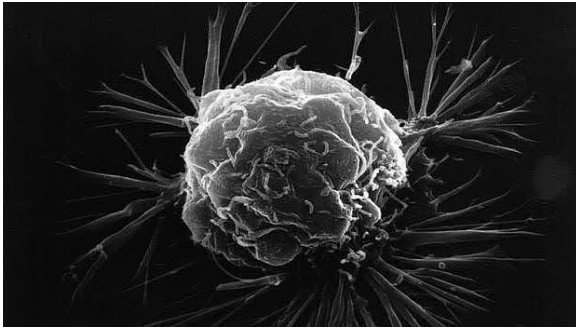


Descubren cómo saber si la quimioterapia será eficaz sin que el paciente tenga que tomarla

Las líneas celulares tumorales obtenidas en un paciente permiten saber si este responderá o no a un fármaco



Célula de cáncer de mama

Las enfermedades oncológicas constituyen, tras las cardiovasculares, la primera causa de muerte entre la población de nuestro país. Y es que cada tumor, como cada paciente, es un mundo, por lo que resulta muy difícil de tratar. De hecho, no todos los tumores, ni todos los pacientes, responden a los mismos fármacos. Una situación que en muchos casos se desconoce hasta que el enfermo ya ha iniciado el tratamiento, que no solo acaba resultando ineficaz sino que se acompaña de efectos adversos muy importantes. Sin embargo, un nuevo estudio dirigido por investigadores del [Instituto Sanger Wellcome Trust](#) de Cambridge (Reino Unido) y del [Instituto Europeo de Bioinformática](#) (EMBL-EBI) en Hinxton (Reino Unido) podría haber dado con la clave para predecir cómo responderá un individuo a cada fármaco, lo que podría utilizarse no solo para evitar que el paciente reciba tratamientos que, en su caso, resultan ineficientes, sino también para el desarrollo de terapias dirigidas más precisas.

Concretamente, el estudio, publicado en la revista «[Cell](#)», muestra que las líneas celulares derivadas de un paciente portan las mismas mutaciones genéticas que se encuentran en sus tumores, lo que puede utilizarse para predecir la probabilidad de respuesta de cada tumor a los nuevos fármacos, aumentando así la tasa de éxito para el desarrollo de nuevos tratamientos oncológicos personalizados.

Como explica Mathew Garnett, director de la investigación, «en nuestro trabajo comparamos las características genéticas de, por una parte, los tumores que presenta un paciente y, por otra, las líneas celulares cultivadas en el laboratorio a partir del propio paciente. Y lo que observamos es que las líneas celulares portan las mismas mutaciones genéticas que provocan la aparición del tumor en ese paciente. En consecuencia, **es posible llevar a cabo pruebas de sensibilidad**

farmacológica en las líneas celulares para descubrir cómo un tumor responderá a cada fármaco».

Células, que no pacientes

El nuevo estudio es el más grande realizado hasta la fecha con la combinación de datos moleculares de los pacientes, líneas de células tumorales y análisis de sensibilidad a los fármacos. Y para ello, los autores analizaron la presencia de mutaciones asociadas al cáncer en las muestras de más de 11.000 pacientes con 29 tipos distintos de cáncer.

Los resultados permitieron elaborar un 'catálogo' de mutaciones asociadas al cáncer y desarrollar un mapa de estas alteraciones genéticas en cerca de un millar de líneas celulares. Posteriormente, los investigadores trataron las líneas celulares con 256 fármacos anticancerígenos para ver la respuesta farmacológica –o lo que es lo mismo, la posible alteración de la sensibilidad a los fármacos– asociada a la presencia de cada una de las mutaciones.

Las líneas celulares portan las mismas mutaciones genéticas que provocan la aparición del tumor en ese paciente **Mathew Garnett**

Los resultados demostraron que **la mayoría de alteraciones genéticas halladas en los tumores también se encuentran en las líneas celulares de los pacientes**. En consecuencia, el estudio abre la puerta a la posibilidad de emplear las líneas celulares para identificar qué fármaco es mejor para cada paciente. O lo que es lo mismo, para descartar aquellos tratamientos que no provocarán ninguna mejoría –pero sí muchos efectos secundarios.

Medicina más personalizada

Sin embargo, y a pesar de que el estudio podría facilitar la evaluación de la sensibilidad que presenta cada paciente a cada fármaco, la primera aplicación práctica que derivará de los resultados será analizar la eficacia de los nuevos fármacos aún en fase de investigación. Y es que como explica Francesco Iorio, co-autor del estudio, «si una célula celular presenta las mismas características genéticas del tumor del paciente y, además, esta línea celular responde a un fármaco específico, entonces podremos basarnos en este hallazgo para el desarrollo de nuevas investigaciones».

No en vano, la mayoría de alteraciones moleculares detectadas en los millares de muestras de pacientes oncológicos pueden, ya sea de forma individual como combinada, alterar la manera en la que las células tumorales responden a un fármaco. Es decir, las líneas celulares también pueden ser utilizadas para probar los fármacos aún en fase de investigación o, incluso, aún por desarrollar. Unos estudios que, a día de hoy, se llevan a cabo directamente con los pacientes.

Como concluye Ultan McDermott, co-autor de la investigación, «necesitamos mejores formas para descubrir qué grupos de pacientes presentan una mayor probabilidad de respuesta a un nuevo fármaco sin tener que llevar a cabo ensayos clínicos muy complejos y costosos. Nuestro trabajo muestra que las líneas

celulares tumorales portan las mismas alteraciones moleculares observadas en los tumores, por lo que pueden usarse para predecir cómo un tumor responderá ante un fármaco. Dicho de otro modo, las líneas celulares podrían decirnos muchas más cosas acerca de cómo responderá un nuevo fármaco antes de que realicemos los estudios con los pacientes. **Esperamos que esta información ayude a diseñar ensayos clínicos en los que solo se incluyan a aquellos pacientes con mayores probabilidades de beneficiarse del tratamiento**».

Fuente: . Francesco Iorio, Theo A. Knijnenburg, Daniel J. Vis, ..., Julio Saez-Rodriguez, Ultan McDermott, Mathew J. Garnett. A Landscape of Pharmacogenomic Interactions in Cancer. *Cell*. [Volume 166, Issue 3](#), p740–754, 28 July 2016.

http://www.abc.es/salud/enfermedades/abci-descubren-como-saber-si-quimioterapia-sera-eficaz-sin-paciente-tenga-tomar-la-201607071659_noticia.html.