

RESUMEN ARTICULO

NOMBRE:
ANELHY JASSMIN HERNANDEZ ZAPATA

GRUPO:
8" A"

MEDICINA HUMANA

DOCENTE:
HUGO NÁJERA MIJANGOS

FECHA: 04/03/2021

Resumen;

El cáncer es una enfermedad genética, resultante de la acumulación secuencial de mutaciones capaces de impulsar la transformación y, posteriormente, la progresión. Un tumor dado, dependiendo del tipo, puede contener varios miles de mutaciones, la mayoría de las cuales se definen como pasajeras, ya que no participan en el proceso oncogénico, sino que son una consecuencia colateral de la inestabilidad genética del cáncer gracias a su eficiencia y accesibilidad, la tecnología CRISPR / Cas9 ahora proporciona los medios para recrear fácilmente las mutaciones identificadas en los tumores de los pacientes, permitiendo así su caracterización funcional a través de ambos in vitro y en vivo modelos experimentales.

Han pasado años desde el comienzo de la revolución CRISPR / Cas9, pero el impacto de esta nueva tecnología en la investigación del cáncer ha sido tremendo. En comparación con los métodos anteriores para la edición del genoma basados en interacciones proteína-ADN, CRISPR / Cas9 es extremadamente más flexible y sencillo.

De hecho, para un científico del cáncer ahora es relativamente fácil recrear experimentalmente una mutación identificada en el tumor de un paciente y evaluar sus efectos en una línea celular o en el contexto de un organismo completo el CRISPR / Cas9 ya se ha utilizado para recapitular una amplia gama de eventos oncogénicos, desde la inactivación de un supresor de tumores o la mutación puntual de un protooncogén, hasta la delección de una secuencia no codificante o la generación de un reordenamiento cromosómico.

Tales modificaciones se han establecido tanto in vitro y en vivo, enfatizando así el extraordinario potencial de CRISPR / Cas9 en la generación de nuevos modelos de cáncer. Después de un período inicial en el que los esfuerzos se centraron principalmente en explorar las amplias posibilidades de esta tecnología, estos modelos ahora se pueden utilizar para dilucidar nuevos aspectos de la biología del cáncer.

De hecho, debería ser relativamente fácil evaluar directamente si una determinada mutación encontrada en tumores humanos puede realmente participar en el proceso tumorigénico y, por lo tanto, ser considerada como una De buena fe objetivo terapéutico. Más importante aún, los modelos CRISPR / Cas9 de tales mutaciones podrían usarse posteriormente para implementar pantallas de alto rendimiento para identificar nuevos medicamentos contra el cáncer.