

Desarrollan un biomarcador que permitirá tratar de forma eficaz los cánceres más graves

Investigadores del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) y otras instituciones internacionales han puesto a punto un método para descifrar el caos genético de los cánceres más mortales y utilizar esta información para tratarlos de forma más eficaz.

SINC

15/6/2022 17:00 CEST



Geoff Macyntire y Bárbara Hernando, investigadores del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas que han participado en el estudio. / Laura M. Lombardía/CNIO

Un nuevo estudio, publicado esta semana en la revista [Nature](#), proporciona una serie de **biomarcadores** que podrían hacer posible elegir de forma mucho más personalizada la terapia óptima para los tumores con mayor tasa de mortalidad.

El método que describe el artículo facilita la detección de “huellas” en el genoma de los tumores que permiten conocer el mecanismo mutacional que causa su desarrollo y, gracias a ello, posibilita identificar la vulnerabilidad de

estos tumores contra la que dirigir el tratamiento.

El nuevo método facilita la detección de “huellas” en el genoma de los tumores que permiten conocer el mecanismo mutacional causante de su desarrollo, lo que posibilita identificar la vulnerabilidad contra la que dirigir el tratamiento

Conocer la identidad genómica de los cánceres más agresivos facultará, primero, diagnósticos más precisos y, segundo, una elección del tratamiento más óptimo para cada paciente, algo que hasta ahora era muy difícil para estos tipos de cáncer.

La investigación ha sido codirigida por **Geoff Macintyre**, jefe del grupo de Oncología Computacional del CNIO, y **Florian Markowitz**, investigador senior del Cancer Research UK Cambridge Institute (Reino Unido), y en él ha participado también la científica del centro español, **Bárbara Hernando**, además de investigadores de otros centros británicos, canadienses, belgas y alemanes.

El trabajo se centra en descifrar la llamada **inestabilidad cromosómica**, una de las señas de identidad de los cánceres más agresivos. En condiciones normales, las células del cuerpo, al dividirse, se aseguran de que las células hijas tengan el número correcto de cromosomas. Sin embargo, una célula cancerosa suele presentar pérdidas o ganancias de fragmentos cromosómicos o cromosomas enteros, y por tanto sus genomas no tienen la cantidad de material genético adecuado.

Esta investigación ha caracterizado las causas, la diversidad y el alcance de la inestabilidad cromosómica asociada a los tumores más graves

Este **caos genético**, causado por un mecanismo conocido como **inestabilidad genómica**, se detecta en mayor medida en cánceres más

graves, aquellos que tienen las cifras más altas de mortalidad. Por tanto, mayores niveles de inestabilidad genómica están asociados con estadios más avanzados del cáncer, peores pronósticos de curación, metástasis y resistencia a las terapias comúnmente utilizadas en clínica contra estos tumores agresivos.

La inestabilidad cromosómica es un fenómeno biológico muy complejo porque tiene causas variadas y ocasiona múltiples consecuencias. Debido a ello, hasta ahora, cuando se detecta un tumor, el diagnóstico clínico se limita a señalar si este tiene alta o baja inestabilidad cromosómica pero no entra a analizar ni el alcance ni las causas de esa inestabilidad genómica. Y eso es precisamente lo que, a partir de ahora, permite hacer el trabajo realizado por los autores.

La investigación ha caracterizado las **causas, la diversidad y el alcance de la inestabilidad cromosómica** asociada a los **tumores más graves**. Pero el trabajo va mucho más allá porque relaciona cada tipo diferente de inestabilidad cromosómica con las características que presenta la enfermedad en los pacientes oncológicos. Conocer en profundidad cada tumor concreto posibilitará que tanto el diagnóstico como el tratamiento elegido sean mucho más precisos.

Poder usar la medicina de precisión

En la actualidad, el tratamiento más avanzado para el cáncer se basa en la llamada **medicina de precisión** que permite elegir la terapia de forma ajustada a las características genéticas y moleculares del tumor de cada paciente. El problema con los tumores con alta inestabilidad cromosómica es que no permitían utilizar este tipo de medicina de forma eficaz porque en ellos no hay un solo gen 'defectuoso' sino muchos.

Los patrones de inestabilidad cromosómica identificados servirán de biomarcadores oncológicos para el diagnóstico de los tumores más agresivos y, sobre todo, a la hora de elegir la terapia más adecuada para combatirlos

El trabajo del equipo acaba con esta imposibilidad porque establece un **catálogo de patrones de inestabilidad cromosómica** que podrán identificarse al hacer el diagnóstico.

Cada uno de esos patrones tiene asociada información sobre su posible respuesta ante los medicamentos habitualmente utilizados frente a los diferentes tipos de tumores e identificación de otros posibles objetivos farmacológicos. Lo que quiere decir que estos patrones servirán de biomarcadores oncológicos de enorme utilidad para el diagnóstico de los tumores más agresivos y, sobre todo, a la hora de elegir la terapia más adecuada para combatirlos.

7.880 muestras de tumores de 33 tipos de cáncer

Ccomo explica Macyntire, codirector de la investigación: “Nuestros biomarcadores pueden **prever la eficacia que van a tener las terapias** sobre un tumor concreto. Para obtener estos patrones de los diferentes caos genómicos, hemos analizado la inestabilidad cromosómica de 7.880 muestras de tumores de 33 tipos de cáncer diferentes”.

Los autores han puesto en marcha una empresa, spin off, llamada **Tailor Bio**, radicada en Reino Unido y que ha licenciado una **patente** sobre el método descrito en el artículo de *Nature*, además de otra patente obtenida sobre un trabajo previo que el equipo desarrolló en la misma línea de trabajo. La intención de los investigadores con estos pasos es que este avance comience a ser utilizado en la **práctica clínica** lo antes posible.

Referencia:

Ruben M. Drews, Geoff Macyntire et al. “[A pan-cancer compendium of chromosomal instability](#)”. *Nature*, 2022.

Derechos: **Creative Commons**.

Creative Commons 4.0

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