

Cáncer de mama: Nuevo método para buscar el mejor fármaco para cada paciente

Hoy en día, las posibilidades para determinar de antemano qué pacientes con cáncer de mama se beneficiarán de los distintos tratamientos son limitadas. Ahora, un equipo del Instituto Karolinska de Estocolmo ha desarrollado un método capaz de afinar en este sentido y de identificar los más adecuados.

«Esta técnica puede predecir cómo responderán las pacientes a determinados tratamientos, lo que permite evitar efectos secundarios innecesarios y ahorrar costes», afirma Johan Hartman, del departamento de Oncología-Patología, quien no obstante señala que se necesitan estudios confirmatorios más amplios, pero «vemos que el concepto funciona», asegura.

Su descripción se publica en el último número de la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS).

En la actualidad se dispone de varios fármacos diferentes para el tratamiento del cáncer de mama, relata un comunicado del Karolinska, pero la enfermedad es compleja y no a todas las pacientes les ayudan los mismos fármacos o todos ellos.

La secuenciación del ADN, por ejemplo, permite obtener cierta información sobre el tratamiento del que se beneficiará una paciente. Sin embargo, en muchos casos no es posible saber si ayudará o no a una paciente concreta, por lo que se necesitan mejores métodos para predecir cómo responderá.

El método que han desarrollado los investigadores del Karolinska se basa en aislar y cultivar no solo células tumorales, sino también las llamadas células de soporte de pacientes con cáncer de mama.

A continuación, los tratamientos contra el cáncer se prueban en distintas concentraciones de estas células cultivadas para comprobar su sensibilidad a los fármacos.

El estudio actual demuestra que es posible establecer este tipo de modelos tumorales celulares a partir de tumores de mama y que son similares a los tumores de origen de las pacientes en aspectos relevantes, por ejemplo genéticamente y en cuanto a diferentes marcadores proteicos.

Los modelos tumorales se crearon a partir de biopsias de 98 pacientes operadas de cáncer de mama, y en ellos se probaron más de 35 fármacos contra el cáncer de mama existentes y en fase de desarrollo.

Los investigadores pudieron comprobar que la sensibilidad a los fármacos que mostraban los modelos tumorales coincidía en gran medida con los conocimientos actuales sobre las opciones de tratamiento basadas en los tipos de tumores de pacientes y que, en algunos casos, los modelos eran sensibles a los fármacos que estaban en fase de desarrollo.

Los investigadores examinaron entonces la precisión con la que el método puede predecir las respuestas al tratamiento.

Para ello realizaron un estudio de validación en quince pacientes que recibieron tratamiento antes de la cirugía, el llamado tratamiento neoadyuvante.

A partir de biopsias tomadas antes de la cirugía, los investigadores crearon modelos tumorales para cada paciente y los expusieron a los mismos fármacos que recibió la paciente.

Los resultados muestran que las respuestas al tratamiento predichas por el modelo tumoral coincidieron en líneas generales con las respuestas al tratamiento que la paciente mostró posteriormente.

Por ejemplo, el modelo predijo la respuesta al tratamiento del fármaco quimioterapéutico epirubicina con una precisión del 90 por ciento, mientras que cuatro de las cuatro pacientes tratadas y sometidas a pruebas con fármacos de anticuerpos monoclonales anti-HER2 mostraron coherencia.

Los investigadores señalan que también es posible crear modelos celulares a partir de tumores pequeños, de los que suele considerarse un reto técnico tomar muestras sin poner en peligro el diagnóstico, y que las pruebas pueden realizarse con relativa rapidez.

EFE