



Tabla de contenido

Actualizaciones: Riesgo de cáncer y genética.....	2
Actualizaciones clínicas y de investigación.....	3
Pregunta al experto.....	3
Foco comunitario, investigaciones, y recursos.....	4

Sobre ICARE

ICARE continúa creciendo rápidamente, acercando más de 8.500 participantes, incluyendo casi 2.000 personas con mutaciones *BRCA1/2* y más de 2.000 personas con otras mutaciones heredadas de gen. Participantes de ICARE representan 50 estados de los E.E.U.U., el Distrito de Columbia, las Islas Vírgenes y otros 26 países mundialmente. Si ha sido afectado por cáncer hereditario o es proveedor que atiende a pacientes afectados por cáncer hereditario, visite InheritedCancer.net para aprender más sobre ICARE y cómo la participación puede beneficiarse.

Mensaje de bienvenida

Estamos emocionados compartir unas actualizaciones relacionadas al cáncer hereditario. Notablemente, se han producido actualizaciones importantes en dos guías de práctica clínica enfocadas en el cáncer hereditario, elaboradas por la Red Comprehensiva Nacional de Cáncer, tal como se detalla a continuación. Asimismo, hemos seguido publicando los resultados de nuestra labor – gracias nuestros participantes de ICARE, incluyendo algunos resultados de Nuestro ensayo clínico sobre la comunicación de los resultados de pruebas genéticas,¹ así como de nuestro estudio que evalúa la genómica tumoral en mujeres con cáncer hereditario asociado con mutaciones en los genes *BRCA1*, *BRCA2*, *PALB2*, *ATM*, y *CHEK2*.² Esperamos que la información de este boletín les resulte interesante y útil. Solo Podemos contribuir a poner fin al ciclo de cáncer hereditario a través de la educación, la investigación, y la involucración gracias a su continuo interés en colaborar con nuestras iniciativas.

Con nuestra sincera gratitud,

Tuya Pal, MD, FACMG en nombre del equipo de ICARE

¹ Cragun, et al. *Genet Med*. 2026;28(10):102694. PMID: 42626853. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/42626853/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post91826/>; ² Yadav, et al. *J Natl Cancer Inst*. 2026;118(8):1416-1424. PMID: 41832987. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/41832987/>; Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post032526/>

Actualizaciones de las pautas de la Red Nacional Comprehensiva de Cáncer

Asesoramiento genética/familiar de alto riesgo: mama, ovario, pancreático, y próstata (versión 1.2027)

Publicado 31 de agosto, 2026: https://www.nccn.org/professionals/physician_gls/pdf/genetics_bopp.pdf

TABLAS DE GÉN EXPANDIDAS

- Nueva tabla resume para mostrar dónde encontrar su gen específica (**GEN-A**)
- Cada gen tiene su propia página (**GEN-A (1-19)**)

LAS PRUEBAS GENÉTICAS

- Las pruebas podrían ser adecuadas para algunas personas con un familiar cercana que cumple con los criterios para realizárselas pero que no se ha sometido a pruebas genéticas. Esto ayuda a ampliar el acceso a las pruebas para las familias que buscan respuestas (**CRIT-2 y 6**), al tiempo que se reconoce que analizar al familiar afectado es lo que aporta más información (**CRIT-2, 4, 6A, 7, y 8**)

SECCIÓN DE PRINCIPIOS

- Si se ha sometido a un trasplante alogénico de médula ósea o de células madre, las pruebas genéticas realizadas en sangre o saliva podrían no reflejar con exactitud su propio ADN heredado porque las células del donante pueden alterar los resultados (**EVAL-A (2 de 11)**)
- Las investigaciones son prometedoras, pero los expertos recomiendan actualmente actuar con cautela y no respaldan el uso exclusivo de las puntuaciones de riesgo poligénico (PRS, por sus siglas en inglés) para guiar el manejo médico fuera del ámbito de los ensayos clínicos (**EVAL-A (3 de 11)**)
- Las pruebas genéticas de venta directa al consumidor que se realizan en casa pueden ofrecer información interesante sobre su ascendencia y salud, pero no están diseñadas para sustituir a las pruebas genéticas médicas. Los resultados pueden ser incompletos o inexactos, por eso los hallazgos deben ser confirmados por un laboratorio clínico antes de tomar decisiones relacionadas con la atención médica (**EVAL-A (4 de 11)**)
- Se ha añadido una sección sobre variantes patogénicas o probablemente patogénicas a riesgos atípicos, con el fin de resaltar la importancia de ir más allá del gen y tener en cuenta tanto la variante específica y el historial familiar al evaluar el riesgo y analizar las opciones de detección y prevención del cáncer (**EVAL-A (6 de 11)**)
- En el caso de resultados negativos, se ha añadido "elegibilidad para terapias emergentes" como criterio para realizar pruebas actualizadas (**EVAL-A (8 de 11)**). Incluso si pruebas genéticas anteriores arrojaron resultados negativos, los avances en el tratamiento de cáncer pueden generar nuevos motivos para reconsiderar la realización de las pruebas. Las pruebas genéticas actualizadas pueden ayudar a determinar si una persona podría beneficiarse de terapias dirigidas más recientes, como los inhibidores de PARP.

MANEJO

- Se añadieron principios para el manejo del riesgo de cáncer de mama (**GEN-B (1-2)**) y de ovario (**GEN-C (1-2)**)
- Actualización sobre el manejo de *BRCA1/2* para indicar que existen datos limitados que sugieren un beneficio del uso de tamoxifeno, particularmente para portadoras de *BRCA2* (**BRCA-A (1 de 5)**)
- Actualización de las recomendaciones de cribado de cáncer para reflejar que unos antecedentes familiares importantes pueden ser suficientes para que algunas personas cumplan los requisitos para someterse a pruebas de detección, incluso si no se ha identificado ninguna mutación genética hereditaria. También se han añadido nuevos criterios para iniciar el cribado entre los 50 y 55 años, o antes, basado en el diagnóstico más temprano en la familia (**PANC-A (2 de 2)**)
- La resonancia magnética de cuerpo entero es una herramienta de cribado importante para pacientes con el síndrome Li-Fraumeni, pero actualmente no existe un método estandarizado único para su realización. Dependiendo del protocolo de imagen utilizado, es posible que algunas zonas del cuerpo no queden totalmente incluidas en el estudio (**LIFR-A (4A de 6)**)

Actualización de las pautas de la Red nacional comprensiva de cáncer (NCCN)

Asesoramiento genética/familiar de riesgo alto: Colorrectal, de endometrio, de esófago, y gástrico (versión 1.2026)

Publicado el 16 de junio, 2026: https://www.nccn.org/professionals/physician_gls/pdf/genetics_eeeg.pdf

- Se añadió el cáncer de esófago al título de esta guía y se incorporó una sección sobre el cáncer de esófago hereditario (**HESOPH-1 y 2**)
- Uno de los cambios más importantes fue la recomendación de realizar pruebas para todos los casos de cáncer colorrectal, de endometrio y gástrico.
- Se recomendó el cribado tumoral para detector deficiencia de MMR en los siguientes tipos de cáncer: neoplasias sebáceas y cáncer de intestino delgado, vías biliares, cerebro, vejiga/urotelial y corteza suprarrenal.
- El panel estableció un conjunto mínimo específico de genes que deben analizarse para el cáncer colorrectal, de endometrio y gástrico:

GENES DE CÁNCER COLORRECTAL

(incluidos genes que predisponen a los pólipos)

- **Recomendados:** APC (poliposis adenomatosa familiar), genes de poliposis juvenil (*BMPR1A* y *SMAD4*), genes del síndrome Lynch (*MLH1*, *MSH2*, *EPCAM*, *MSH6*, *PMS2*), bialélicos *MUTYH*, *PTEN* (Cowden), *STK11* (Peutz-Jeghers), y *TP53* (Li-Fraumeni).
- **A considerar:** *AXIN2*, *GREM1*, *POLE*, *POLD1*, y mutaciones bialélicas en *MSH3*, *MLH3*, *MBD4*, y *NTHL1*.
- Genes adicionales que a veces se incluyen: *ATM*, *BLM*, *CHEK2*, *GALNT12*, *RNF43*, y *RPS20*.
- La selección de la prueba y la decisión de repetirla – incluyendo genes adicionales más allá de estos conjuntos mínimos – deben basarse en consideraciones tales como: edad de presentación, tipo de pólipos, antecedentes personales y familiares de cáncer, y las preferencias del paciente y del profesional sanitario.

GENES DE CÁNCER ENDOMETRIO (ÚTERO)

- **Recomendados:** *BRCA1/2*, *PTEN*, y genes del síndrome Lynch (*MLH1*, *MSH2*, *EPCAM*, *MSH6*, *PMS2*).
- **A considerar:** *POLD1* y *POLE*.

GENES DE CÁNCER GÁSTRICO

- **Recomendados:** APC (incluido el promotor 1B), *ATM*, genes de poliposis juvenil (*BMPR1A* y *SMAD4*), *BRCA1/2*, *PALB2*, genes de cáncer gástrico hereditario (*CDH1* y *CTNNA1*), genes del síndrome Lynch (*MLH1*, *MSH2*, *EPCAM*, *MSH6*), *STK11* (Peutz-Jeghers), y *TP53* (Li-Fraumeni).

Consulte las guías completas de la NCCN creando una cuenta GRATUITA EN [nccn.org](https://www.nccn.org)

Para obtener instrucciones adicionales sobre cómo acceder y navegar por las guías de NCCN, escanee el siguiente código QR:



Puntos al considerar de la ACMG: Variantes de significado incierto

Un nuevo artículo de la ACMG sobre puntos a considerar ofrece orientación a los médicos y a los laboratorios de pruebas genéticas respecto a la notificación de variantes de significado incierto (VUS) para equilibrar mejor los posibles beneficios y riesgos de comunicar y daños de comunicar dichos variantes, sugerir pautas para el seguimiento de los informes de pruebas genéticas, y considerar la adopción de subclases de VUS, así como la actualización de los informes cuando cambie la clasificación de las variantes. Se destacó que no todos los resultados de VUS son iguales; por ello, se propuso un sistema de subcategorización que incluye: VUS-bajo (menor preocupación), VUS-medio (incertidumbre), y VUS-alto (mayor preocupación). También se sugirió notificar los resultados de VUS en pruebas genéticas realizadas a pacientes sintomáticos cuando dichos resultados se relacionan a la condición del paciente. Por otro lado, se recomendó no notificar una VUS en pruebas poblacionales o de cribado para evaluar el riesgo de enfermedad. Este aspecto es relevante dado que más de 90% de los médicos, asesores genéticos, directores de laboratorio y pacientes encuestados coinciden en que una notificación más clara facilita una mejor atención de seguimiento. Estas directrices ayudan a los laboratorios a priorizar aquellas variantes con mayor probabilidad de explicar los síntomas del paciente y a reducir el seguimiento y reducir el seguimiento innecesario de hallazgos poco probables. Anticipamos que próximamente se publique una norma actualizada para la clasificación de variantes de secuencia (SVC v4.0), para estandarizar este enfoque en todos los laboratorios de pruebas genéticas. Estas recomendaciones priorizan a los pacientes – asegurando que los resultados sean claros, accionables, y personalizados a los casos individuales.

Mighton, et al. *Genet Med*. 2026;102583. PMID: 42287277. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/42287277/>.
Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post070726/>

Informe AACR sobre las disparidades en el cáncer

¡El informe de progreso de disparidades de cáncer de AACR se publicó en junio de 2026! Este nuevo informe destaca la necesidad de promover las políticas que amplíen el acceso a las pruebas genéticas, que es importante en lograr la equidad en salud (consulte las páginas 202 y 207 del informe para más detalles). En particular, se revisaron el Proyecto de ley HR.4752/S.2760: Ley para la reducción de cánceres hereditarios y explicó la importancia de esta propuesta legislativa. El objetivo de este proyecto de ley (que cuenta con apoyo bipartidista) es ampliar la cobertura de Medicare para el asesoramiento y las pruebas genéticas, así como para las pruebas de detección para aquellos sin cáncer, pero con antecedentes familiares o mutaciones hereditarias conocidas.

Es importante reconocer que Medicare cubre las pruebas genéticas solo DESPUÉS de un diagnóstico de cáncer, que impide que millones de estadounidenses actúen frente al riesgo de cáncer hereditario hasta que ya es demasiado tarde (y ya han desarrollado la enfermedad). Este proyecto de ley solucionaría dicha brecha de cobertura para los pacientes de Medicare, permitiendo que las personas sin cáncer reciban cobertura para lo siguiente:

- Pruebas genéticas para personas elegibles (debido a antecedentes familiares de cáncer o una mutación conocida en la familia)
- Pruebas de detección o medidas de prevención contra el cáncer (para aquellas con mutaciones de gen de cáncer hereditario)

Lea el informe en: https://cancerprogressreport.aacr.org/wp-content/uploads/sites/2/2026/06/AACR_CDPR_2026.pdf

Más casos de melanoma se deben a mutaciones heredadas de lo que se pensaba anteriormente

Nuevas investigaciones muestran que los melanomas heredados son más frecuentes de lo que se creía. Específicamente, en un estudio de casi 700.000 personas, aproximadamente 1 en cada 100 a 200 presentaba una mutación en un gen de riesgo de melanoma. Muchas de las mutaciones detectadas se localizaron en el gen *MITF* (variante E318K), y la prevalencia general de mutaciones genéticas superó el 2,5%. Estos hallazgos sugieren que un mayor número de personas podría beneficiarse de las pruebas genéticas y de los exámenes de detección de cáncer de piel. Si considera que podría estar en Riesgo, consulte su profesional de salud.

Goldstein, et al. *JAMA Dermatol.* 2026;e261305. PMID: 42201696. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/42201696/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post92926/>

Supervivientes de cáncer de ovario

Un estudio nuevo muestra que las mujeres con cáncer de ovario seroso de alto grado que permanecen libres de cáncer durante 7 años o más tienen el mismo riesgo de mortalidad que la población de los E.E.U.U. Cabe destacar que una mayoría de las mujeres en este estudio tenían el cáncer de ovario en etapa 3. Aquellas con tumores ováricos con deficiencia homóloga de reparación (DHR) (una característica presente en las portadoras *BRCA1/2*) tenían una supervivencia que aquellas sin DHR, tanto a los 5 como a los 10 años tras el diagnóstico:

- Supervivencia libre de eventos a los 5 años (24,3% frente a 14,7%) y 10 años (15,5% frente a 8,9%)
- Supervivencia general a los 5 años (54,6% vs. 34,9%) y a los 10 años (28,4% frente a 16,8%)

Esto significa que una vez que una superviviente de cáncer de ovario alcanza el umbral de los 7 años sin cáncer, sus tasas de mortalidad son semejantes a las de la población general de los E.E.U.U.

De Vitis, et al. *JCO Oncol Adv.* 2026;3(1):e2500142. PMID: 41918500. Artículo: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/Articulos/PMC13035374/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post50526/>

Comunicación de resultados y seguimiento con la familia

Nos complace compartir nuestra publicación más reciente, que incluyó participantes de ICARE. Nuestros resultados mostraron que GeneSHARE, una intervención de comunicación familiar en línea, aumentó significativamente la difusión de los resultados de las pruebas genéticas de cáncer con parientes en situación de riesgo, resaltando la importancia de proporcionar herramientas prácticas y recursos oportunos para facilitar la comunicación familiar tras la realización de las pruebas.

Cragun, et al. *GenetMed.* 2026;28(10):102694. PMID: 42626853. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/42626853/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post91826/>

BRCA1: Terapia de reemplazo hormonal tras la extirpación de los ovarios

Un nuevo estudio muestra que la terapia de reemplazo hormonal (TRH) después de la extirpación de los ovarios puede REDUCIR el riesgo de cáncer de mama en mujeres sin cáncer que son portadoras de la mutación genética *BRCA1*.

Este estudio mostró que las mujeres que utilizaron TRH presentaron una incidencia mucho menor de cáncer de mama en comparación con aquellas que no utilizaron la TRH (11% frente a 19%). Cuanto más tiempo que las mujeres utilizaron la TRH con estrógenos solos, mayor que la protección; cada año adicional de uso redujo el riesgo por aproximadamente 10%. Esto es otro estudio que demuestra que la TRH parece segura para las portadoras de la mutación *BRCA1* después de extirpar los ovarios (es decir, la menopausia quirúrgica). Sabemos que los estrógenos son importantes para la salud ósea, cardiovascular, etc., en mujeres premenopáusicas. Si tiene una mutación *BRCA1* o *BRCA2*, consulte a su médico sobre las opciones más adecuadas para su caso.

Regev-Sadeh, et al. *JAMA Netw Open.* 2026;9(4):e265648. PMID: 41949865. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/41949865/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post60226/>

Ensayo de NHS Galleri: Prueba de sangre para detección de cáncer

Un nuevo estudio (el ensayo NHS-Galleri) evaluó si un sencillo análisis de sangre podía detectar los cánceres en una etapa temprana. En resumen: el estudio no logró reducir la incidencia de cánceres en estadios 3 y 4 cánceres (en conjunto), por lo que esta prueba aún no está lista para su implementación generalizada. Un aspecto positivo, aunque limitado, es que al analizar únicamente los cánceres en estadio 4 se observó una reducción del 14%, lo cual podría ser prometedor.

Sabemos que la clave de las pruebas de detección eficaces radica en identificar el cáncer en etapa temprana en lugar de una avanzada. Básicamente, este estudio indica que es necesario seguir investigando antes de que los análisis de sangre se conviertan en una prueba de detección rutinaria.

Kuznar, W. (n.d.). Multicancer early detection test fails to reduce cancers detected at late stages: However, an increase in the detection of stage I/II cancers was observed. *MedPage Today*. Historia completa: <https://www.medpagetoday.com/meetingcoverage/asco/121498>. Más información sobre el ensayo NHS-Galleri: <https://clinicaltrials.gov/study/NCT05611632>

Pregunta al experto

La siguiente pregunta fue respondida por la Dra. Sheila Rajagopal, MD, MSc, MPH, oncóloga médica certificada y bioinformática, quien recientemente se incorporó al Centro Médico de la Universidad de Vanderbilt.

P: En personas con cánceres hereditarios, ¿por qué podría ser importante realizar pruebas genéticas en el tumor para orientar el tratamiento?

R: Es posible que oiga hablar de dos tipos de "pruebas genéticas" – (1) pruebas para detectar el riesgo de cáncer hereditario, que utilizan saliva, sangre, o piel, para identificar cambios genéticos con los que usted nació, y (2) las pruebas en tejido tumoral, que buscan cambios posibles que surgen sólo en el cáncer y no en el resto del cuerpo. Dependiendo del tipo de cáncer y la etapa, puede realizarse una o ambas pruebas; por ello, es importante saber qué tipo de prueba genética se ha sometido.

Las pruebas para el riesgo de cáncer hereditario pueden ayudar a guiar las opciones del tratamiento. Por ejemplo, pacientes con una alteración conocida en los genes *BRCA1/2* pueden estar al tanto de la terapia con inhibidores de PARP o haberla recibido. Las pruebas en tejido tumoral son diferentes. Por un lado, suelen analizar cientos de genes adicionales que pueden presentar alteraciones solo en el cáncer, pero no en el resto del cuerpo. Por otro lado, Podemos buscar (1) cambios generales en todo el tumor, como la carga mutacional tumoral, (2) en las secuencias génicas propiamente dichas (cambios en el ADN), o (3) en cómo los genes se expresan (análisis de expresión génica o ARN). Cuando están clínicamente indicadas (es decir, cuando los resultados de las investigaciones han demostrado beneficios para pacientes), las pruebas tumorales pueden proporcionar información importante para guiar las opciones del tratamiento dirigidas a eliminar las células cancerosas.



Sheila Rajagopal,
MD, MSc, MPH



A mi madre le diagnosticaron con cáncer de mama a los 48 años y dio negativo en las pruebas de *BRCA1/2*, que eran los únicos genes que se analizaban en aquel entonces. Doce años después, se sometió a un análisis de panel ampliado. Poco antes de que se murió, aprendió que era portadora de una mutación *ATM* (c.7271T>G), la cual conlleva un riesgo de cáncer de mama mayor que el asociado a las mutaciones típicas de *ATM*. Cuando conocí su resultado respecto al gen *ATM*, decidí hacerme la prueba también. Tenía 38 años cuando supe que había heredado esa misma mutación.

Al principio, saber que tenía un riesgo elevado de cáncer resultó abrumador. Sin embargo, a medida que me informaba mejor, la información genética dejó a percibirse como algo que me restaba capacidad de elección y pasó a verse como algo que me brindaba opciones. Comencé un programa de cribado de mama de alto riesgo, alternando mamografías y resonancias magnéticas cada seis meses. Aunque por lo general no se recomienda una mastectomía bilateral basado únicamente en la presencia de una mutación *ATM*, mi mutación específica conlleva riesgos de cáncer de mama a lo largo de la vida mucho mayor (~60%) en comparación con las mutaciones *ATM* (~25%). Por este motivo, y teniendo en cuenta mis antecedentes familiares, decidí someterme a una mastectomía bilateral de reducción de riesgo.

Mientras esperaba la intervención, una IRM de mama reveló una anomalía que condujo a pruebas adicionales y, finalmente, un diagnóstico de cáncer de mama—apenas dos semanas antes de la cirugía preventiva programada. En lo que pareció un instante, todo cambió. De repente, ya no me preguntaba, “¿Realmente necesito hacer esto?” En su lugar, me planteaba, “¿A qué nos enfrentamos y hasta dónde se ha extendido?” El análisis anatomopatológico confirmó un cáncer de mama en estadio 1A. En ese momento, comprendí realmente el gran regalo que habían supuesto para mí las pruebas genéticas. Sin conocer sobre mi riesgo de cáncer, el cáncer de mama se hubiera detectado en una etapa más avanzada y difícil de tratar.

Hoy en día trabajo como enfermera navegadora en oncología y cuento con la experiencia única de haber vivido la atención sanitaria desde ambas perspectivas: como paciente y como enfermera. Aplico este enfoque a diario en mi trabajo y en mi labor de defensa de los pacientes, ayudándoles a comprender el riesgo de cáncer hereditario, las pruebas de detección, reducción del riesgo, la supervivencia, y la importancia alzar sus voces para reclamar una atención personalizada a través de mi plataforma en redes sociales [@cancerpreventionrn](https://twitter.com/cancerpreventionrn). Saber que soy portadora de una variante patogénica en el gen *ATM* significa que mi tres hijas y otros familiares ahora tienen información sobre su riesgo potencial de cáncer hereditario. Si se confirma que son portadoras de la variante familiar, tendrán la oportunidad de tomar decisiones informadas sobre las pruebas de detección y la reducción de riesgos. Es precisamente por esto que mi participación en ICARE tiene tanto significado para mí. A través de la investigación espero ayudar a crear información mejor para las personas que me siguen, incluidas mis hijas y las generaciones futuras de familias que deban afrontar el riesgo de cáncer hereditario. El conocimiento no elimina el riesgo de cáncer, pero nos proporciona con opciones y oportunidades que pueden cambiar el rumbo de nuestras vidas para mejor.

Nuevas recomendaciones de ESMO sobre las pruebas genéticas

La Sociedad Europea de la Oncología Médica (o ESMO, por sus siglas en inglés) evaluó los genes de susceptibilidad al cáncer de mama basándose en la mortalidad asociada al cáncer para ayudar a guiar cuáles genes deberían incluirse en las pruebas genéticas para el cáncer de mama hereditario. Indicó que entre los genes cuya evaluación puede contribuir a una mayor supervivencia de las pacientes se encuentran: *BRCA1*, *BRCA2*, *PALB2*, *RAD51C*, *RAD51D*, *TP53* (para cáncer de mama diagnosticado antes de los 40 años), y *BRIP1* (posiblemente). Otros genes que podrían ayudar a estimar el riesgo, aunque no existe certeza de que su análisis conduzca a una mayor supervivencia, son *CHEK2* y *ATM*. El grupo desaconsejó firmemente incluir genes asociados a síndromes específicos – tales como *STK11*, *PTEN*, *NF1*, y *CDH1*, al plantearse la realización de pruebas a nivel poblacional.

Turnbull, et al. Ann Oncol. 2025;36(8):853-865. PMID: 40523834. Artículo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40523834/>. Publicación en redes sociales: <https://inheritedcancer.net/post42826/>

Esfuerzos de investigación y recursos

Caracterización genómica del estudio de cáncer de mama

A través de ICARE, estamos realizando análisis genómicos para comprender mejor cómo se desarrollan los cánceres de mama e identificar opciones adicionales del tratamiento para mejorar los resultados de salud en personas portadoras de variantes en los genes *BRCA1/2*, *PALB2*, *ATM*, y *CHEK2*. Obtenga más información sobre ICARE en <https://inheritedcancer.net/>. También puede inscribirse en ICARE en línea en <https://redcap.link/ICAREconsent> o escaneando el código QR a continuación.



Iniciativa en colaboración con ConnectMyVariant

Trabajamos para mejorar las estimaciones de riesgo de cáncer asociado a los genes *BRCA1* y *BRCA2*, ayudando a los familiares a acceder a pruebas genéticas (así como a pruebas de ascendencia gratuitas y opcionales). Al participar, contribuirá al avance de la investigación y apoyará a otras familias afectadas por el cáncer hereditario. Obtenga más información y regístrese en <https://connectmyvariant.org/signup-form/icare>.



INSTAGRAM LIVE

UPDATES IN GENETIC TESTING & MANAGEMENT FOR HEREDITARY BREAST CANCER

WEDNESDAY, OCTOBER 7TH
5 PM MT | 6 PM CT | 7 PM ET

Tanya Patel, MD
Clinical Geneticist

Kathy Baker
Founder of My Faulty Gene

Krista Brown, MS, RN
Oncology Nurse Navigator

Sonya Reid, MD, MPH
Breast Medical Oncologist

Sheila Rajagopal, MD
Medical Oncologist

Únase a nosotros @inheritedcancer