

Un algoritmo predice cómo interactúan los fármacos en 85 tipos de cáncer

Un modelo matemático, desarrollado por investigadores de la Universidad Rovira i Virgili de Tarragona, predice cuál sería la interacción entre 69 fármacos ante 85 tipos diferentes de cáncer. La tasa de aciertos es del 75 % y se puede utilizar para hacer predicciones en otros campos.

SINC

5/11/2019 09:30 CEST



El algoritmo tiene una tasa de aciertos de un 75 % . / URV

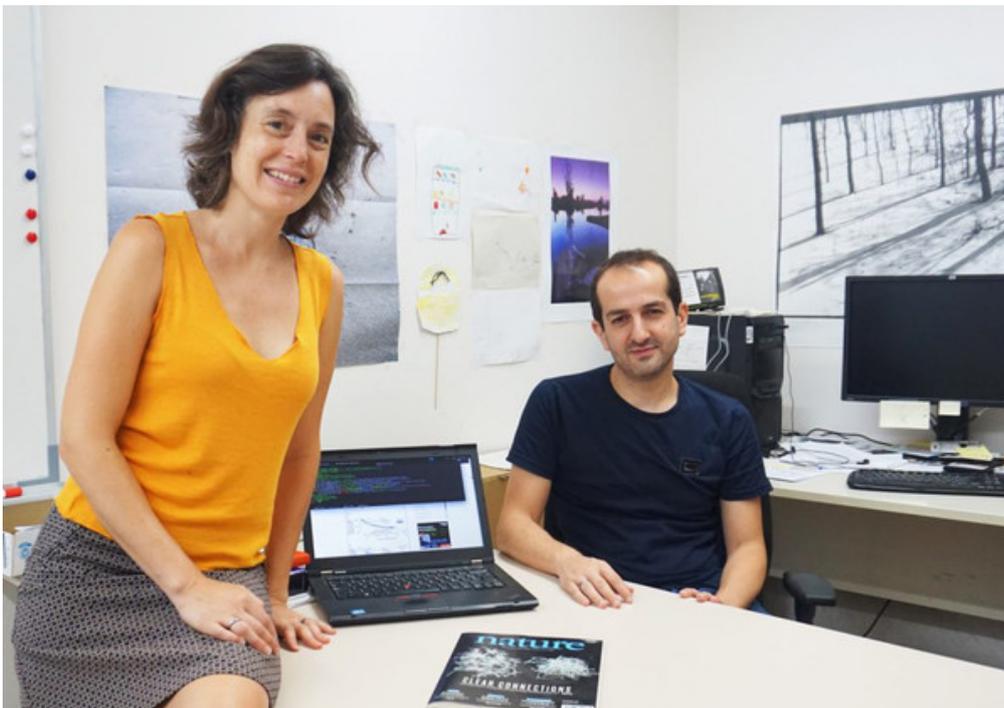
La efectividad de la mayoría de las terapias utilizadas contra el cáncer es de corta duración. Los tumores a menudo desarrollan resistencias y la combinación de diferentes fármacos podría ser la solución. Pero la variedad de medicamento y las diferentes combinaciones posibles pueden ser tantas que hacer pruebas en laboratorio y ensayos clínicos sin tener ningún indicio previo de los resultados acaba siendo material y económicamente inviable.

Investigadores de la Universitat Rovira i Virgili (URV) han desarrollado un método para predecir, con la máxima fiabilidad posible, cuál sería la interacción entre 69 fármacos ante 85 tipos diferentes de cáncer.

Los investigadores usaron un algoritmo de redes multicapa que permite hacer múltiples combinaciones

En esta iniciativa, impulsada por la farmacéutica AstraZeneca en formato de concurso, participaron 160 centros de investigación, instituciones e investigadores de todo el mundo. El equipo de la URV se situó entre los diez primeros.

Marta Sales, Roger Guimerà, Antonia Godoy y Marc Tarrés, del grupo de investigación SEES Lab del Departamento de Ingeniería Química de la URV, utilizaron un modelo matemático de redes multicapa que permite hacer múltiples combinaciones entre las interacciones que tenían los fármacos entre sí con los diferentes tipos de cáncer.



Marta Sala y Roger Guimerà forman el equipo investigador que participó en este proyecto./
URV

Tasa de aciertos del 75 %

Este algoritmo agrupa, por una parte, los cánceres que se parecen y, por otra,

incorpora otra capa que conforman los medicamentos que se comportan de manera similar.

Hay muchísimas combinaciones entre capas y nodos, y este sistema permite predecir de forma muy cuidadosa cómo serán las interacciones entre medicamentos en cada uno de los tipos de cáncer, con una tasa de aciertos del 75 %, sólo teniendo en cuenta las interacciones conocidas, sin necesidad de que intervengan otros parámetros biológicos.

"Se trata de un modelo muy sencillo, que tiene el valor añadido de que no está enfocado sólo a tratamientos contra el cáncer, sino que se puede aplicar también a otras variables y es muy fácil de entender", explica Roger Guimerà sobre este modelo, que describe todas las capas de forma simultánea, lo que permite aprovechar al máximo la información contenida.

En este sentido, este mismo modelo se ha utilizado, por ejemplo, para predecir si a un individuo le gustará una película o no, o si alguna persona decidirá cooperar con otra o competir.

Referencia bibliográfica:

"Community assessment to advance computational prediction of cancer drug combinations in a pharmacogenomic screen". *Nature Communications* (2019) 10:2674. DOI: [10.1038/s41467-019-09799-2](https://doi.org/10.1038/s41467-019-09799-2)

Derechos: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

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

