



Según los expertos internacionales participantes en RAGMA 14

La clasificación por subtipos de los tumores de mama es una herramienta esencial en la práctica clínica

- El avance de las técnicas genómicas y proteómicas permite profundizar en la biología tumoral.
- El desarrollo de nuevos biomarcadores y la individualización de los tratamientos marcan el futuro desarrollo de la investigación clínica en cáncer de mama.
- El conocimiento de la biología tumoral permite personalizar el tratamiento, reducir la toxicidad y manejar las posibles resistencias.
- La identificación de biomarcadores específicos facilita el desarrollo de test moleculares que permiten la clasificación de cada tumor y determinar el mejor tratamiento.

Madrid, 23 de junio de 2014.- El conocimiento de la biología de los tumores de mama ha permitido entender que el cáncer de mama no es una enfermedad, sino que se manifiesta de muy diversas formas y cada una de ellas requiere un tratamiento específico. La investigación en este tipo de tumores se orienta, según los expertos reunidos en la **7ª Revisión Anual de Avances en Cáncer de Mama (RAGMA14)**, hacia la personalización de los tratamientos, para hacerlos más eficaces y reducir toxicidades innecesarias en beneficio de las pacientes.

Cada año se diagnostican en España alrededor de 26.000 nuevos casos de cáncer de mama y la elevada incidencia de este tumor, el más frecuente en la población femenina, ha provocado que sea uno de los tumores que más se están beneficiando de los avances en la investigación basados en el conocimiento de biología y caracterización molecular. Precisamente, la caracterización genómica de los subtipos tumorales de mama permite entender la capacidad de respuesta de ciertos tumores a las terapias existentes e incorporar un tratamiento personalizado a la expresión de cada tumor.

En el marco de la reunión organizada por GEICAM los principales expertos internacionales han debatido sobre la caracterización molecular de los tumores, *“que cada vez es más sofisticada y que exige, por un lado, determinar la utilidad clínica de los subtipos moleculares del cáncer de mama en el diagnóstico, selección del tratamiento más adecuado y en el desarrollo de soluciones terapéuticas a medida, y por otro evaluar si es preciso limitar la heterogeneidad de*

los tumores”, señala el **doctor José Enrique Alés**, miembro del Comité Organizador de RAGMA 14 y co-coordinador del grupo de tratamientos preventivos y epidemiología de GEICAM.

Delimitar los subtipos tumorales

La clasificación de los tumores de mama en cinco subtipos moleculares ha revolucionado el abordaje clínico del cáncer de mama. En opinión del **profesor Charles Perou**, experto en genética y patología en la Universidad de Carolina del Norte, *“el objetivo esencial de la investigación en cáncer de mama es definir el mayor número posible de subtipos moleculares del cáncer de mama y utilizar esta información como herramienta en la práctica clínica. Una vez entendida la diversidad biológica de los tumores será más fácil identificar nuevos tratamientos individualizados y adaptados. En este sentido, hemos hecho importantes avances tanto en la selección de pacientes que pueden beneficiarse de nuevos fármacos como en la identificación de nuevos biomarcadores y estos son los pasos que van a marcar el futuro de la investigación en oncología de mama”*.

El objetivo prioritario de mi actividad investigadora es definir las causas genéticas y epigenéticas de los subtipos de tumor y *“emparejar”* cada uno de los tipos de tumor con el tratamiento que ataca específicamente sus raíces. El desarrollo de las técnicas de secuenciación paralela, que facilitan el estudio del ADN y el ARN de tumores y tejidos, unido a los avances en proteómica están allanando el camino hacia la caracterización tumoral y la medicina personalizada. En opinión del profesor Perou el cáncer de mama *“se está convirtiendo en el estudio de los diferentes subtipos, cada vez con grupos de pacientes más pequeños y homogéneos plenamente identificados”*.

El uso de las nuevas técnicas de diagnóstico molecular están permitiendo caracterizar la biología de los sistemas, según la cual, la biología de un tumor es una compleja red de interconexiones e interacciones, donde cualquier actuación sobre un punto produce cambios compensatorios en otro. *“Esto explica, continúa Perou, la necesidad de entender el tumor como una red compleja pero única para abordar correctamente el cáncer”*.

Predecir la respuesta

Por otra parte, la taxonomía molecular de los tumores de mama ha llevado al **profesor Carlos Caldas**, experto del Experimental Cancer Medicine Centre de Cambridge, a ampliar la definición del cáncer de mama como *“una constelación de diez subtipos tumorales, que deben ser considerados tanto en la clasificación y monitorización clínicas como para el desarrollo de nuevas terapias”*.

El grupo de trabajo del doctor Caldas en el Reino Unido orienta sus investigaciones a determinar qué genes defectuosos son los que determinan la gravedad del cáncer y la respuesta al tratamiento. *“Algunos tumores pueden ser abordados más fácilmente, mientras que otros tienden*

a diseminarse más rápido o no responder a los tratamientos. En este punto, nos centramos en identificar los genes que determinan el éxito o el fracaso de los tratamientos “, aclara el experto.

La identificación de los biomarcadores tumorales específicos, a través de las alteraciones y variantes moleculares de los tumores, facilitan en opinión del profesor Caldas *“definir un conjunto de herramientas que servirán de base para generar test moleculares que permitan asignar de forma rápida cada nuevo tumor a uno de los subtipos e identificar las mutaciones concretas del mismo tumor”.*

Asimismo, la investigación genética de los tumores ha aportado grandes avances en el estudio del cáncer de mama avanzado ya que las últimas investigaciones muestran que la presencia en plasma de ADN del tumor es un excelente biomarcador, frente a las células tumorales circulantes. *“Un aumento de la cantidad de ADN del tumor circulante en el plasma a menudo anticipa en varios meses la progresión radiológica del tumor. En algunas pacientes, el análisis del plasma actúa como una biopsia para identificar mutaciones asociadas a la resistencia del tumor a los tratamientos. La cantidad de ADN circulante podría ser considerado como un biomarcador de la respuesta temprana en terapia neoadyuvante y en los casos de recidivas tumorales”* aclara el doctor Caldas.

GEICAM

GEICAM (Grupo Español de Investigación en Cáncer de Mama) es el grupo líder en investigación en cáncer de mama en España, y cuenta en la actualidad con un reconocido prestigio tanto nacional como internacional. Actualmente está constituido por más de 730 expertos, que trabajan en 184 hospitales de toda España. Entre sus principales objetivos está promover la investigación, tanto clínica como básica, la formación médica continuada, y la divulgación para facilitar la información a las afectadas acerca de los tratamientos y sus efectos secundarios, y así promover su participación en ensayos clínicos. Hasta el momento GEICAM ha realizado 96 estudios en los que han participado más de 44.000 mujeres.

**Para más información:
Síguenos en [Twitter](#) y [Facebook](#)**

Elena Moreno/María García de Ceca
Planner Media
Tif. 91 787 03 00

Roser Trilla
Responsable Comunicación GEICAM
Tif. 91 659 28 70