



Una madre toma la temperatura de su hija enferma con un termómetro. / PNAS

AVANCE PEDIÁTRICO

Científicos de EEUU ensayan con éxito un análisis de sangre que logra identificar el origen de las infecciones infantiles y evitar así el uso inadecuado de antibióticos

El test que 'descifra' la fiebre

LAURA TARDÓN / Madrid

No han pasado ni tres semanas y la fiebre vuelve al ataque. Aunque puede tratarse de una otitis, lo más probable es que el malestar de su hijo se deba a un virus y, por lo tanto, el tratamiento no pasará por la receta de un antibiótico. En la práctica, no siempre resulta fácil distinguir una infección bacteriana —que sí se beneficia de estos medicamentos— de una vírica. Por eso, un grupo de científicos de la Universidad de Washington (Estados Unidos) acaba de diseñar un análisis de sangre «más preciso que el actual», aseguran, para ayudar a los médicos en esta tarea.

En la actualidad, los pediatras observan varios parámetros para tratar de averiguar el origen de la fiebre y determinar así el tratamiento: la edad, el grado de la fiebre, los síntomas, la cartilla de vacunas y, sobre todo, el estado general del niño. «Si en los periodos en los que la fiebre baja, el menor continúa irritable, cansado y decaído, seguramente estamos ante una infección bacteriana», explica Raquel Jiménez, pediatra del Hospital Niño Jesús de Madrid. Si el pequeño tiene menos de tres meses de edad, fiebres de más de 40°C o si no le han puesto la vacu-

na del neumococo, hay más riesgo de que su cuadro esté causado por una bacteria.

Por lo general, agrega la especialista, la mayoría de los procesos de infección con fiebre hasta los cinco o seis años son víricos. Según las estadísticas, «antes de los tres meses, las infecciones bacterianas graves suponen el 10% y entre los tres meses y los tres años, sólo el 2%». Atendiendo a los síntomas que los padres describen y a la exploración clínica, puede determinarse de qué tipo es la infección, pero hay casos, los denominados *fiebre sin foco*, según los investigadores de la Universidad de Washington, en los que es más difícil distinguir entre bacteria y virus, ya que no presentan «tos, ni diarrea, ni placas, ni infección de oídos, ni neumonía...».

Como explica Gregory Storch, principal autor de la investigación publicada en *Proceedings of the National Academy of Sciences*, «algunos de los niños que presentan fiebre sin causa aparente tienen infecciones bacterianas que si no se tratan con los antibióticos pertinentes pueden convertirse en graves o incluso peligrosas para su salud» (como sepsis o neumonías difíciles de tratar).

Como medida de precaución, argumentan los autores del estudio, «muchos niños con fiebre sin causa aparente son tratados con antibióticos, a pesar de que estos medicamentos no funcionan contra los virus y su prescripción excesiva contribuye a la aparición de resistencias».

Ante estos casos confusos, señala la especialista española, «podemos hacer un análisis de sangre —para ver

Diagnostica con un 90% de eficacia si la infección la causa un virus o una bacteria

los niveles de leucocitos, la proteína C reactiva y la procalcitonina— con el objetivo de intentar distinguir entre infección bacteriana y vírica». Cuando los valores son altos, añade, indican bacteria y si son bajos, apuntan a un virus. Pero los valores pueden resultar intermedios y entonces el diagnóstico no es tan claro.

Esta es una de las razones por las que el equipo de investigadores de

la Universidad de Washington, junto con expertos del hospital de St. Louis (en Missouri, ambos en Estados Unidos), han creado un nuevo método que, a partir de una muestra de sangre, analiza la actividad de los genes de los leucocitos en respuesta a las infecciones y, en función de la misma, determina si se trata de un virus o una bacteria. Se hace a través de un biochip o *microarray*, capaz de leer distintos patrones de expresión genética.

Lo probaron en 30 niños (con edades comprendidas entre los dos meses y los tres años) que presentaban fiebre de más de 38 grados sin otros síntomas ni causa aparente de enfermedad y, después de comparar los resultados con el método actual, observaron que la precisión de la nueva prueba alcanzaba el 90%, «mucho mejor que la convencional, que sólo es del 70%», concluyen los autores.

Este biochip, que aún no está aprobado para la práctica clínica, afirma Storch, «ayudaría a recetar los antibióticos sólo cuando son necesarios». Antes, agrega, «queremos refinar esta tecnología *microarray* para obtener resultados más rápidos y para que la prueba sea menos costosa económicamente».

Oncología / ADN

Los genes del cáncer, a golpe de clic

AINHOA IRIBERRI / Madrid
Especial para EL MUNDO

El Instituto Nacional del Cáncer de EEUU (NCI, por sus siglas en inglés) acaba de poner a disposición de la comunidad científica internacional abundante información genética sobre algunos de los tipos de cáncer más comunes, como el de pulmón, mama, próstata y riñón, entre otros.

La información, accesible a través de internet, procede de 60 líneas celulares analizadas por el equipo que dirigen Yves Pommier y Paul Meltzer y se ha publicado en *Cancer Research*. El objetivo de esta secuenciación masiva no es otro que identificar mutaciones específicas asociadas a los distintos tipos de cáncer y, lo que es más importante, fármacos que se dirijan contra ellas.

Concretamente, los investigadores identificaron dos tipos de variantes genéticas; las de *tipo 1* que correspondían a población sana y las de *tipo 2*, específicamente relacionadas con la enfermedad tumoral. Posteriormente, emplearon un algoritmo matemático para comprobar la sensibilidad de las variantes *tipo 2* a 103 fármacos contra el cáncer ya autorizados en EEUU y a otras 207 sustancias todavía en investigación. Esto permitió estudiar las correlaciones entre genes clave asociados al cáncer y fármacos oncológicos clínicamente relevantes y predecir el pronóstico.

Génesis de tumores

Por supuesto, este trabajo no es más que una mínima parte de lo que se puede hacer con la extensísima información que el NCI ha decidido hacer pública. Lo explica Pommier en un comunicado: «Abrir este conjunto de datos a investigadores de todo el mundo ampliará nuestro conocimiento y entendimiento sobre la génesis de los tumores, según se vayan descubriendo más aberraciones genéticas relacionadas con el cáncer».

Los autores consideran que la publicación de estos datos «se produce en un gran momento, cuando la medicina genómica se está convirtiendo en una realidad». Pommier, director del Laboratorio de Farmacología Molecular del NCI, confía en que esta información cambie la forma en que los fármacos se usan para hacer lo que se denomina medicina de precisión. De hecho, aunque la secuenciación del exoma de diferentes tumores ya se realiza en centros punteros (incluyendo españoles), esta base de datos pública ahorrará trabajo y optimizará la investigación.