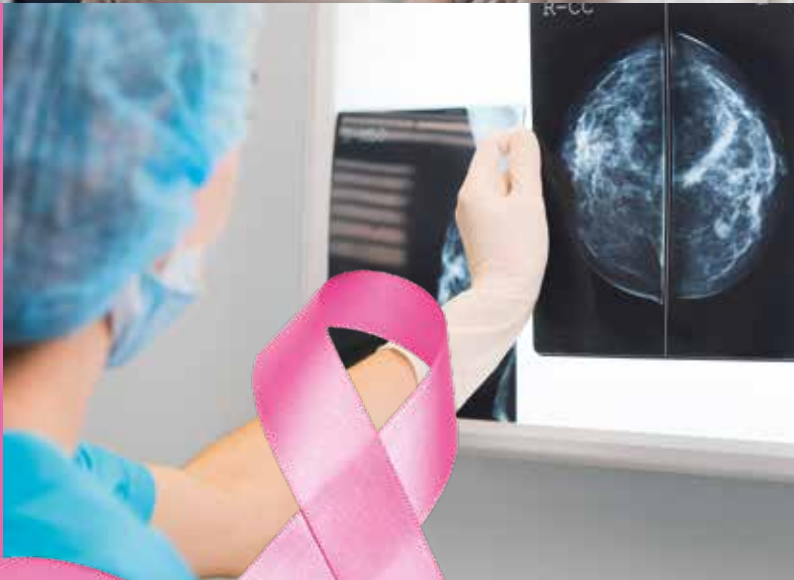




TEST NO
INVASIVO DE
SUSCEPTIBILIDAD AL
**DESARROLLO DE
CÁNCER DE MAMA**



BRECANRISK

ASCIRES

ASCIRES

- GRUPO BIOMÉDICO -

CETIR ERESA SISTEMAS GENÓMICOS

ÍNDICE

1. ¿ QUÉ ES BRECAN RISK [®] ?	2
¿ Cómo se realiza?	3
Ventajas	3
¿Para quién está indicado?	4
2. BASES CIENTÍFICAS	5
Publicaciones más relevantes	6
3. VALIDACIÓN CLÍNICA	7
4. EXPERIENCIA ASCIRES	8

1. ¿QUÉ ES BRECAN RISK®?

BRECAN RISK® es un **test no invasivo de susceptibilidad al desarrollo de cáncer de mama** que permite establecer el riesgo de desarrollar la enfermedad a lo largo de la vida de la mujer, permite estratificar a la población general y seleccionar a las mujeres de alto riesgo a desarrollar un cáncer de mama. Se trata de una **prueba personalizada** única que integra el mayor número de factores de riesgo en base a los descritos en la actualidad.

Los factores analizados son:

1. *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs) modificadores de **riesgo genético**.
2. Historial **familiar**.
3. Resultado de la **Densidad Mamográfica** (DDM)
4. Otros **factores y antecedentes**:
 - A. Biopsia previa de mama
 - B. Edad menarquía
 - C. Edad al primer hijo vivo
 - D. Edad menopausia

¿CÓMO SE REALIZA BRECAN RISK®?

A partir de una simple **extracción de sangre**, un sencillo **cuestionario** y una **mamografía**, los expertos de BRECAN RISK® obtienen información sobre los **datos demográficos y clínicos de la mujer**.

El estudio genético, que se realiza **una única vez en la vida de la mujer**, detecta polimorfismos genéticos, lo que permite la estratificación personalizada de la mujer según su riesgo de padecer cáncer de mama. Esto permite un **seguimiento personalizado y la determinación de pautas médicas según el tipo de riesgo**, beneficiando la **prevención individual y un diagnóstico precoz en el subgrupo de pacientes de mayor riesgo**.

VENTAJAS DE BRECAN RISK®

ANÁLISIS INTEGRAL

Complementa la mamografía clásica e integra los principales factores de riesgo relacionados con la susceptibilidad a cáncer de mama. Estos parámetros permiten obtener un **riesgo cuantificado** que dota al facultativo de un dato objetivo sobre el cual basar un **seguimiento completamente personalizado**.

PRUEBA GENÉTICA ÚNICA

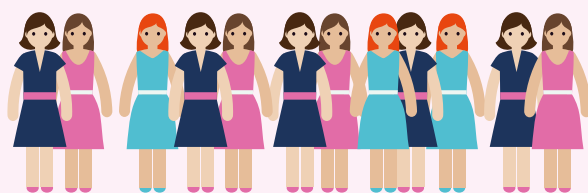
El perfil genético no cambia a lo largo de la vida de la mujer. El resto de factores estudiados varían con la edad y se pueden reanalizar posteriormente a lo largo del seguimiento de la mujer.

PRECISIÓN

Un cribado más preciso beneficia a la **salud de la mujer**: puede ser utilizado en **estratificación de población** y determinar con mayor precisión el **riesgo individual de cada mujer**, seleccionando a las de alto riesgo.

¿PARA QUIÉN ESTÁ INDICADO BRECAN RISK®?

- **Mujeres sanas con riesgo superior en base a antecedentes familiares o clínicos:** casos de agregación familiar de cáncer de mama, familias *BRCAX*, alta densidad mamaria o biopsia sugestivas de cáncer de mama.



MUESTRA SANGRE

MODIFICACIONES
RIESGO GENÉTICO



MAMOGRAFÍA

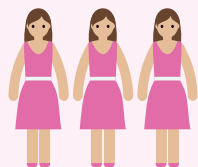
DENSIDAD
MAMOGRÁFICA



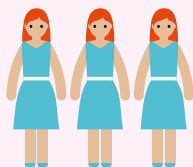
CUESTIONARIO

ANTECEDENTES FAMILIARES
-
DATOS DEMOGRÁFICOS
Y CLÍNICOS

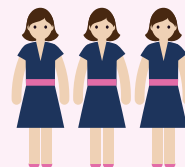
ESTRATIFICACIÓN PERSONALIZADA: **GRUPO DE RIESGO**



RIESGO MÁS ALTO



RIESGO MEDIO



BAJO RIESGO
(por debajo del nivel basal)

SEGUIMIENTO PERSONALIZADO Y PAUTAS MÉDICAS
ESPECÍFICAS SEGÚN EL TIPO DE RIESGO

2. BASES CIENTÍFICAS DE BRECAN RISK®

BRECAN RISK® estratifica a las pacientes en función del perfil genético individual junto a otros factores demográficos y clínicos de riesgo, abordando el significado correspondiente a la integración de cada uno de ellos de una **forma personalizada**.

Asumiendo que el riesgo basal de desarrollar cáncer de mama en población sana se sitúa en torno al 10%, el riesgo a lo largo de la vida (hasta 80 años) para una mujer que presenta una **combinación de SNPs determinada, el riesgo genético puede incrementar en 2 ó 3 veces el riesgo basal o reducirlo hasta la tercera parte.**

BRECAN RISK® se basa en el **genotipado de más de 100 SNPs relacionados con susceptibilidad a padecer cáncer de mama.** Estos polimorfismos están relacionados con la modulación del riesgo tanto en familiares de portadores de mutación en los genes *BRCA* en relación con cáncer de mama familiar, como con el riesgo de cáncer de mama esporádico.

Estos SNPs han sido seleccionados a partir de estudios de asociación GWAS (*Genome-Wide Association*) previos presentados: el proyecto europeo **Estudio Oncológico Colaborativo de Genes-Ambiente (COGS)**, el **Consortio Internacional de Cáncer de Mama (BCAC)** y el **proyecto OncoArray.**

En 2013 se publicaron los resultados del estudio COGS sobre el estudio estadístico de una serie de polimorfismos genéticos relacionados con la susceptibilidad a padecer cáncer de mama, validados en una serie de aproximadamente **50.000 casos de cáncer de mama y 50.000 controles** (Michailidou et al, Nat Genet 2013). Posteriormente a este trabajo, el mismo consorcio (BCAC) ha publicado otros trabajos donde se determina el aumento de polimorfismos asociados a cáncer de mama (Michailidou et al, Nat gen 2015).

El estudio del **proyecto OncoArray** reveló polimorfismos asociados al cáncer de mama tras analizar la información genética de **275.000 mujeres**, 146.000 casos de cáncer de mama y 129.000 controles (Michailidou et al, Nat gen 2017).

Adicionalmente, el BCAC también ha relacionado ciertos **factores no genéticos** con la susceptibilidad a padecer la enfermedad: densidad mamaria, edad de menarquía, edad en los embarazos y edad del primer hijo, entre otros. **Una elevada densidad mamaria incrementa hasta tres veces el riesgo** de desarrollar tumores cancerígenos en mama, como se ha demostrado en numerosas publicaciones (Pollán et al., 2013).

PUBLICACIONES MÁS RELEVANTES

Michailidou K, Hall P, Gonzalez-Neira A, Ghoussaini M, Dennis J, Milne RL, et al., 2013, *Large-scale genotyping identifies 41 new loci associated with breast cancer risk*, Nat Genet, 45:353–61. 61e1-2

Michailidou K, Beesley J, Lindstrom S, Canisius S, Dennis J, Lush MJ, Maranian MJ, Bolla MK, Wang Q, Shah M, Perkins BJ, Czene K, Eriksson M, et al., 2015, *Genome-wide association analysis of more than 120,000 individuals identifies 15 new susceptibility loci for breast cancer*, Nat Genet, 47: 373-80. doi: 10.1038/ng.3242.

Michailidou et al., 2017. *Association analysis identifies 65 new breast cancer risk loci*, Nature 2; 551(7678):92-94

Pollán et al., Cancer Res 2013, *Breast Mammographic density and risk of breast cancer according to tumor characteristics and mode of detection: a Spanish population-based case-control study* Cancer Research, 15:R9 <http://breast.cancerresearch.com/content/15/1/R9>

3. VALIDACIÓN CLÍNICA

BRECAN RISK[®]

COLABORACIÓN CON DIVERSOS GRUPOS

- **HOSPITAL CLÍNICO DE VALENCIA, SERVICIO DE GINECOLOGÍA**
- **HOSPITAL CLÍNICO DE VALENCIA, SERVICIO DE ONCOLOGÍA**
- **CENTRO NACIONAL DE INVESTIGACIONES ONCOLÓGICAS (CNIO):** Programa de Genética del Cáncer Humano.
- **CENTRO NACIONAL DE GENOTIPADO (CEGEN-Madrid).**
- **DIRECCIÓN DEL PLAN DE CÁNCER** de la Comunidad Valenciana.
- **UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA:** Instituto Universitario de Matemática Pura y Aplicada.

DISEÑO DE LA VALIDACIÓN

Ensayo observacional, no registrable como ensayo clínico.

- **DOS COHORTES** de casos y controles.
- **PROSPECTIVO Y RETROSPECTIVO**
- **SEGUIMIENTO CLÍNICO** de los controles y casos retrospectivos de 3 a 7 años.

VOLUMEN MUESTRAL

- **MUESTRAS CNIO** para validación genética de los SNPs seleccionados: 1.000 mujeres control sanas y 1.000 mujeres con cáncer.
- **SEGUNDA VALIDACIÓN GENÉTICO-CLÍNICA**
 - **CASOS SERVICIO ONCOLOGÍA HOSPITAL CLÍNICO:**
143 casos prospectivos y 332 casos retrospectivos.
 - **CASOS SERVICIO GINECOLOGÍA HOSPITAL CLÍNICO:**
329 controles prospectivos y 211 controles retrospectivos.



4. EXPERIENCIA

GRUPO BIOMÉDICO

ASCIRE

ASCIRE Grupo Biomédico acumula más de **40 años de trayectoria** y, a diario, profesionales cualificados trabajan para la optimización del diagnóstico de precisión mediante la especialización y combinación de dos ámbitos de vanguardia: **Diagnóstico por Imagen y Diagnóstico Genético**. Un potente tándem integrado por **CETIR, ERESA y Sistemas Genómicos** para el diagnóstico de precisión y la búsqueda de **tratamientos más eficaces y personalizados**.

IMAGEN Y GENÓMICA PARA EL DIAGNÓSTICO Y TRATAMIENTO DE LAS PATOLOGÍAS MAMARIAS

ASCIRE
- GRUPO BIOMÉDICO -

CETIR ERESA SISTEMAS GENÓMICOS

NUESTROS PROYECTOS RELACIONADOS

BRECAN RISK II. Ampliación y optimización de BrecaRisk.

Financiación privada (2018-2019). El objetivo global del estudio es la validación clínica del sistema de prevención y screening para la estratificación y selección de pacientes de alto riesgo a padecer cáncer de mama con el fin de realizar un seguimiento dirigido mediante la determinación de marcadores circulantes de detección precoz.

BRECAN RISK I. Nuevo sistema de estratificación de riesgo y detección precoz basados en marcadores moleculares en cáncer de mama.

Convocatoria IVACE pyme en colaboración con INCLIVA y fondos FEDER (2017-2018). El objetivo global del estudio es la validación clínica de un nuevo sistema de prevención y screening para la estratificación y selección de pacientes de alto riesgo a padecer cáncer de mama con el fin de realizar un seguimiento dirigido mediante la determinación de marcadores circulantes de detección precoz con el fin de realizar un seguimiento individualizado.

LIFE. Desafío integral al cáncer de mama.

Convocatoria Innpronta, expediente IPT-20111027 (2011-2014). LIFE es un proyecto de investigación que aborda la problemática del cáncer de mama, un reto tecnológico y sanitario de primera magnitud. Sistemas genómicos trabaja en la identificación de marcadores de diagnóstico precoz mediante miRNAs circulantes y por otro lado en variantes de respuesta a tratamiento en pacientes con tumores triples negativos. Durante esta anualidad, y última de proyecto, Sistemas genómicos ha validado la firma de miRNAs que indica presencia o ausencia de tumor en 200 pacientes con tumores de mama y 200 controles.

IMAGENOMICS. Smart Diagnostic Imaging and Genomic platform.

(2014-2015) Convocatoria AEESD, Expediente TSI-100104-2014-177. Proyecto colaborativo entre Bilbomática, Eresa y Sistemas Genómicos. IMAGENOMICS consiste en el desarrollo de una plataforma de ayuda al diagnóstico mediante información genética empleando procesamiento de datos en el entorno Cloud Computing. La plataforma abastecerá una base de conocimiento de alteraciones genómicas y un repositorio de datos clínico-genómicos de paciente, facilitando la interoperabilidad entre sistemas diversos y adoptando estándares de salud. Se ha diseñado y desarrollado la modelización que permitirá almacenar y gestionar con éxito grandes repositorios de datos biomédicos.

DESIREE. Decision Support and Information Management System for Breast Cancer.

Programa Horizon2020. PHC-30-2015 subcall of H2020-PHC-2015-single-stage (2016-2019).
Proposal number: 690238.

Este Proyecto tiene como objetivo principal el abordaje de las dificultades que se dan en el día a día en las unidades de cáncer de mama, incluyendo la complejidad de la enfermedad que dificulta en la gran mayoría de casos la toma de decisiones y el elevado número de pacientes y datos disponibles en esta era digital. Este abordaje se plantea a través de un ecosistema software basado en la web para ofrecer una gestión personalizada, colaborativa y multidisciplinar del cáncer de mama. Se creará un modelo digital con herramientas analíticas visuales que incorporará variables relevantes para la toma de decisiones así como novedosas fuentes de información y biomarcadores de diagnóstico y pronóstico para la caracterización del tumor proveyendo una vista holística de cada paciente.



ARTÍCULOS DESTACADOS

ALMOST 2% OF SPANISH BREAST CANCER FAMILIES ARE ASSOCIATED TO GERMLINE PATHOGENIC MUTATIONS IN THE ATM GENE.

Tavera-Tapia A, Pérez-Cabornero L, Macías JA, Ceballos MI, Roncador G, de la Hoya M, Barroso A, Felipe-Ponce V, Serrano-Blanch R, Hinojo C, Miramar-Gallart MD, Urioste M, Caldés T, Santillan-Garzón S, Benítez J, Osorio A.

Breast Cancer Res Treat. 2017 / Feb: 161(3): 597-604.

FREQUENCY OF GERMLINE DNA GENETIC FINDINGS IN AN UNSELECTED PROSPECTIVE COHORT OF TRIPLE-NEGATIVE BREAST CANCER PATIENTS PARTICIPATING IN A PLATINUM-BASED NEOADJUVANT CHEMOTHERAPY TRIAL.

González-Rivera M, Lobo M, López-Tarruella S, Jerez Y, del Monte-Millán M, Massarrah T, Ramos-Medina R, Ocaña I, Picornell A, Garzón SS, Pérez-Cabornero L, García-Saenz JA, Gómez H, Moreno F, Márquez-Rodas I, Fuentes H, Martín M.

Breast Cancer Res Treat / 2016 Apr: 156 (3): 507-515.

MICRORNA DEREGLATION IN TRIPLE NEGATIVE BREAST CANCER REVEALS A ROLE OF MIR-498 IN REGULATING BRCA1 EXPRESSION.

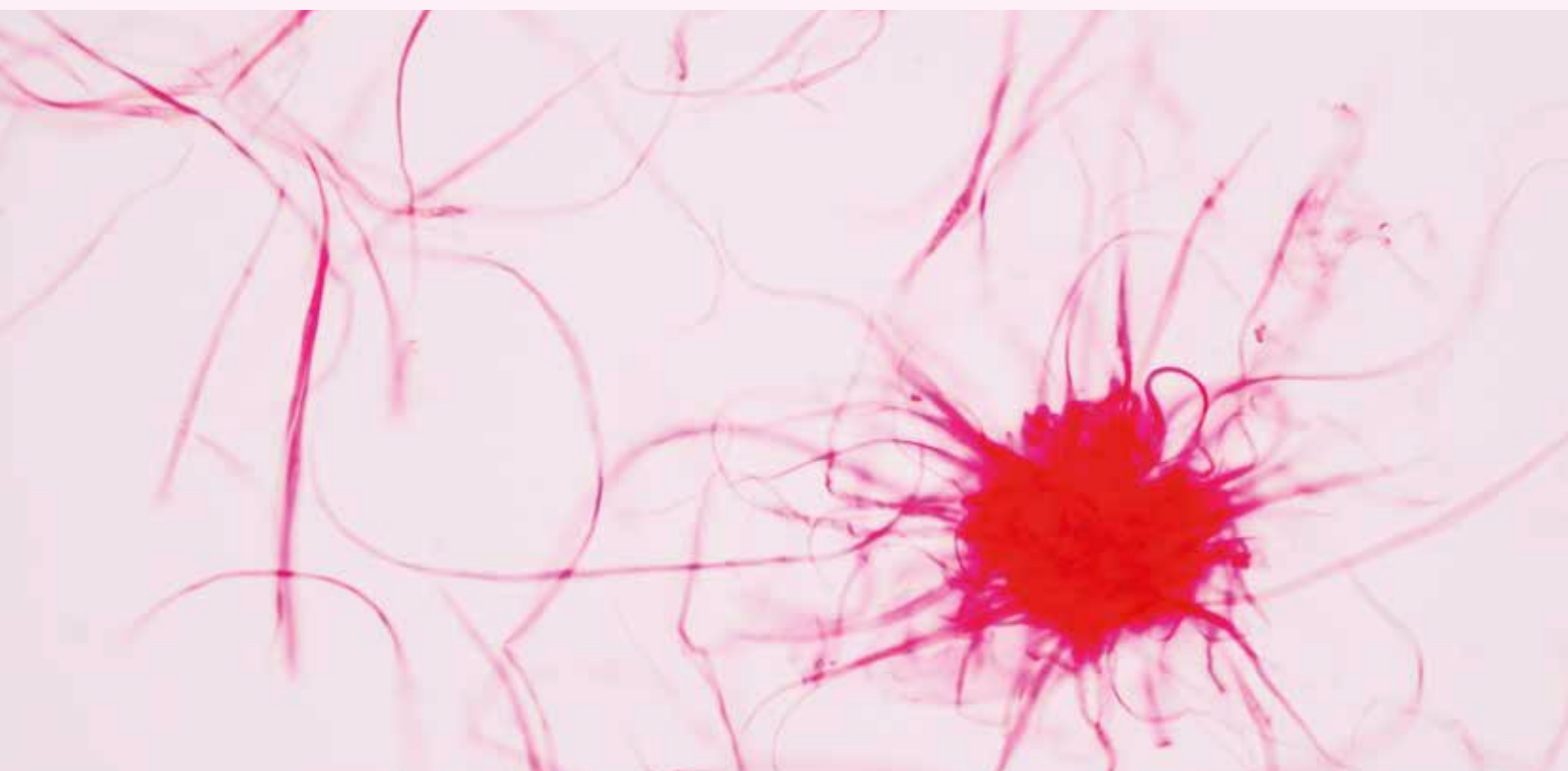
Matamala N, Vargas MT, González-Cámpora R, Arias JI, Menéndez P, Andrés-León E, Yanowsky K, Llana-Folgueras A, Miñambres R, Martínez-Delgado B, Benítez J.

Oncotarget. 2016 / Feb: 7(15): 20068-20079.

TUMOR MICRORNA EXPRESSION PROFILING IDENTIFIES CIRCULATING MICRORNAs FOR EARLIER BREAST CANCER DETECTION.

Matamala N, Vargas MT, González-Cámpora R, Miñambres R, Arias JI, Menéndez P, Andrés-León E, Gómez-López G, Yanowsky K, Calvete-Candenas J, Inglada-Pérez L, Martínez-Delgado B, Benítez J.

Clin Chem. 2015 / June: 61(8): 1098-1106.





Desarrollado en colaboración con:
CNIO Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas
CEGEN Centro Nacional de Genotipado
HCUV Hospital Clínico Universitario de Valencia
UPV Universitat Politècnica de València

Prueba patentada y protegida
Internacionalmente

Proyecto financiado por convocatoria
IVACE pyme en colaboración con INCLIVA.
Plazo Enero 2017 - Diciembre 2017



INSTITUTO VALENCIANO DE
COMPETITIVIDAD EMPRESARIAL



UNIÓ EUROPEA
Fons Europeu de
Desenvolupament Regional

www.brecanrisk.com



Madrid
Paseo de la Castellana, 60
28046 · Madrid
Tel. (+34) 915 612 625
www.ascires.com



Barcelona
C/ Londres, 6
08029 · Barcelona
Tel. (+34) 935 035 400
www.cetir.com



Valencia
C/ Colón, 1
46004 · Valencia
Tel. (+34) 963 404 077
www.eres.com



Paterna
Parque Tecnológico Valencia
R. G. Marconi, 6
46980 · Paterna
info@sistemasgenomicos.com
Tel. (+34) 961 366 150
www.sistemasgenomicos.com