

Algunas infecciones respiratorias víricas pueden promover las metástasis del cáncer de mama

01/08/2025

En la revista [Nature](#) se publicó el 30 de julio un artículo en el que manifiesta que algunas infecciones respiratorias víricas del tipo del SARS-CoV-2 y el virus gripal podrían “despertar”, en el modelo animal, células tumorales ocultas en pulmón para provocar metástasis incluso décadas más tarde a la aparición del cáncer primario. Esa observación puede ser extensible a los humanos ya que hay datos de que en miles de personas la infección por SARS-CoV-2 se asoció con una probabilidad doble de muerte por cáncer, lo que podría explicar el aumento de las tasas de fallecimientos por cáncer en los inicios de la pandemia según datos procedentes de UK Biobank y de Flatiron Health. Las células cancerosas, precursoras de metástasis y despegadas del tumor primario, se podrían ocultar en tejidos, como médula, en personas supervivientes de cánceres de mama, próstata y pulmón, para que al exponerse a un virus se despierten del letargo.

Para comprobar la hipótesis modificaron genéticamente ratones para que desarrollaran tumores en mamas similares a los de los humanos y sembraron células tumorales dormidas en otros tejidos. Posteriormente les infectaron con COVID-19 o con gripe para que a los pocos días esas células se multiplicaran para formar lesiones metastásicas por la mediación de la interleukina 6. Las células cancerosas no se multiplicaron con la misma rapidez en ratones que genéticamente carecían de esa interleukina. Dos semanas después de la infección, las células pasaron nuevamente a un estado de latencia, lo que implica que las infecciones per se no causaron cáncer directamente pero sí

una infección podría reactivarlas.

Algunas infecciones respiratorias víricas pueden promover las metástasis del cáncer de mama

01/08/2025

En la revista [Nature](#) se publicó el 30 de julio un artículo en el que manifiesta que algunas infecciones respiratorias víricas del tipo del SARS-CoV-2 y el virus gripal podrían “despertar”, en el modelo animal, células tumorales ocultas en pulmón para provocar metástasis incluso décadas más tarde a la aparición del cáncer primario. Esa observación puede ser extensible a los humanos ya que hay datos de que en miles de personas la infección por SARS-CoV-2 se asoció con una probabilidad doble de muerte por cáncer, lo que podría explicar el aumento de las tasas de fallecimientos por cáncer en los inicios de la pandemia según datos procedentes de UK Biobank y de Flatiron Health. Las células cancerosas, precursoras de metástasis y despegadas del tumor primario, se podrían ocultar en tejidos, como médula, en personas supervivientes de cánceres de mama, próstata y pulmón, para que al exponerse a un virus se despierten del letargo.

Para comprobar la hipótesis modificaron genéticamente ratones para que desarrollaran tumores en mamas similares a los de los humanos y sembraron células tumorales dormidas en otros tejidos. Posteriormente les infectaron con COVID-19 o con gripe para que a los pocos días esas células se multiplicaran

para formar lesiones metastásicas por la mediación de la interleukina 6. Las células cancerosas no se multiplicaron con la misma rapidez en ratones que genéticamente carecían de esa interleukina. Dos semanas después de la infección, las células pasaron nuevamente a un estado de latencia, lo que implica que las infecciones per se no causaron cáncer directamente pero sí una infección podría reactivarlas.

Las caídas de las coberturas de vacunación en los Estados Unidos podrían provocar el reestablecimiento de la endemividad del sarampión

01/08/2025

Kiang M, Bubar K., Maldonado Y et al. Modeling Reemergence of Vaccine-Eliminated Infectious Diseases Under Declining Vaccination in the US. JAMA published on line April 24, 2025

Modelo de simulación que evalúa la importación y la dinámica de diseminación de enfermedades inmunoprevenibles -sarampión, rubeola, poliomielitis y difteria- en 50 estados de los Estados Unidos y en Columbia. El modelo se parametrizó con datos de demografía, inmunidad poblacional y riesgo de importación para cada una de las áreas geográficas. Igualmente evaluó escenarios con diferentes tasas de vacunación para un periodo de 25 años siendo los inputs las tasas de coberturas vacunales para 2023-2024. La simulación predice que, si se redujeran las coberturas a la mitad del 93% actual, se esperarían 51.2 millones de casos en los próximos 25 años,

pero una caída menor, del 10%, los casos subirían a 11.1 millones de casos. Todo ello supondría 10.3 millones de hospitalizaciones y 159.200 fallecimientos con 51.200 niños con problemas neurológicos postsarampión. Respecto a las otras inmunoprevenibles es menos probable la endemicidad con las tasas actuales de vacunación, aunque si cae un 50% se esperarían 9.9 millones de casos de rubeola y 4.3 millones de poliomielitis y 197 casos de difteria.