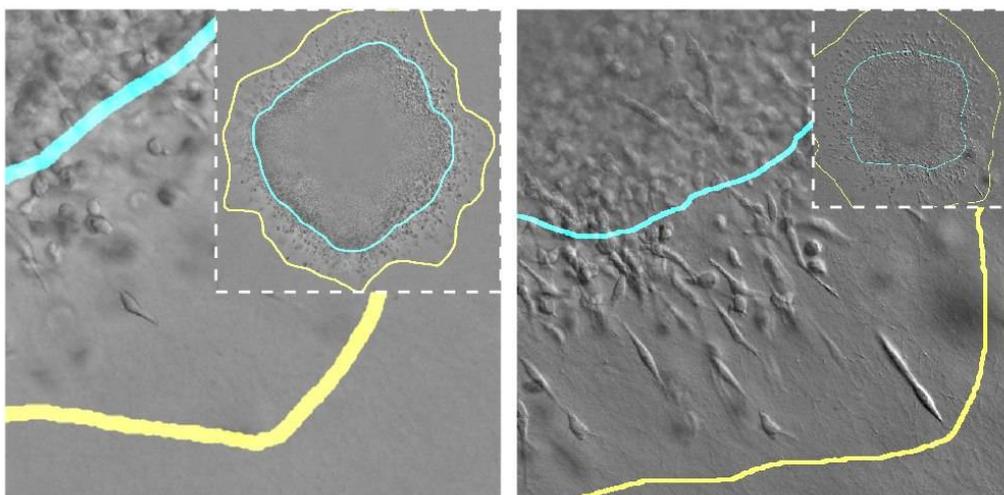


Este modelo computacional simula el crecimiento biomecánico de los tumores de mama

La herramienta, creada por investigadores de España y EE UU, ayudará a predecir la evolución del cáncer en pacientes a partir de las propiedades mecánicas y del área donde se desarrolla, que se pueden conocer a través de una biopsia o técnicas de imagen.

SINC

20/3/2024 13:20 CEST



Células tumorales invadiendo el tejido circundante bajo distintas condiciones mecánicas. La línea azul indica el contorno del tumor sólido y la amarilla el espacio invadido por células tumorales que se desprenden del tumor. / UC3M

Científicos de la Universidad Carlos III de Madrid (UC3M) y de la Johns Hopkins University (EE UU) han analizado el **crecimiento de los tumores de mama** desde una perspectiva biomecánica y han creado un **modelo computacional que simula el proceso de invasión de las células cancerosas**, en función de las características del tejido circundante y de las uniones celulares, entre otros parámetros.

Este tipo de modelos ayudarán a predecir el progreso de un tumor en pacientes a partir de las propiedades mecánicas (la rigidez, densidad, etc.) y del área donde se desarrolla, que se pueden conocer a través de una **biopsia** o técnicas de imagen.

Apoyados en modelos experimentales *in vitro*, el equipo ha desarrollado un modelo que permite simular en un ordenador el crecimiento de tumores

El proceso de crecimiento de un tumor sólido implica su expansión a través del tejido circundante, compuesto habitualmente de una matriz fibrilar (por ejemplo, colágeno). Su expansión depende de muchos factores, como el número total de células del tumor, su volumen y rigidez, su acceso a nutrientes y las propiedades mecánicas del tejido donde se desarrolla.

Apoyados en modelos experimentales *in vitro*, el equipo ha desarrollado un modelo que permite simular en un ordenador el crecimiento de tumores teniendo en cuenta estos factores.

“En este modelo hemos simulado cómo las células de un tumor de mama se multiplican e invaden el tejido a su alrededor, y cómo se reproducen más o menos según la rigidez y porosidad del tejido alrededor o lo fuertes que sean las uniones de unas células con otras”, explica **Daniel García González**, profesor de la UC3M y responsable del proyecto ERC 4D-BIOMAP.

Para ello, los investigadores han trabajado con esferoides, que son agrupaciones de células tumorales con diferentes características que están embebidas en una matriz y que funcionan como un modelo, simulando cómo se comportan las células en un cáncer real.

“Son sistemas muy potentes que se están utilizando cada vez más para hacer estudios sobre el comportamiento de los tumores y también para estudios de posibles terapias”, afirma **Arrate Muñoz-Barrutia**, catedrática en el Departamento de Bioingeniería de la UC3M.

Matemáticas para la proliferación del cáncer

Gracias a estos esferoides, los investigadores han podido modificar en el laboratorio ciertos aspectos biológicos o mecánicos de estos tumores y evaluar cómo estas variables influyen en la proliferación y migración de las células. Posteriormente, han transformado estas observaciones en ecuaciones matemáticas que han implementado en un modelo computacional.

De esta manera, podían comprobar en paralelo (en el simulador en el ordenador y en el modelo experimental con los esferoides en el laboratorio) el comportamiento de las variables que afectan al crecimiento de estos tumores.

“Nuestros nuevos esferoides con varios compartimentos permitieron ajustar las propiedades biomecánicas del sistema al controlar la densidad de colágeno y la expresión de E-cadherina, que desempeñan un papel en la progresión del cáncer de mama. Fue muy emocionante ver el desarrollo de estos procesos desde perspectivas tanto experimentales como computacionales”, indica **Denis Wirtz**, de la Johns Hopkins.

“ Si sabemos cuáles son los parámetros mecánicos que afectan a

que el tumor crezca más o menos, entonces podríamos utilizar esos datos para mejorar el tratamiento o desarrollar nuevos fármacos a medio o largo plazo

”

Daniel García González (UC3M)

“Mientras que experimentalmente la proliferación y la invasión a menudo se miden como dos parámetros independientes, observamos un fuerte acoplamiento de estos procesos. El modelo computacional permitió estudiar estos procesos de manera independiente y obtener información sobre las propiedades biomecánicas de nuestro sistema”, apunta **Ashleigh Crawford**.

Aplicaciones para el futuro

Las aplicaciones de este estudio resultan prometedoras, según los investigadores. “Si sabemos cuáles son los parámetros mecánicos que afectan a que el tumor crezca más o menos, entonces podríamos utilizar esos datos para mejorar el tratamiento o desarrollar nuevos fármacos a medio o largo plazo”, comenta García González.

“Pensamos que estos estudios abren las puertas a desarrollos de tecnologías que permitan caracterizar la mecánica del tumor, lo que puede añadir información relevante para la elección de terapia para el cáncer”, concluye Muñoz-Barrutia.

Referencia:

Crawford A.J. Gomez-Cruz, C. Russo G. C. Huang, W. Bhorkar I. Roy, T, Muñoz-Barrutia, A. Wirtz, D. Garcia-Gonzalez, D. (2024). Tumor proliferation and invasion are intrinsically coupled and unraveled through tunable spheroid and physics-based models. Acta Biomaterialia, Volume 175, Pages 170-185, ISSN 1742-7061. <https://doi.org/10.1016/j.actbio.2023.12.043>

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

CÁNCER | MODELO COMPUTACIONAL | CÁNCER DE MAMA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)