

Un grupo de proteínas predice el riesgo de recaída en pacientes con cáncer de pulmón

La investigación se ha centrado en pacientes con adenocarcinoma y carcinoma escamoso de pulmón y que han sido tratados con cirugía



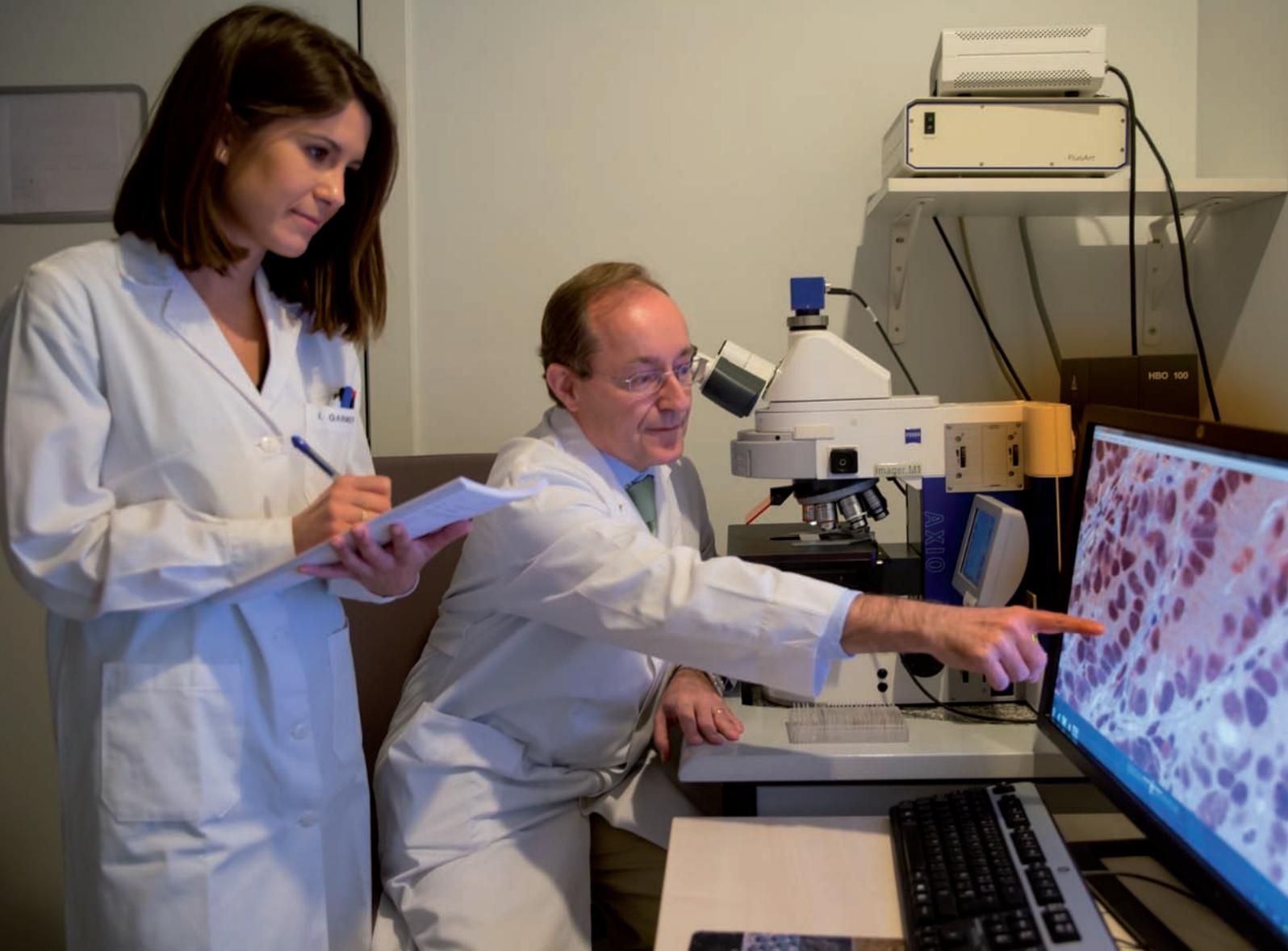
El grupo investigador del Programa de Tumores Sólidos del Cima.

CUN ■ Actualmente, existe un porcentaje de pacientes con cáncer de pulmón, incluso si han sido diagnosticados de forma precoz, que puede sufrir una recaída después de la intervención quirúrgica. Pero, hasta el momento, no existe en la práctica clínica un marcador que indique qué pacientes, una vez intervenidos quirúrgicamente, tienen mayor riesgo de volver a sufrir la enfermedad al cabo de los años o, por el contrario, están ya completamente curados.

Una incertidumbre que ha llevado a investigadores del Cima y la Clínica Universidad de Navarra a estudiar la cuestión a nivel molecular. Se trata de una investigación que ha conseguido

la identificación de un grupo de proteínas capaz de predecir el pronóstico de los pacientes con los cánceres de pulmón más comunes (adenocarcinoma y carcinoma escamoso de pulmón). “El objetivo de este estudio es detectar aquellos pacientes de cáncer de pulmón que tienen mayor riesgo de recaer tras la cirugía. Para ello, hemos valorado la expresión de dos grupos de proteínas (tres en adenocarcinoma y cinco en carcinoma escamoso)”, señala el Dr. Luis Montuenga, investigador senior del Programa de Tumores Sólidos del Cima y responsable del grupo del CIBER de Oncología (CIBERONC).

Sin embargo, la cirugía solo es posible cuando el tumor es



Los doctores Luis Montuenga e Irati Garmendia, del Cima Universidad de Navarra, comentan la imagen microscópica de un adenocarcinoma.

diagnosticado en fases tempranas, en estadio I o II, una circunstancia que solo ocurre en menos del 20% de los casos. El cáncer de pulmón no produce síntomas hasta que se encuentra muy avanzado, por lo que el único método de detectarlo es mediante programas de cribado, que se desarrollan en pocos centros como la Clínica.

SEGUIMIENTO PERSONALIZADO. Más de 500 muestras tumorales han sido analizadas durante este estudio. En concreto, se han examinado muestras de 318 pacientes con carcinoma escamoso y 239 con adenocarcinoma. Una cuantía que ha sido posible gracias a la colaboración entre la Clínica y el MD Anderson en Houston (Estados Unidos), junto a las series multicéntricas del CIBER de Enfermedades Respiratorias (CIBERES) y del ensayo clínico

internacional NATC, que han derivado muestras.

Publicados en las revistas internacionales *Thorax* y *Journal of Pathology* del ámbito de la medicina respiratoria y patología, los resultados confirman la influencia de estas proteínas. De forma específica, la elevada expresión conjunta de estas proteínas determina un peor pronóstico de los pacientes con cáncer de pulmón.

“Estos datos son especialmente útiles para orientar un seguimiento personalizado, de manera que los especialistas clínicos puedan plantearse iniciar un tratamiento de quimioterapia complementario después de la cirugía en los pacientes quirúrgicos de mayor riesgo, aunque se encuentren en estados iniciales”, reconoce el especialista.

Al mismo tiempo, los datos preliminares obtenidos de las

muestras de adenocarcinoma sugieren que estos grupos de proteínas podrían llegar a predecir la respuesta de dichos pacientes a la quimioterapia. Unos resultados que se confirmarán aplicando esta “firma molecular” en series multicéntricas internacionales.

MÉTODO AUTOMATIZADO. Gracias al sistema de cuantificación empleado en el estudio, con un método muy sencillo, se espera que se pueda acelerar su posible implantación en la práctica clínica. “Está basada en inmunolocalización de proteínas, una técnica que se lleva a cabo en prácticamente todos

El objetivo es detectar aquellos pacientes con cáncer de pulmón que tienen mayor riesgo de recaer tras la cirugía.

los laboratorios de Anatomía Patológica del mundo. Nuestro trabajo se centra ahora en buscar herramientas para optimizar la tecnología de detección y poner en marcha sistemas de análisis automatizados que permitan la cuantificación robusta de estas proteínas”, explica el Dr. Montuenga.

Un trabajo multidisciplinar, que formó parte de la tesis doctoral de Elena Martínez-Terroba codirigida por los Dres. M^a José Pajares y Luis Montuenga, en el que colaboran investigadores de Tumores Sólidos y de Imagen del Cima, así como especialistas de Anatomía Patológica, Neumología, Oncología y Cirugía Torácica de la Clínica, junto con investigadores de otros centros españoles e internacionales. Además, ha sido financiado por la Fundación Científica de la AECC, entre otras instituciones.