

Salud & Ciencias Médicas



Uleam

UNIVERSIDAD LAICA
ELOY ALFARO DE MANABÍ

ECUADOR - MANABÍ - VOLUMEN 5 NÚMERO 9 JULIO - DICIEMBRE 2026

Tendencias futuras en biomarcadores oncológicos: de la β -hcg a la genómica y proteómica

Future trends in cancer biomarkers: from beta-hcg to genomics and proteomics

Josselyn Mendoza Macías

<https://orcid.org/0000-0002-9325-2017>

josselyni.mendoza@uleam.edu.ec

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Carlos Jared Intriago López

<https://orcid.org/0009-0004-1040-4591>

carlosjail2112@gmail.com

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Higor Giovanni Chávez Párraga

<https://orcid.org/0009-0005-0641-5025>

higorchavezp13@gmail.com

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Anthony Javier Naranjo Salguero

<https://orcid.org/0009-0004-1269-4385>

anthonym710420@gmail.com

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

<https://doi.org/10.56124/saludcm.v5i9.006>

RESUMEN

En el diagnóstico de cáncer, a pesar de que los biomarcadores tradicionales han desempeñado un papel importante en su manejo, presentan limitaciones que generan interés por nuevas alternativas. **Objetivo:** Analizar las tendencias futuras en el desarrollo de biomarcadores oncológicos, explorando cómo las tecnologías genómicas y proteómicas complementan o sustituyen a los marcadores tradicionales como la β -hCG. **Materiales y métodos:** Se realizó una revisión sistemática siguiendo la metodología PRISMA, mediante búsquedas en las bases de datos Nature, PubMed, ScienceDirect y SpringerLink. De un total de 711 registros, se aplicaron criterios de identificación, selección, elegibilidad e inclusión según PRISMA, obteniéndose finalmente 21 artículos para el análisis. **Resultados:** Se obtuvo que los biomarcadores genómicos, proteómicos y multi-ómicos permiten caracterizar la heterogeneidad tumoral con mayor exactitud, optimizar la selección terapéutica y mejorar la



estratificación de los pacientes. **Conclusión:** La integración de datos de DNA-seq, RNA-seq, proteómica, inmunología tumoral, patología digital y biopsia líquida representa el futuro del diagnóstico oncológico, aunque persisten retos en estandarización, validación clínica, accesibilidad y costo-efectividad, por lo que se requieren estudios adicionales para consolidar la adopción de estas tecnologías emergentes en la práctica clínica rutinaria.

Palabras clave: futuras tendencias; biomarcadores; proteómica; genómica; oncológico

ABSTRACT

In cancer diagnosis, although traditional biomarkers have played an important role in management, they have limitations that have generated interest in new alternatives. Objective: To analyze future trends in the development of cancer biomarkers, exploring how genomic and proteomic technologies complement or replace traditional markers such as β -hCG. Materials and methods: A systematic review was conducted following the PRISMA methodology, using searches in the Nature, PubMed, ScienceDirect, and SpringerLink databases. From a total of 711 records, PRISMA identification, selection, eligibility, and inclusion criteria were applied, resulting in 21 articles for analysis. Results: Genomic, proteomic, and multi-omic biomarkers were found to allow for more accurate characterization of tumor heterogeneity, optimize therapeutic selection, and improve patient stratification. Conclusion: The integration of data from DNA-seq, RNA-seq, proteomics, tumor immunology, digital pathology, and liquid biopsy represents the future of cancer diagnosis, although challenges persist in standardization, clinical validation, accessibility, and cost-effectiveness, so further studies are required to consolidate the adoption of these emerging technologies in routine clinical practice.

Keywords: future trends; biomarkers; proteomics; genomics; oncology

Recibido: 15-11-2025

Aceptado: 13-03-2026

Publicado: 23-07-2026

INTRODUCCIÓN

La carga del cáncer aumenta constantemente en todo el mundo, y sigue siendo la principal causa de mortalidad prematura en muchos países, por lo que los biomarcadores tumorales se han consolidado cada vez más como factores claves en el diagnóstico, tratamiento y pronóstico del desarrollo de neoplasias, e incluso han sido mencionados como factores útiles en la prevención de estas (1).



Un biomarcador es cualquier marcador biológico presente en la sangre, los fluidos corporales o los tejidos que indica la presencia de procesos biológicos normales o anormales, afecciones o enfermedades (2). A lo largo de las últimas décadas, a pesar de que los marcadores séricos como la β -hCG, la alfafetoproteína (AFP) o el antígeno prostático específico (PSA) han sido herramientas valiosas estos también se ven limitados por factores como su baja especificidad y la variabilidad interindividual que limita su eficacia como herramientas predictivas (3).

Las tendencias futuras en biomarcadores oncológicos incluyen una evolución desde marcadores clásicos como la β -HCG hacia enfoques más avanzados en genómica y proteómica. La β -hCG, una hormona glicoproteica, ha sido un marcador tumoral conocido asociado con diversos cánceres, aunque presenta limitaciones en especificidad y sensibilidad, por lo que se usa junto a otros exámenes clínicos (2). Sin embargo, la investigación actual está enfocándose en biomarcadores moleculares más complejo como aquellos que estudian cambios en ADN, ARN, microARN, ARNm y proteínas mediante tecnologías como secuenciación de próxima generación (NGS), proteómica y análisis de microambientes tumorales para detectar mutaciones, activación de vías moleculares y progresión tumoral (4).

Todos estos avances oncológicos representan mayores opciones de diagnóstico y manejo del cáncer, así como genera una mayor comprensión de cómo funcionan las neoplasias y los distintos componentes que influyen en esta desde una perspectiva molecular y génética. Comprender la evidencia actual de los avances en biomarcadores oncológicos es de gran importancia para la implementación de técnica eficaces y más precisas que ayuden a entender el cáncer, su evolución y de esta forma mejorar el diagnóstico y tratamiento (2). Bajo este contexto, este estudio tiene como objetivo analizar las tendencias futuras en el desarrollo de biomarcadores oncológicos, explorando cómo las tecnologías genómicas y proteómicas complementan o sustituyen a los marcadores tradicionales como la β -hCG.

MATERIALES Y MÉTODOS

Esta investigación se llevó a cabo siguiendo la metodología PRISMA como una herramienta de selección, evaluación y análisis de los estudios ya que cuenta con las etapas de identificación, selección, elegibilidad e inclusión. Para la búsqueda de fuentes bibliográficas se utilizaron las bases de datos de Nature, PubMed, Science Direct y Springer Link en la cual se buscó información sobre “Tendencias futuras en biomarcadores oncológicos: de la β -hcg a



la genómica y proteómica”. En este caso, se empleó como estrategia de búsqueda “(tendencias futuras OR marcadores emergentes) AND (biomarcadores OR genómica OR proteómica) AND (Oncológicos OR enfermedades oncológicas OR cáncer)”. Los criterios de inclusión incluyeron artículos publicados entre 2020 a 2025, documentos de artículos de revisión y originales, artículos en español e inglés, así como artículos de acceso abierto o disponibles. Como resultado se obtuvo un total de 711 artículos académicos extraídos de las bases de datos mencionadas.

RESULTADOS

A partir de la revisión de las 711 referencias obtenidas se obtuvo un total de 21 artículos al aplicar la metodología PRISMA como se observa en la Figura 1.

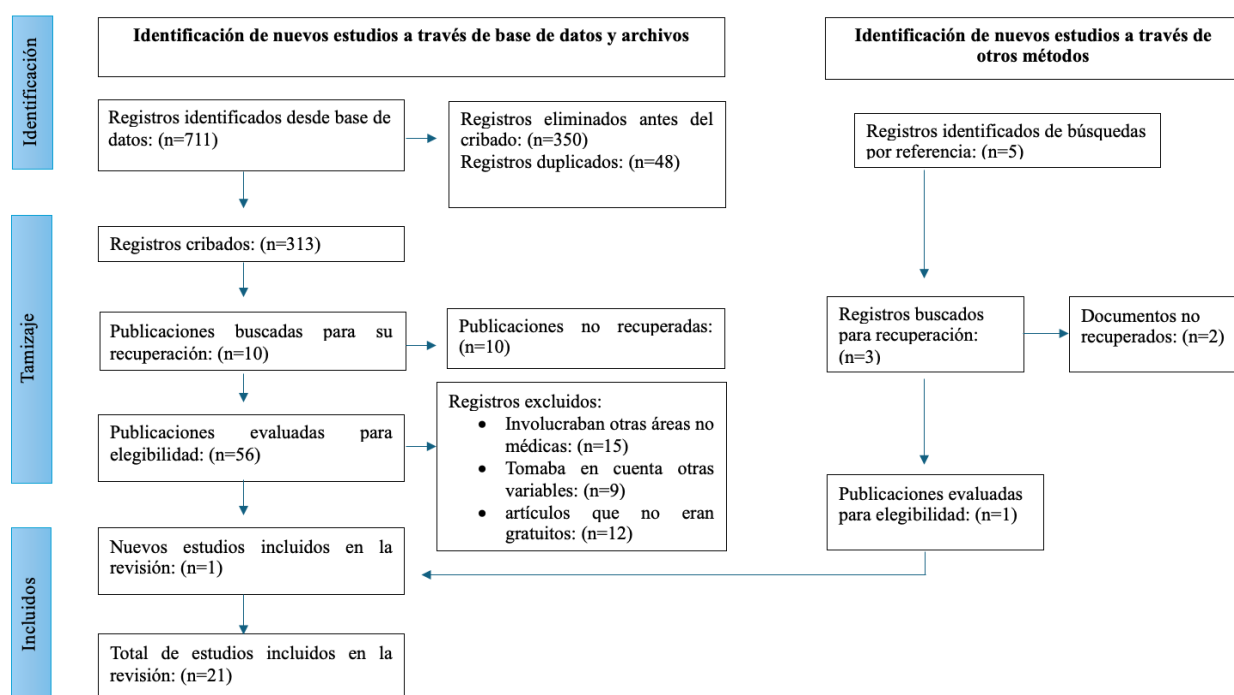


Figura 1. Resultados de la búsqueda y proceso de selección e inclusión del estudio.

Una vez seleccionados los artículos se pudieron construir las bases teóricas dividiéndolas en líneas y sublíneas de investigación.

Fundamentos y limitaciones de los marcadores tradicionales

Los marcadores de cáncer también conocidos como marcadores tumorales son sustancias que se pueden encontrar en el cuerpo y normalmente en la sangre, la orina o los tejidos los cuales se utilizan para ayudar en el diagnóstico y el seguimiento del cáncer (5). Estos marcadores pueden ser desde proteínas hasta genes u otras moléculas y se los suele



dividir entre marcadores séricos y marcadores moleculares los cuales a su vez pueden ser producidos por las células cancerosas o por el cuerpo en respuesta al cáncer y su especificidad y eficacia pueden variar significativamente (6). A continuación, se resumen los principales biomarcadores utilizados en la medicina contemporánea y las limitaciones destacan en estos.

Marcadores séricos: En primer lugar, dentro de los marcadores séricos destaca la β -hCG y la alfafetoproteína (AFP) los cuales son de gran relevancia en cuanto al diagnóstico, estadificación y seguimiento de tumores de células germinales. La β -hCG se eleva levemente en los seminomas y en tumores no seminomatosos, pero se ha demostrado que refleja falsos positivos en los casos de hipogonadismo y consumo de cannabis (7). Por su parte, la AFP aumenta sobre todo en tumor del saco vitelino y en algunos carcinomas embrionarios, no se eleva en seminomas puros y refleja falsos positivos en las hepatopatías (1). Estos biomarcadores han demostrado limitaciones ya que solo 15% de seminomas y 50–60% de tumores no seminomatosos presentan elevación por lo que su interpretación siempre debe incluir clínica e imagen (8).

Por otro lado, el antígeno prostático específico (PSA), se considera el mejor marcador sérico disponible para cáncer de próstata y es muy útil en cribado, diagnóstico, seguimiento y detección de recurrencia, pero su limitación radica en que también se eleva en prostatitis e hiperplasia benigna (9). El antígeno carcinoembrionario (CEA) se utiliza principalmente para el seguimiento y pronóstico del cáncer colorrectal, pero, no sirve para diagnóstico inicial por baja especificidad por lo que los niveles elevados se relacionan con mayor invasión linfática, estadios avanzados y peor pronóstico (10).

Otros marcadores séricos incluyen al lactato deshidrogenasa (LDH) el cuál es un marcador inespecífico de daño tisular y alta proliferación que se encuentra asociado comúnmente con enfermedad avanzada en linfomas y tumores germinales y tiene un valor más significativo para el pronóstico que para el diagnóstico (11). Así mismo, la enolasa neuronal específica (NSE) es un biomarcador de tipo sérico que es útil en tumores neuroendocrinos, cáncer de pulmón de células pequeñas, neuroblastoma y en los casos de cáncer colorrectal se asocia con metástasis y peor pronóstico, en cuanto a su sensibilidad esta ha demostrado ser moderada la cual a su vez mejora al combinarlo con otros marcadores (7).

Dentro de los marcadores ginecológicos y gastrointestinales tradicionales son de gran relevancia los antígenos tumorales como CA 125 que es el más usado en cáncer de ovario



epitelial y tiene mejor utilidad en cuanto al seguimiento y recurrencia, pero es sensible en estadios avanzados (75–92%) mientras que menos sensible en iniciales ($\approx$ 50%) y se eleva también en otros tumores y enfermedades benignas (1)(2). El CA 19-9 por su parte se asocia principalmente al cáncer de páncreas y vías biliares y se usa preferentemente en el seguimiento y pronóstico elevándose también en tumores GI, pulmonares, ginecológicos y condiciones benignas (1,12). Finalmente, el CA 15-3 se usa en el seguimiento y recurrencia en cáncer de mama en los que presenta una sensibilidad y especificidad limitadas pero alta especificidad en derrames pleurales malignos, pero baja sensibilidad (8).

Marcadores moleculares: Los marcadores moleculares incluyen genes, proteínas o metabolitos que muestran alteraciones específicas en células tumorales. El biomarcador EGFR por su parte es útil en cáncer colorrectal en cáncer de pulmón (12). Por otro lado, los receptores hormonales ER/PR son de utilidad en cáncer de mama determinando la sensibilidad a terapia endocrina considerándose también la base para definir subtipos moleculares (13). Los HER2 presentan una sobreexpresión en cáncer de mama y gástrico permitiendo usar trastuzumab y otras terapias dirigidas y son una determinación obligatoria en el algoritmo diagnóstico (13,14). Por otro lado, el Ki-67 índice de proliferación con niveles altos indica tumores más agresivos y mejor respuesta a quimioterapia y los valores extremos ($<5\%$ o $>30\%$) son los más confiables (5). Otro biomarcador utilizado es el KRAS/NRAS, el cual indica mutaciones como resistencia absoluta a anti-EGFR en cáncer colorrectal y tienen valor pronóstico y terapéutico también en cáncer de pulmón(12,15). Mientras que el biomarcador BRAF es específico de cáncer colorrectal asociándolo a un mal pronóstico y menor respuesta a anti-EGFR y en melanoma permite uso de inhibidores de BRAF (15).

ALK y ROS1 son fusiones presentes en NSCLC, especialmente adenocarcinomas y permiten tratamiento con crizotinib y otros TKIs. Los BRCA1/2 están implicados en cáncer de mama, ovario, páncreas y próstata y predicen respuesta a inhibidores PARP y sensibilidad a platinos y también se consideran importantes para riesgo hereditario y asesoramiento genético (14). Por otro lado, el TP53 indica mutaciones frecuentes en múltiples cánceres que se asocian a mayor agresividad y peor pronóstico asociándole también un valor predictivo variable según el tumor (16). Otro biomarcador molecular empleado es el PD-L1 el cual indica principalmente respuesta a inmunoterapia (anti-PD-1/PD-L1) y es obligatorio en NSCLC para decidir tratamiento de primera línea y en cáncer de mama triple negativo define uso de pembrolizumab (17).



El IDH1/IDH2 es clave en gliomas distinguiendo subtipos moleculares con diferente pronóstico y en LMA permite uso de inhibidores como ivosidenib (IDH1) y enasidenib (IDH2), mientras que, en gliomas, IDH-mutado es indicativo a mejor supervivencia (2). Finalmente, el NTRK es poco frecuentes, pero altamente accionables permitiendo usar inhibidores TRK (larotrectinib, entrectinib) independientemente del tipo de tumor siendo estos importantes en ciertos tumores raros (fibrosarcoma infantil, carcinomas secretores) (18).

Limitaciones: Tanto los biomarcadores séricos como moleculares utilizados actualmente suelen mostrar baja sensibilidad y especificidad limitando su valor diagnóstico debido a la baja sensibilidad y especificidad (6). Además, su implementación e integración se ve afectada porque muchos de estos no se correlacionan de manera consistente con los hallazgos de tejido ni con las imágenes (1). A esto se suma que gran parte de los biomarcadores disponibles carecen de validación en estudios prospectivos y no cuentan con estandarización suficiente en técnicas como inmunohistoquímica, generando variabilidad inter observador (4). Además, no existen biomarcadores que funcionen como verdaderos sustitutos de desenlaces clínicos, lo que limita su uso como indicadores de eficacia terapéutica. Finalmente, el alto costo y la falta de evidencia clara sobre su costo-efectividad dificultan su implementación sistemática en la práctica médica (7).

Nuevas tendencias moleculares en oncología

Dentro de las tecnologías avanzadas de diagnóstico de cáncer se encuentran WES, WGS y RNA-Seq las cuales que permiten identificar las mutaciones accionables, fusiones génicas, alteraciones en el número de copias, variantes de splicing y vías desreguladas(19). Es importante destacar que biomarcadores complejos entre los cuales se incluyen HRD, TMB y MSI los cuales se aplican al tejido permiten orientar la clasificación tumoral centrada en las alteraciones genéticas más que en el órgano de origen, lo que se fortalece también gracias a la multi-ómicas que integra genómica, transcriptómica, proteómica, epigenética y metabolómica para ofrecer una visión global del tumor y su microambiente (6).

Dentro de estos avances en diagnóstico, también se encuentra la biopsia líquida que se encuentra basada en ctDNA, CTCs y exosomas y permite la detección precoz, el monitoreo dinámico y la identificación temprana de resistencia, mientras que los paneles multigénicos avanzados ya forman parte de decisiones terapéuticas y criterios de inclusión en ensayos clínicos (20). Por otro lado, la inteligencia artificial y el machine learning facilitan el análisis de



grandes volúmenes de datos moleculares optimizando la selección terapéutica y acelerando el descubrimiento de nuevas combinaciones farmacológicas (21).

En cuanto a terapias, se observa la expansión de terapias génicas y CAR-T de nueva generación junto con estrategias que modulan el microambiente tumoral y a su vez reprograman el metabolismo o manipulan el microbioma para superar la resistencia (22). Es importante destacar que entre los biomarcadores emergentes destacan alteraciones genéticas específicas como fusiones NRG1, FGFR, ALK o mutaciones KRAS G12C y TP53 Y220C, biomarcadores tumor-agnósticos como dMMR, MSI-H, TMB-H, herramientas de biopsia líquida, perfiles de microARNs y transcriptómica espacial, marcadores epigenéticos y proteómicos, así como características del microambiente tumoral evaluadas mediante técnicas multiplexadas (23).

DISCUSIÓN

Dentro de los principales aspectos a destacar es el cambio en cuanto a basarse en un biomarcador o parámetro específico en el diagnóstico de cáncer a un análisis del perfil de diversos componentes que incluyen biomarcadores séricos, moleculares y genéticos (10,24). Como ya se mencionó anteriormente el enfoque tradicional ha demostrado limitaciones en sensibilidad, especificidad y utilidad clínica ya que existe la heterogeneidad tumoral y la complejidad de las vías alteradas en cáncer lo que genera que estos biomarcadores basados en la evaluación de por ejemplo proteínas individuales o índices de proliferación tenga baja sensibilidad y por ende no sean considerados precisos, lo que a su vez ocasiona las evidencias de errores diagnósticos(11,14).

Para poder superar este tipo de limitaciones, el mundo a dirigido su mirada hacia las herramientas conocida como ómicas específicamente la genómica, a través de la Secuenciación de Nueva Generación (NGS) masiva que ha demostrado la identificación exhaustiva de mutaciones puntuales y sumamente específicas de reordenamientos estructurales dentro de las cuales se incluyen fusiones de genes ALK o ROS1 y el estado de inestabilidad genómica como la deficiencia en la reparación de apareamientos erróneos, dMMR lo que resulta en una gran utilidad para brindar adecuadamente inhibidores de tirosina quinasa (TKI) o terapias inmuno-oncológicas (3,7).

En cuanto a la proteómica, esta ha pasado de la electroforesis bidimensional a la Espectrometría de Masas (LC-MS/MS) de alto rendimiento lo que permite la cuantificación



precisa de miles de proteínas y por consiguiente la caracterización de sus modificaciones postraduccionales (PTMs) como la fosforilación y la ubiquitinación (25). Esto también ayuda a predecir la actividad de una vía biológica ya que las proteínas son efectores funcionales de la célula y las dianas directas de la mayoría de los fármacos teniendo así funciones de señalización tumoral (26,27).

Por este motivo es importante comprender la importancia de describir y comprender las características globales del tumor integrando datos de múltiples niveles que incluyen los aspectos genómicos, transcriptómico, proteómico, inmunológico y morfológico (19).

La integración de plataformas de secuenciación de ADN y ARN en conjunto con biomarcadores inmunológicos y con los datos clínicos permite que la identificación sea más precisa sobre las alteraciones genéticas, fusiones de genes y clasificación tumoral y esto se ve reflejado e indica una cantidad de pacientes mucho más grande que pueden ser candidatos a terapias personalizadas o inclusive a ensayos clínicos relevantes (19,21). Por ejemplo, la combinación de DNA-seq para mutaciones, RNA-seq para expresión diferencial y fusiones con biomarcadores inmunológicos incrementa la tasa de asignación a terapias dirigidas y ensayos clínicos en comparación con el uso de paneles genéticos convencionales (28). Además, el análisis multidimensional de microARNs, mRNAs y proteínas realizado mediante técnicas avanzadas de proteómica basada en la detección de PTMs y algoritmos de reducción de dimensiones ha reflejado una mejora en cuanto a la capacidad predictiva de los biomarcadores en comparación con valores subóptimos obtenidos con biomarcadores individuales (23,29).

El uso de perfiles moleculares integrados también permite la identificación de firmas pan-cáncer y la estratificación pronóstica basada en la disrupción de vías biológicas clave como la coagulación, el metabolismo de ácidos grasos y la transición epitelio-mesénquima, lo que facilita la predicción de progresión tumoral y la selección de tratamientos potencialmente efectivos, incluyendo la posibilidad de reposicionamiento de fármacos (19,28). La incorporación de datos de biopsias líquidas incluyendo ctDNA para la genómica y exosomas para la proteómica, radiómica y análisis digital patológico, junto con inteligencia artificial permite que se hagan proyecciones hacia un perfil más completo lo que permite una mayor adecuación y pertinencia del tratamiento, así como el diagnóstico sin recurrir a herramientas invasivas (23)



CONCLUSIONES

A partir de la revisión actual de la literatura se confirmó que el diagnóstico y manejo oncológico se encuentra en transformación ya que se empieza a hacer cada vez más evidente la obsolescencia de los biomarcadores tradicionales aislados lo que a su vez conlleva a la adopción de un enfoque basado en el perfil molecular de manera más generalizado. Por lo que, a pesar de sus grandes usos e implementaciones ha demostrada una baja especificidad y sensibilidad por lo que en la actualidad se considera insuficiente para abordar la heterogeneidad tumoral limitando su valor predictivo en la toma de decisiones terapéuticas.

Por este motivo, se evidencia el auge de plataformas genómicas y proteómicas de alto rendimiento de tal manera que la máxima utilidad clínica actual se fundamenta en la integración de estos datos ómicos tales como los proporcionados a través de la genómica, proteómica, transcriptómica con biomarcadores inmunológicos, patología digital y la biopsia líquida que incluyen ctDNA y exosomas. Todos estos aspectos reflejan un gran potencial, pero aún quedan muchas lagunas de investigación por lo que es necesario que se sigan realizando estudios que permitan consolidar estos aspectos dentro de la atención en salud.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Kang YJ, Luo Q, Worthington J, Kelly A, Cuff J, Zalcborg J, et al. Informing health system planning for biomarker-based treatment: statistical prevalence projections for solid cancers with key pan-tumour biomarkers (dMMR, MSI, high TMB) in Australia to 2042. *Lancet Reg Health West Pac* [Internet]. 2025 Apr 1 [cited 2025 Nov 7];57:101537. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666606525000744>
2. Passaro A, Al Bakir M, Hamilton EG, Diehn M, André F, Roy-Chowdhuri S, et al. Cancer biomarkers: Emerging trends and clinical implications for personalized treatment. *Cell* [Internet]. 2024 Mar 28 [cited 2025 Nov 7];187(7):1617–35. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867424002447#bib3>
3. Alaimo A, Vaira V, Sarhadi VK, Armengol G. Molecular Biomarkers in Cancer. *Biomolecules* 2022, Vol 12, Page 1021 [Internet]. 2022 Jul 23 [cited 2025 Nov 7];12(8):1021. Available from: <https://www.mdpi.com/2218-273X/12/8/1021/html>



4. Passaro A, Al Bakir M, Hamilton EG, Diehn M, André F, Roy-Chowdhuri S, et al. Cancer biomarkers: Emerging trends and clinical implications for personalized treatment. Cell [Internet]. 2024 Mar 28 [cited 2025 Nov 7];187(7):1617–35. Available from: <https://www.cell.com/action/showFullText?pii=S0092867424002447>
5. Kwon YW, Jo HS, Bae S, Seo Y, Song P, Song M, et al. Application of Proteomics in Cancer: Recent Trends and Approaches for Biomarkers Discovery. Front Med (Lausanne) [Internet]. 2021 Sep 22 [cited 2025 Nov 7];8:747333. Available from: www.frontiersin.org
6. Passaro A, Al Bakir M, Hamilton EG, Diehn M, André F, Roy-Chowdhuri S, et al. Cancer biomarkers: Emerging trends and clinical implications for personalized treatment. Cell [Internet]. 2024 Mar 28 [cited 2025 Nov 13];187(7):1617–35. Available from: <https://www.cell.com/action/showFullText?pii=S0092867424002447>
7. Alaimo A, Vaira V, Sarhadi VK, Armengol G. Molecular Biomarkers in Cancer. Biomolecules 2022, Vol 12, Page 1021 [Internet]. 2022 Jul 23 [cited 2025 Nov 13];12(8):1021. Available from: <https://www.mdpi.com/2218-273X/12/8/1021/html>
8. Komarnicki P, Gut P, Cieślewicz M, Musiałkiewicz J, Maciejewski A, Czupińska M, et al. Serum β -hCG as a Biomarker in Pancreatic Neuroendocrine Tumors: Rethinking Single-Analyte Approach. Cancers (Basel) [Internet]. 2024 Jun 1 [cited 2025 Nov 13];16(11):2060. Available from: <https://www.mdpi.com/2072-6694/16/11/2060/html>
9. Andre F, Ismaila N, Allison KH, Barlow WE, Collyar DE, Damodaran S, et al. Biomarkers for Adjuvant Endocrine and Chemotherapy in Early-Stage Breast Cancer: ASCO Guideline Update. Journal of Clinical Oncology [Internet]. 2022 Apr 1 [cited 2025 Nov 7];34. Available from: <https://ascopubs.org/doi/pdf/10.1200/JCO.22.00069>
10. Eggener SE, Rumble RB, Armstrong AJ, Morgan TM, Crispino T, Cornford P, et al. Molecular biomarkers in localized prostate cancer: ASCO guideline. Journal of Clinical Oncology [Internet]. 2020 May 1 [cited 2025 Nov 7];38(13):1474–94. Available from: <https://ascopubs.org/doi/pdf/10.1200/JCO.19.02768>
11. Liu HN, Yao C, Wang XF, Zhang NP, Chen YJ, Pan D, et al. Diagnostic and economic value of carcinoembryonic antigen, carbohydrate antigen 19-9, and carbohydrate antigen 72-4 in gastrointestinal cancers. World J Gastroenterol [Internet]. 2023 Jan 28 [cited 2025 Nov 7];29(4):706–30. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36742169/>



12. Claps G, Faouzi S, Quidville V, Chehade F, Shen S, Vagner S, et al. The multiple roles of LDH in cancer. *Nature Reviews Clinical Oncology* 2022 19:12 [Internet]. 2022 Oct 7 [cited 2025 Nov 7];19(12):749–62. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41571-022-00686-2>
13. Luo H, Shen K, Li B, Li R, Wang Z, Xie Z. Clinical significance and diagnostic value of serum NSE, CEA, CA19-9, CA125 and CA242 levels in colorectal cancer. *Oncol Lett* [Internet]. 2020 Jul 1 [cited 2025 Nov 7];20(1):742–50. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32566000/>
14. Caruso G, Weroha SJ, Cliby W. Ovarian Cancer: A Review. *JAMA* [Internet]. 2025 Oct 14 [cited 2025 Nov 7];334(14):1278–91. Available from: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2836686>
15. Sholl LM, Awad M, Roy UB, Beasley MB, Cartun RW, Hwang DM, et al. Programmed Death Ligand-1 and Tumor Mutation Burden Testing of Patients With Lung Cancer for Selection of Immune Checkpoint Inhibitor Therapies: Guideline From the College of American Pathologists, Association for Molecular Pathology, International Assoc.... *Arch Pathol Lab Med* [Internet]. 2024 Jul 1 [cited 2025 Nov 7];148(7):757–74. Available from: <https://dx.doi.org/10.5858/arpa.2023-0536-CP>
16. Henry NL, Somerfield MR, Dayao Z, Elias A, Kalinsky K, McShane LM, et al. Biomarkers for Systemic Therapy in Metastatic Breast Cancer: ASCO Guideline Update. *Journal of Clinical Oncology* [Internet]. 2022 Sep 20 [cited 2025 Nov 7];40(27):3205–21. Available from: <https://ascopubs.org/doi/pdf/10.1200/JCO.22.01063>
17. Daniels MW, Kahn AB, Beavers KM, Concia L, Carson JP, Matsui W, et al. Abstract P1-08-03: Clinical Distribution and Impact of Biomarker Triads Consisting of either Quantified HER2 or EGF Receptor with ER and PR Proteins and Expression of Their Cognate Genes. *Clinical Cancer Research* [Internet]. 2025 Jun 15 [cited 2025 Nov 7];31(12_Supplement):P1-08–03. Available from: [/clincancerres/article/31/12_Supplement/P1-08-03/752389/Abstract-P1-08-03-Clinical-Distribution-and-Impact](https://clincancerres/article/31/12_Supplement/P1-08-03/752389/Abstract-P1-08-03-Clinical-Distribution-and-Impact)
18. Zhou Y, Tao L, Qiu J, Xu J, Yang X, Zhang Y, et al. Tumor biomarkers for diagnosis, prognosis and targeted therapy. *Signal Transduction and Targeted Therapy* 2024 9:1



- [Internet]. 2024 May 20 [cited 2025 Nov 7];9(1):1–86. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41392-024-01823-2>
19. Bhattacharya S. An empirical review on the resistance mechanisms of epidermal growth factor receptor inhibitors and predictive molecular biomarkers in colorectal cancer. Crit Rev Oncol Hematol [Internet]. 2023 Mar 1 [cited 2025 Nov 7];183:103916. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1040842823000045?via%3Dihub>
20. Baliakas P, Soussi T. The TP53 tumor suppressor gene: From molecular biology to clinical investigations. J Intern Med [Internet]. 2025 Aug 1 [cited 2025 Nov 7];298(2):78–96. Available from: /doi/pdf/10.1111/joim.20106
21. Zhang N, Yang X, Piao M, Xun Z, Wang Y, Ning C, et al. Biomarkers and prognostic factors of PD-1/PD-L1 inhibitor-based therapy in patients with advanced hepatocellular carcinoma. Biomarker Research 2024 12:1 [Internet]. 2024 Feb 14 [cited 2025 Nov 13];12(1):26-. Available from: <https://biomarkerres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40364-023-00535-z>
22. Chakravarty D, Johnson A, Sklar J, Lindeman NI, Moore K, Ganesan S, et al. Somatic Genomic Testing in Patients With Metastatic or Advanced Cancer: ASCO Provisional Clinical Opinion. Journal of Clinical Oncology [Internet]. 2022 Apr 10 [cited 2025 Nov 7];40(11):1231–58. Available from: <https://ascopubs.org/doi/pdf/10.1200/JCO.21.02767>
23. Beňačka R, Szabóová D, Guľašová Z, Hertelyová Z, Radoňák J. Classic and New Markers in Diagnostics and Classification of Breast Cancer. Cancers 2022, Vol 14, Page 5444 [Internet]. 2022 Nov 5 [cited 2025 Nov 7];14(21):5444. Available from: <https://www.mdpi.com/2072-6694/14/21/5444/htm>
24. Kwon YW, Jo HS, Bae S, Seo Y, Song P, Song M, et al. Application of Proteomics in Cancer: Recent Trends and Approaches for Biomarkers Discovery. Front Med (Lausanne) [Internet]. 2021 Sep 22 [cited 2025 Nov 13];8. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34631760/>
25. Supplitt S, Karpinski P, Sasiadek M, Laczmanska I. Current Achievements and Applications of Transcriptomics in Personalized Cancer Medicine. International Journal of Molecular Sciences 2021, Vol 22, Page 1422 [Internet]. 2021 Jan 31 [cited 2025 Nov 13];22(3):1422. Available from: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/3/1422/htm>



26. Sykes J, Kaldany A, Jang TL. Current and Evolving Biomarkers in the Diagnosis and Management of Testicular Germ Cell Tumors. Journal of Clinical Medicine 2024, Vol 13, Page 7448 [Internet]. 2024 Dec 6 [cited 2025 Nov 13];13(23):7448. Available from: <https://www.mdpi.com/2077-0383/13/23/7448/htm>
27. He K, Baniasad M, Kwon H, Caval T, Xu G, Lebrilla C, et al. Decoding the glycoproteome: a new frontier for biomarker discovery in cancer. Journal of Hematology & Oncology 2024 17:1 [Internet]. 2024 Mar 22 [cited 2025 Nov 13];17(1):12-. Available from: <https://jhoonline.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13045-024-01532-x>
28. Yu B, Ma W. Biomarker discovery in hepatocellular carcinoma (HCC) for personalized treatment and enhanced prognosis. Cytokine Growth Factor Rev [Internet]. 2024 Oct 1 [cited 2025 Nov 13];79:29–38. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1359610124000674?via%3Dihub>
29. Prelaj A, Miskovic V, Zanitti M, Trovo F, Genova C, Viscardi G, et al. Artificial intelligence for predictive biomarker discovery in immuno-oncology: a systematic review. Annals of Oncology [Internet]. 2024 Jan 1 [cited 2025 Nov 13];35(1):29–65. Available from: <https://www.annalsofoncology.org/action/showFullText?pii=S0923753423043314>

Declaro que no existe conflicto de interés.

Contribución de los autores y aportes:

Conceptualización teórica: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

Curación de datos: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago, Chávez Higor, Anthony Naranjo

Análisis formal: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago, Higor Chávez

Investigación: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

Metodología: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

Recursos: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago, Anthony Naranjo

Software: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

Validación: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

Estilo y Redacción: Josselyn Mendoza, Carlos Intriago

