

Cáncer: algoritmo predice los mejores tratamientos

Un algoritmo desarrollado por expertos del Instituto de Investigación en Biomedicina de España puede predecir qué fármacos serán más efectivos para el tratamiento de enfermedades genéticas y del cáncer. El modelo computacional predictivo desarrollado es una herramienta de uso público llamada RTDetective y permite acelerar el diseño, desarrollo y eficacia de ensayos clínicos para una amplia variedad de trastornos causados por

mutaciones en el ADN que provocan la síntesis de proteínas truncadas o incompletas.

Los hallazgos, publicados ayer en Nature Genetics, marcan un paso importante en la personalización del tratamiento al emparejar a los pacientes con el fármaco más prometedor.

Los investigadores usaron el algoritmo para predecir la efectividad de diferentes fármacos para cada una de los 32,7 millones de posibles señales de bloqueo

que pueden generarse en el genoma humano.

Se predijo que al menos uno de los seis fármacos probados lograría un incremento del 1% de lectura en el 87,3% de todas las posibles señales de bloqueo, y un incremento del 2% en casi el 40% de los casos.

Los resultados, aseguran los autores, son prometedores porque porcentajes más altos de lectura generalmente se correlacionan con mejores resultados terapéuticos. 