
Anatomía patológica y genética: un futuro compartido
Pathology and Genetic Anatomy: a shared future

J.C. Cigudosa*

En estos días parece más que evidente que las diferentes disciplinas biomédicas, como la histopatología, la inmunología, la bioquímica, la oncología o la genética, están desdibujando sus límites y convergemos hacia un concepto integrador de medicina molecular. El viejo axioma, con cierto predicamento entre los patólogos, de “las alteraciones genéticas son un epifenómeno en el cáncer” está, afortunadamente, desterrado. De esta simbiosis entre las diferentes especialidades están surgiendo nuevas clasificaciones de los tipos tumorales. La Organización Mundial de la Salud continua renovando los criterios diagnósticos de los diferentes tipos de tumores, incluyendo, siempre que es posible, las alteraciones genéticas como uno de los elementos esenciales en esos criterios. Los resultados se han reflejado en el avance, tanto de la esperanza de vida, como las tasas de curación de los pacientes oncológicos. Al margen de los descubrimientos y avances de la investigación farmacéutica, nunca está de más recordar que un diagnóstico acertado es la piedra angular del éxito de la terapia.

Sin duda alguna, uno de los mayores avances es la generación de tecnologías que permiten el análisis masivo de la expresión de miles de genes. Estas herramientas, conocidas como microarrays de expresión o biochips, y sus derivadas, como los microarrays de tejidos (o *tissue-arrays*) nos conducirán hacia la medicina individualizada. Sin embargo, y siendo realistas, hará falta bastante tiempo para que ese tipo de tecnología se incorpore a la realidad hospitalaria. No porque la tecnología no sea robusta, que lo es, sino porque la cantidad de datos que produce es de tales dimensiones que la normalización y homogeneización de los resultados necesitará de bastante tiempo para su validación experimental y clínica.

* Unidad de Citogenética. Centro Nacional de Investigación Oncológica.

¿Qué haremos durante este tiempo? En este número de la revista aparecen dos revisiones sobre una tecnología que incorpora elementos de la genética, las alteraciones cromosómicas y/o genéticas, y los localiza en células identificadas mediante marcadores inmunohistoquímicos. La técnica se denomina FICTION y consiste en identificar mediante anticuerpos un tipo celular de interés y aplicar posteriormente sondas genéticas para determinar si esas células, previamente identificadas, son portadoras de alteraciones genéticas. Una de las revisiones se centra en neoplasias hematológicas y demuestra, con resultados sorprendentes, su utilidad para la clasificación de linfomas. La otra revisión apunta la posibilidad de utilizar esta técnica en el diagnóstico precoz del cáncer de pulmón, una necesidad clínica y terapéutica de primer orden.

La técnica de FICTION es altamente reproducible y no necesita un equipamiento diferente del habitual en un servicio de Anatomía Patológica. Sí que requiere, como es de esperar, un equipo multidisciplinar de genetistas y patólogos para su interpretación. Quizá éste sea uno de los mayores logros de la técnica, que permita, por fin, que los problemas de diagnóstico sean abordados de forma global entre todos los profesionales que se dedican a la biomedicina.

BIBLIOGRAFÍA

1. MOHR S, LEIKAUF GD, KEITH G, RHN BH. Microarrays as cancer keys: an array of possibilities. *J Clin Oncol* 2002; 20: 3165-3175.
2. LAKHANI SR, ASHWORTH A. Microarray and histopathological analysis of tumours: the future and the past? *Nat Rev Cancer* 2001; 1: 151-157.
3. HOOS A, CORDON-CARDO C. Tissue microarray profiling of cancer specimens and cell lines: opportunities and limitations. *Lab Invest* 2001; 81: 1331-1338.
4. WEBER-MATTHIEN K, WINKEMANN M, MCILLER-HERMELINK A, SCHLEGELBERGER B, GROTE W. Simultaneous fluorescence immunophenotyping and interphase cytogenetics: a contribution to the characterization of tumor cells. *J Histochem Cytochem* 1992; 40: 171-175.