

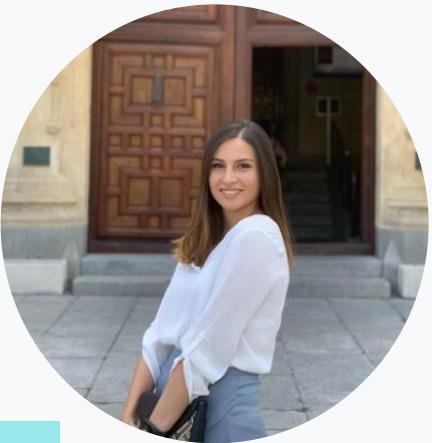
Diseño de vacunas contra el cáncer con Python

Helena Gómez Pozo y Marina Moro López



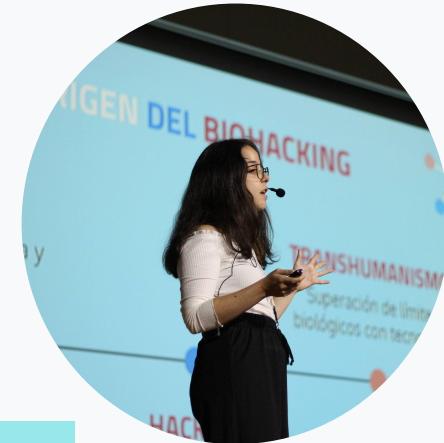


¿Quiénes somos?



**Helena
Gómez Pozo**

Bióloga sanitaria
Especialista en control de
calidad y regulatorio



**Marina
Moro López**

Ingeniera biomédica
Futura doctora en
biomedicina

Índice

1

Introducción al
cáncer

2

Vacunas contra
el cáncer

3

Caso práctico
con Python

4

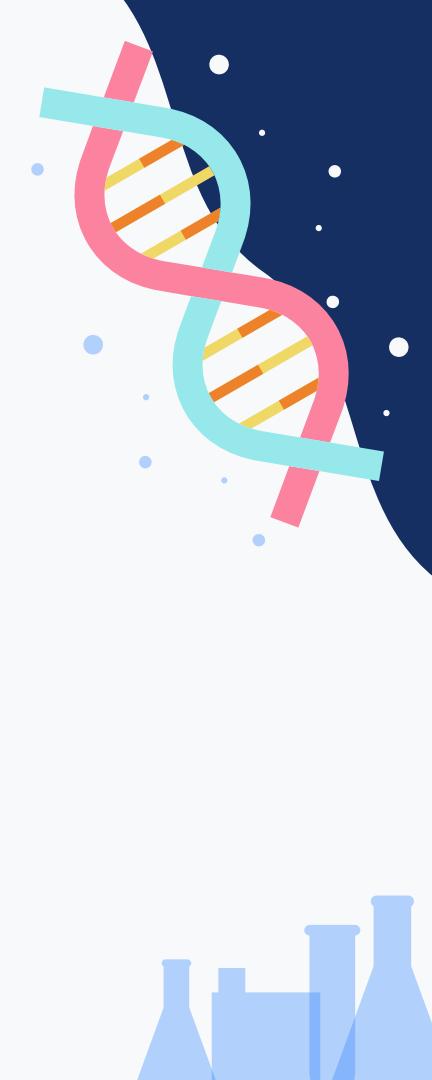
Comercialización
y regulación

5

Conclusiones



Ronda de
preguntas



1

Introducción al cáncer



¿Qué es el cáncer?

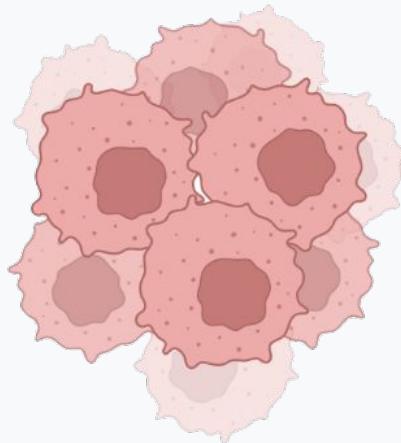
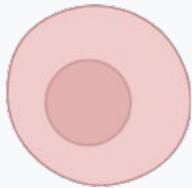
¿Qué es el cáncer?

Término genérico utilizado para designar un amplio grupo de enfermedades cuya característica definitoria es la multiplicación rápida de células anormales que se extienden más allá de sus límites habituales - OMS



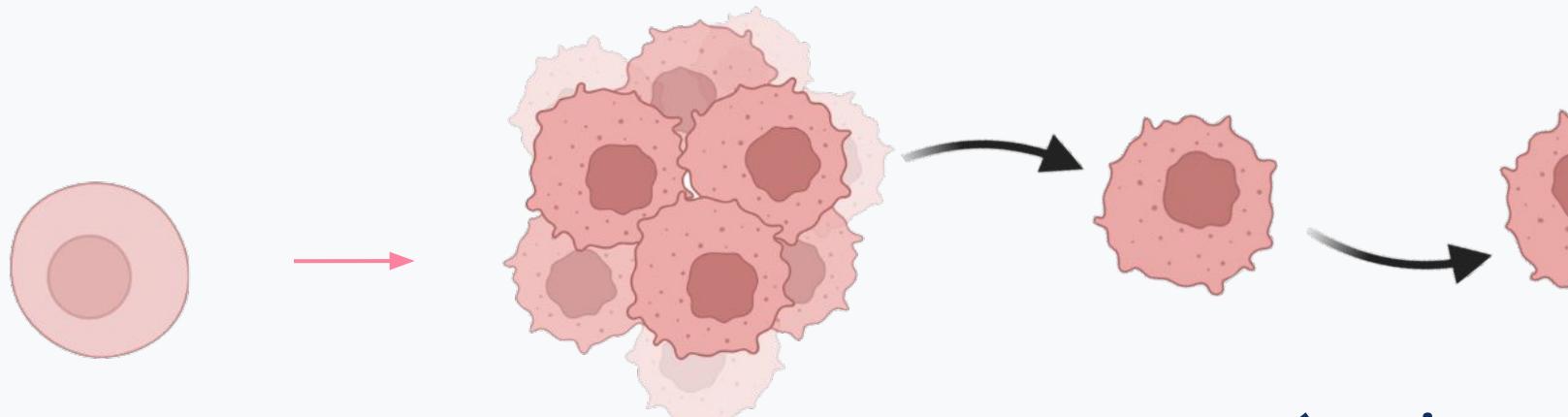
¿Qué es el cáncer?

Término genérico utilizado para designar un amplio grupo de enfermedades cuya característica definitoria es la multiplicación rápida de células anormales que se extienden más allá de sus límites habituales - OMS



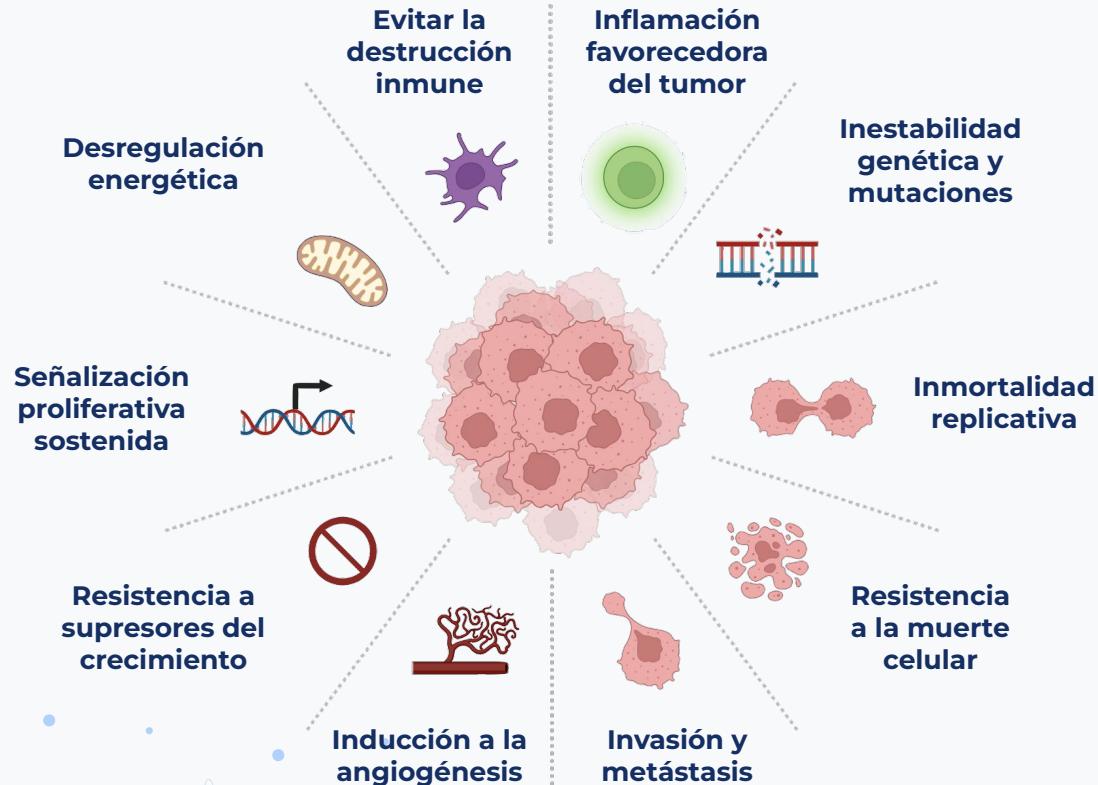
¿Qué es el cáncer?

Término genérico utilizado para designar un amplio grupo de enfermedades cuya característica definitoria es la multiplicación rápida de células anormales que se extienden más allá de sus límites habituales - OMS



Metástasis

¿Qué es el cáncer?



¿Cuál es el origen del cáncer?

¿Cuál es el origen del cáncer?



¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Genes supresores
de tumores

¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Herencia

Genes supresores
de tumores



¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Genes supresores
de tumores



Herencia



Fenómenos físicos

¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Genes supresores
de tumores



Herencia



Fenómenos físicos



Químicos

¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Genes supresores
de tumores



Herencia



Fenómenos físicos



Químicos



Virus

¿Cuál es el origen del cáncer?

Oncogenes



Genes supresores
de tumores



Herencia



Fenómenos físicos



Químicos

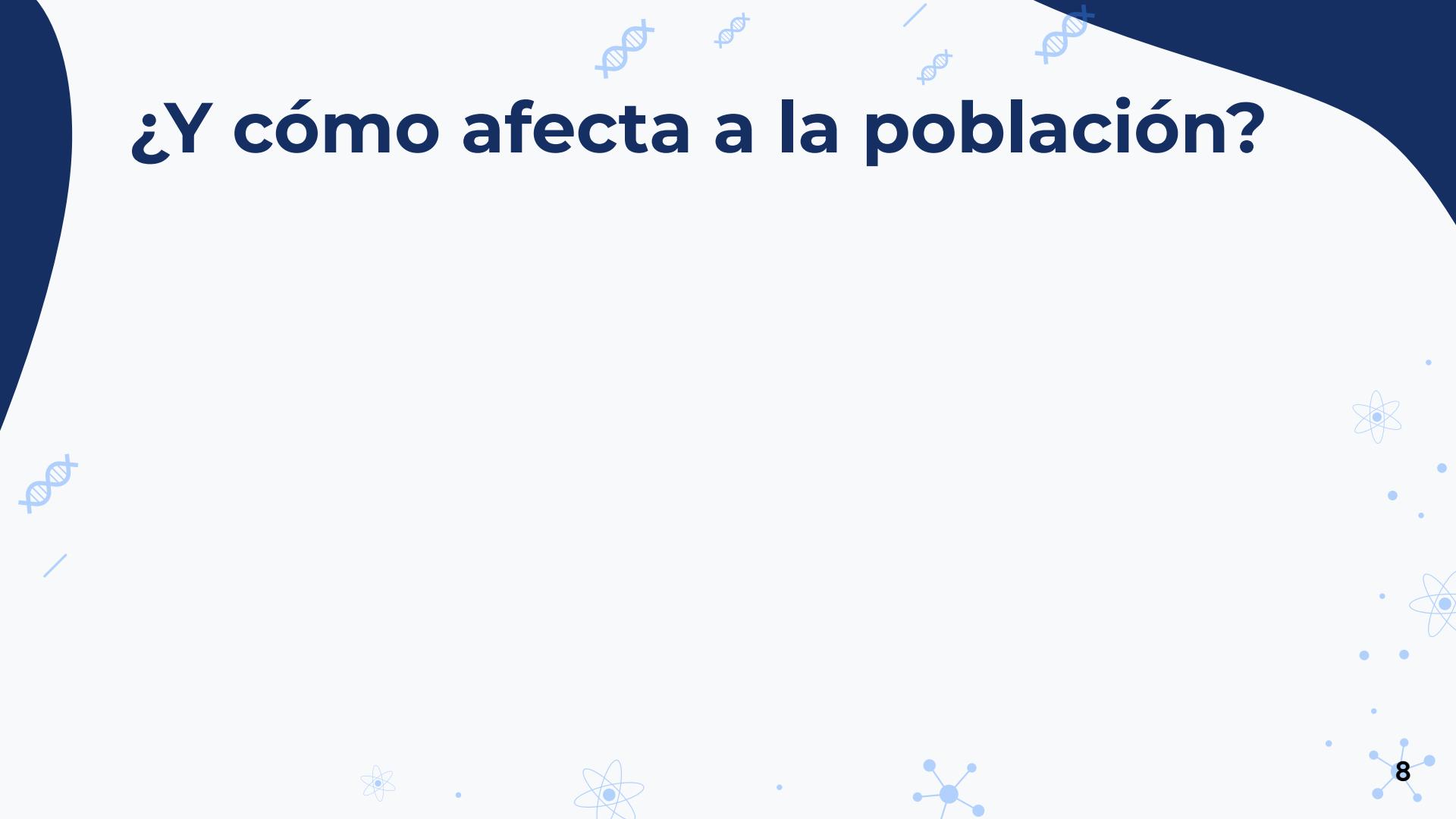


Virus



División celular

¿Y cómo afecta a la población?



¿Y cómo afecta a la población?

Frecuencia

¿Y cómo afecta a la población?

Frecuencia

2^a

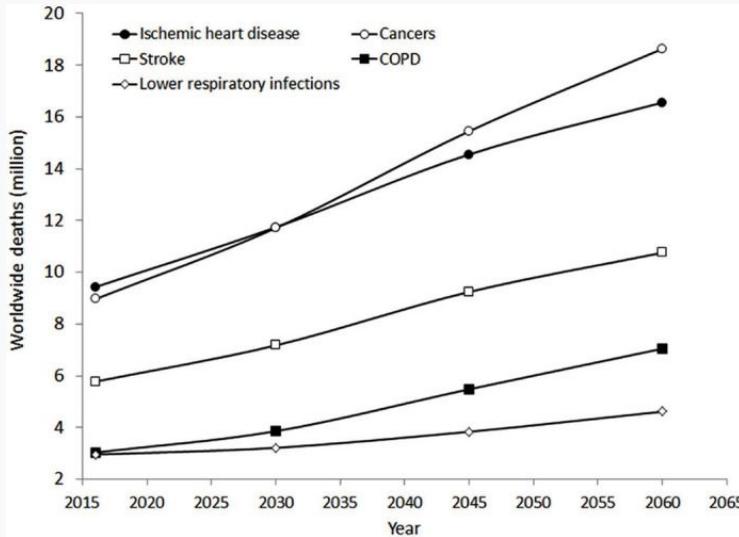
Causa de muerte en el mundo según la OMS

¿Y cómo afecta a la población?

Frecuencia

2^a

Causa de muerte en el mundo según la OMS



¿Y cómo afecta a la población?

Impacto

¿Y cómo afecta a la población?

Impacto

No sólo es un problema **médico**, sino también **psicológico, social, laboral, familiar y emocional**.

¿Y cómo afecta a la población?

Impacto

No sólo es un problema **médico**, sino también **psicológico, social, laboral, familiar y emocional**.



Dinero del individuo

20% de la renta anual

España

43% de gastos no cubiertos

8-10% de la renta anual

¿Y cómo afecta a la población?

Impacto

No sólo es un problema **médico**, sino también **psicológico, social, laboral, familiar y emocional**.



Dinero del individuo

20% de la renta anual

España

43% de gastos no cubiertos
8-10% de la renta anual



Incapacidad laboral

Pérdida de ingresos y
productividad

Reducción de 14-57,8% de la
carga de trabajo



¿Y cómo afecta a la población?

Impacto

No sólo es un problema **médico**, sino también **psicológico, social, laboral, familiar y emocional**.



Dinero del individuo

20% de la renta anual

España

43% de gastos no cubiertos
8-10% de la renta anual



Incapacidad laboral

Pérdida de ingresos y productividad

Reducción de 14-57,8% de la carga de trabajo



Deterioro de las relaciones

Limitaciones físicas y pérdida de autonomía

Nuevas dinámicas familiares y sociales



¿Por qué investigar el cáncer?

¿Por qué investigar el cáncer?

El **cáncer** es uno de los **primeros y más importantes** problemas de atención pública que imponen una **carga clínica** dramática, alteran los **estándares sociales** y erosionan una gran cantidad de **recursos** humanos y económicos.

2

Vacunas contra el cáncer



Terapias contra el cáncer



Terapias contra el cáncer

Cirugía



Terapias contra el cáncer

Cirugía

Radioterapia



Terapias contra el cáncer

Cirugía

Radioterapia

Quimioterapia



Terapias contra el cáncer

Cirugía

Terapia hormonal

Radioterapia

Quimioterapia



Terapias contra el cáncer

Cirugía

Radioterapia

Quimioterapia

Terapia hormonal

Inmunoterapia



Terapias contra el cáncer

Cirugía

Radioterapia

Quimioterapia

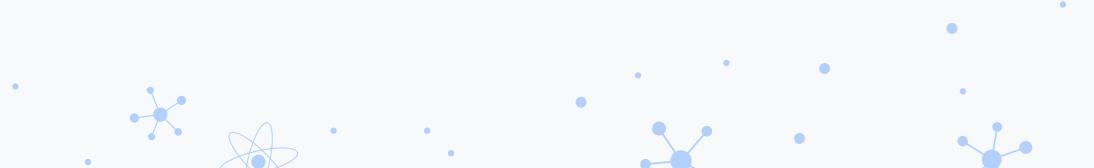
Terapia hormonal

Inmunoterapia

Terapia génica



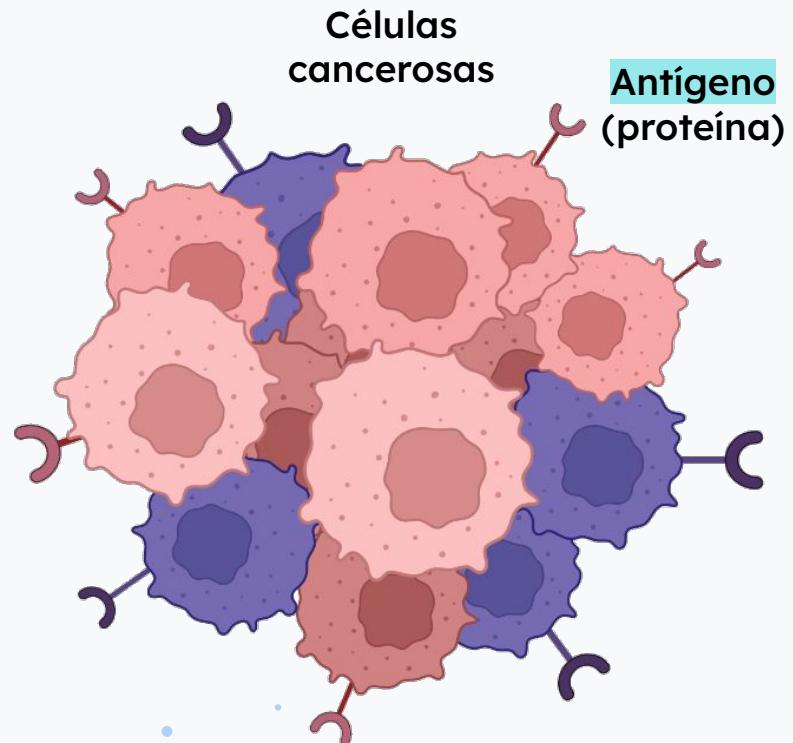
Estrategias de vacuna



Estrategias de vacuna



Antígenos específicos



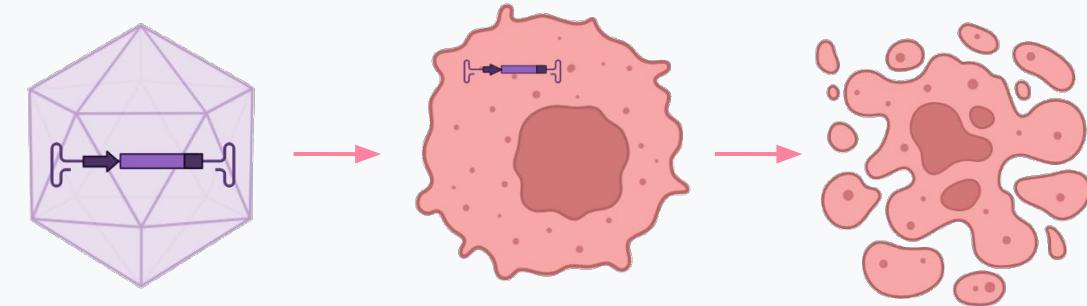
Estrategias de vacuna



Antígenos específicos



Virus modificados



Virus modificado
con gen de
apoptosis

Célula
cancerosa

Célula
cancerosa en
apoptosis

Estrategias de vacuna



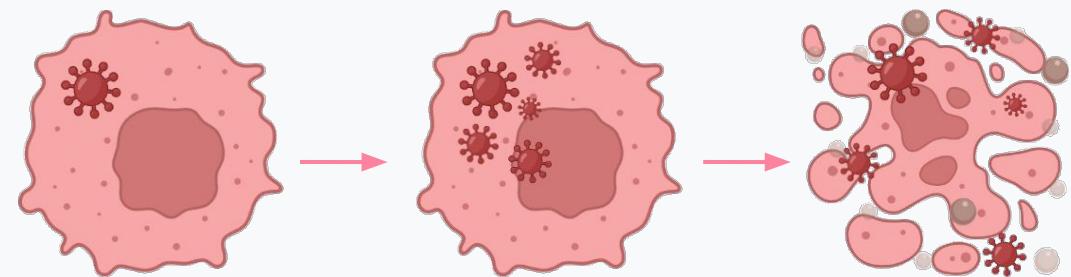
Antígenos específicos



Virus modificados



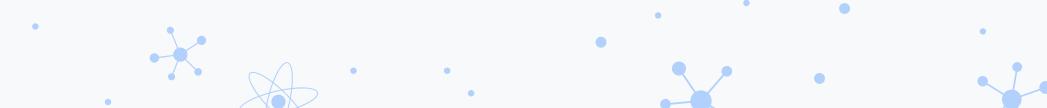
Virus oncolíticos



Célula cancerosa
con virus oncolítico

Replicación
vírica

Explosión de la
célula cancerosa



Estrategias de vacuna



Antígenos específicos



Virus modificados

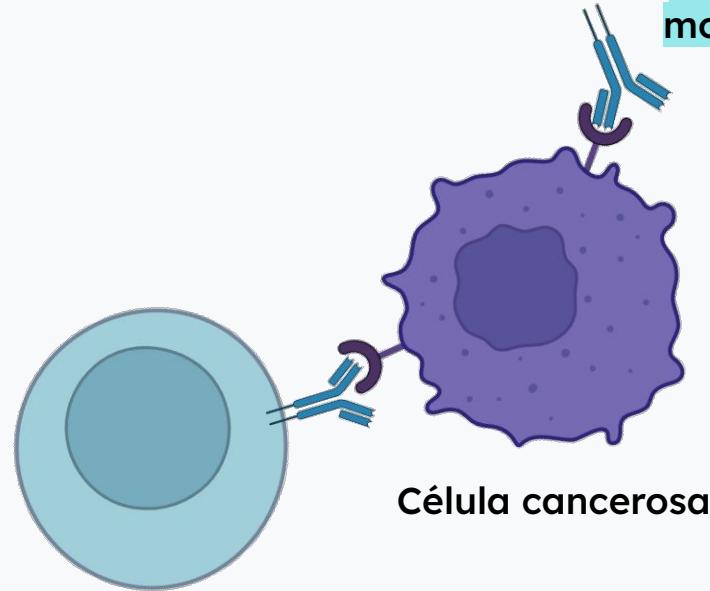


Virus oncolíticos



Anticuerpos monoclonales

Anticuerpo
monoclonal



Estrategias de vacuna



Antígenos específicos



Virus modificados



Virus oncolíticos

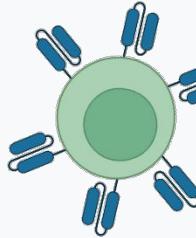
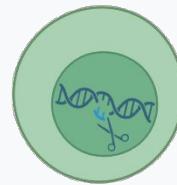


Anticuerpos monoclonales

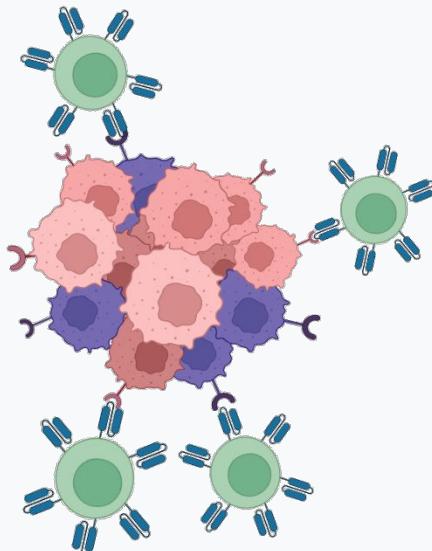


Células CAR-T

Glóbulo blanco modificado



Células cancerosas



Célula CAR-T
con receptores
de antígeno
químicos

Estrategias de vacuna



Antígenos específicos



Virus modificados



Virus oncolíticos

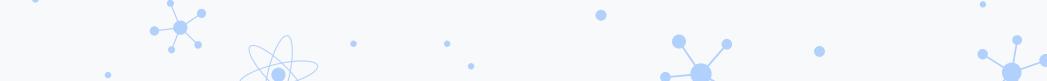


Anticuerpos monoclonales



Células CAR-T

Terapias combinadas
Terapias personalizables



3

Caso práctico con Python



Caso práctico

Virus oncolítico
+ células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en
gen E1 para el virus
Añadir gen CD19 en gen TRAC para las
células





Cromosoma - gen - ADN

Estructura que contiene
todos los genes





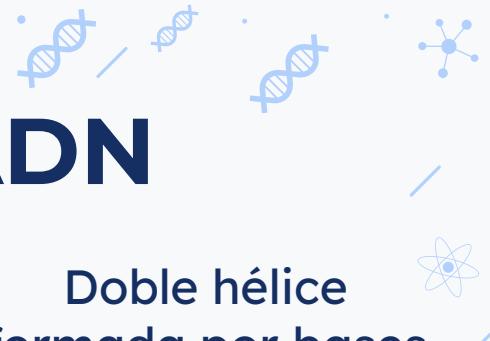
Cromosoma - gen - ADN

Estructura que contiene
todos los genes



Segmento de ADN que
determina un rasgo



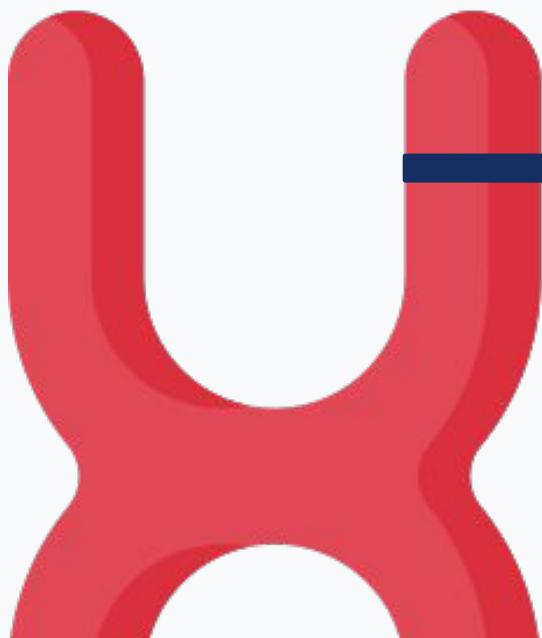


Cromosoma - gen - ADN

Estructura que contiene todos los genes

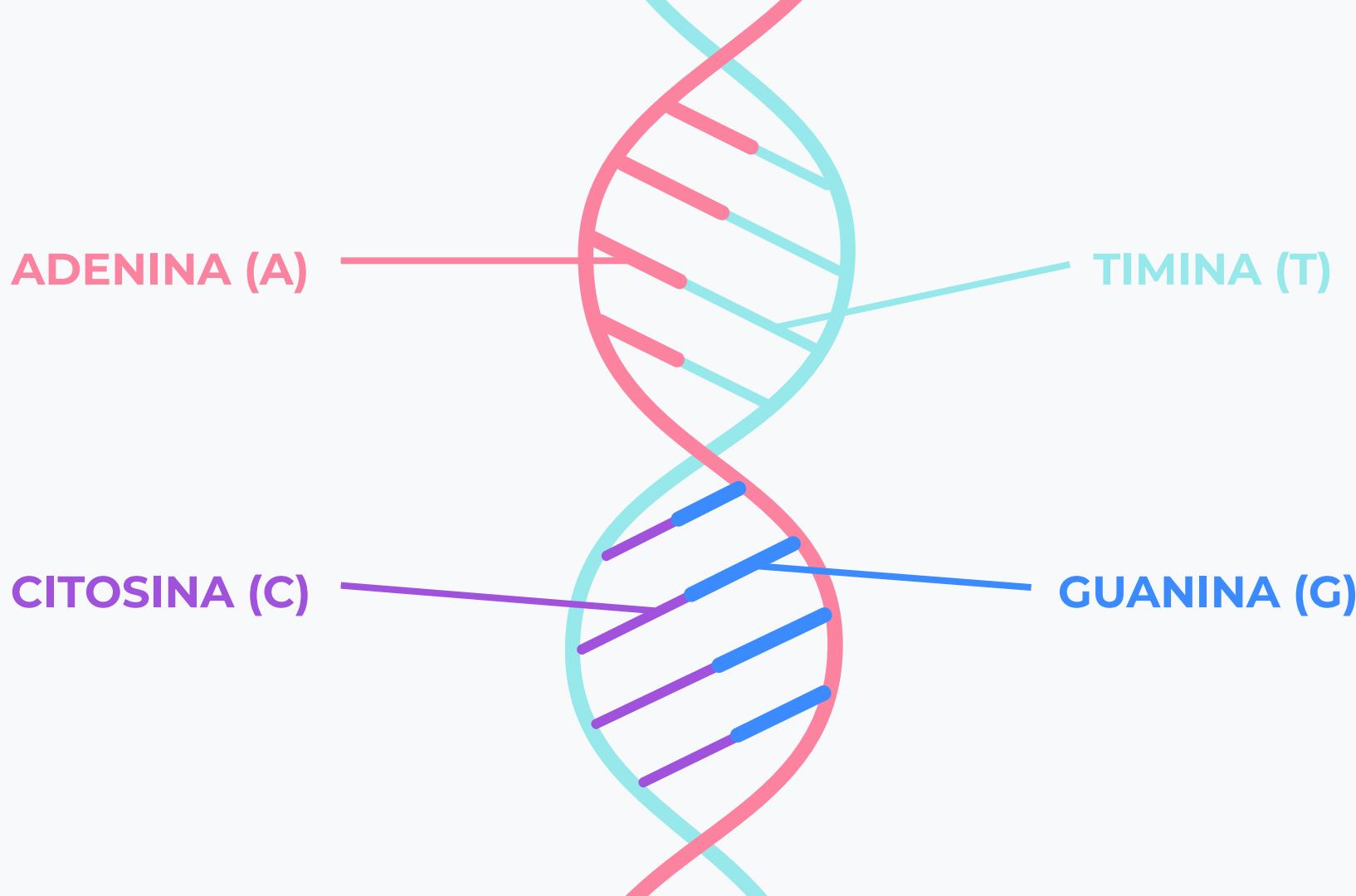


Segmento de ADN que determina un rasgo



Doble hélice formada por bases

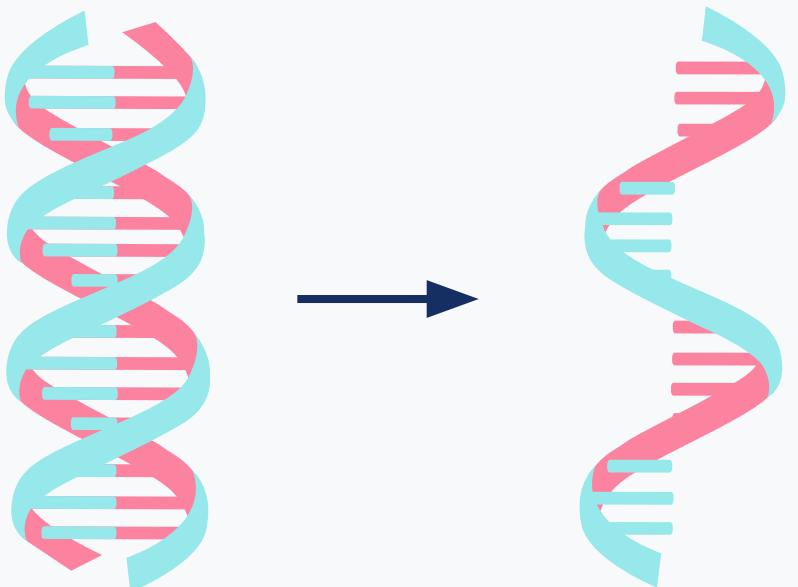




ADN - ARN - proteína

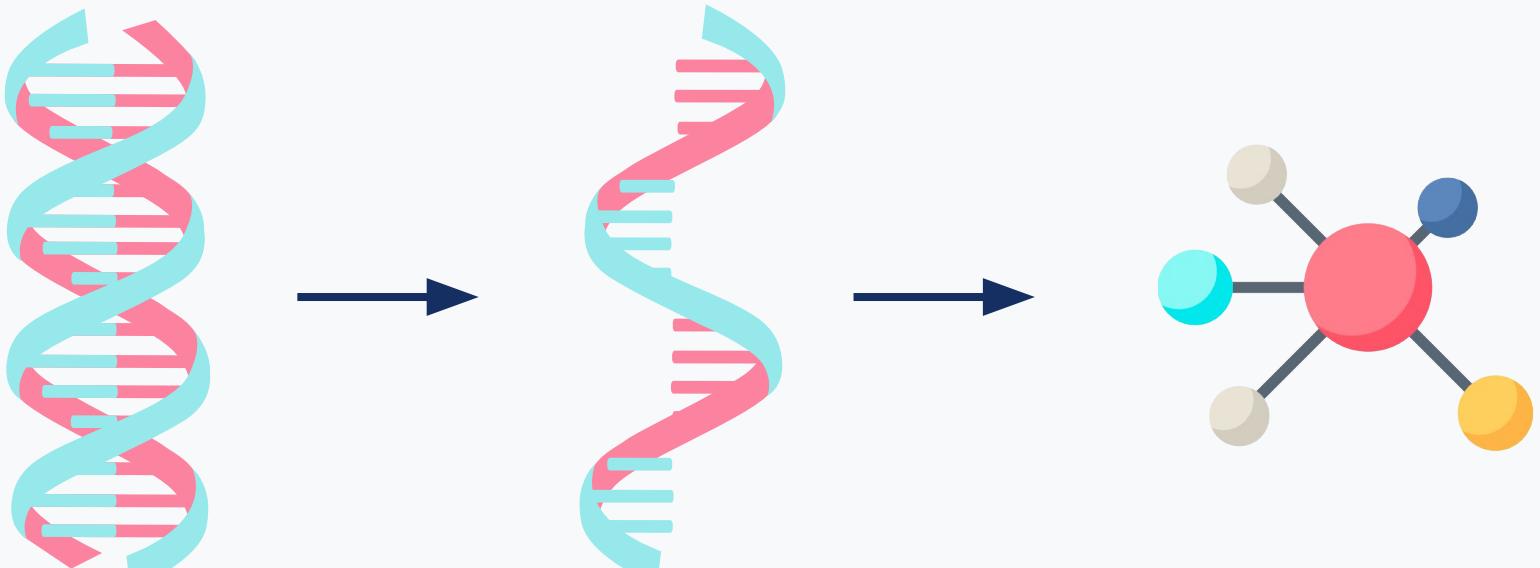


ADN - ARN - proteína



Hélice simple
 $T > U$

ADN - ARN - proteína



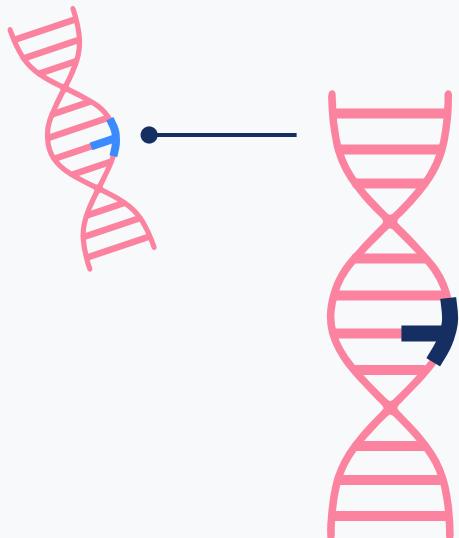
Hélice simple
 $T > U$

Mutaciones del ADN



Mutaciones del ADN

SUSTITUCIÓN
KNOCK-IN



Mutaciones del ADN

SUSTITUCIÓN
KNOCK-IN



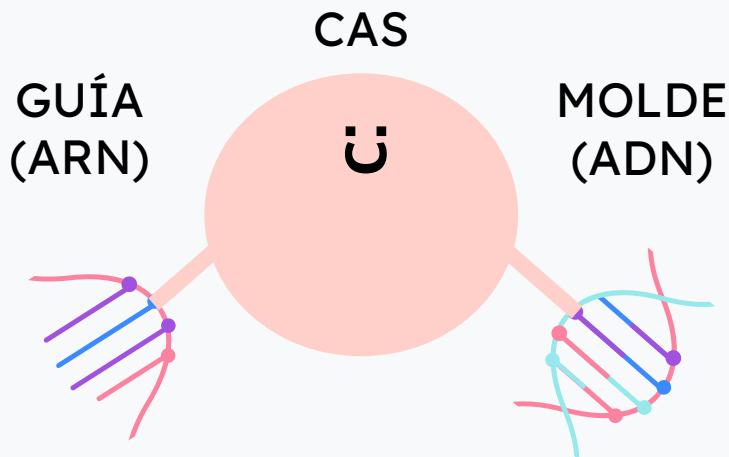
DELECIÓN
KNOCK-OUT



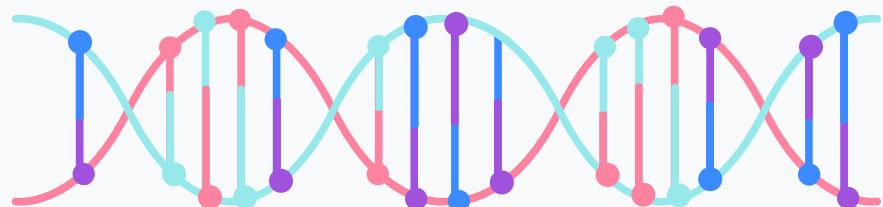
CRISPR

Corta y pega de
secuencias de ADN
(edición genética)

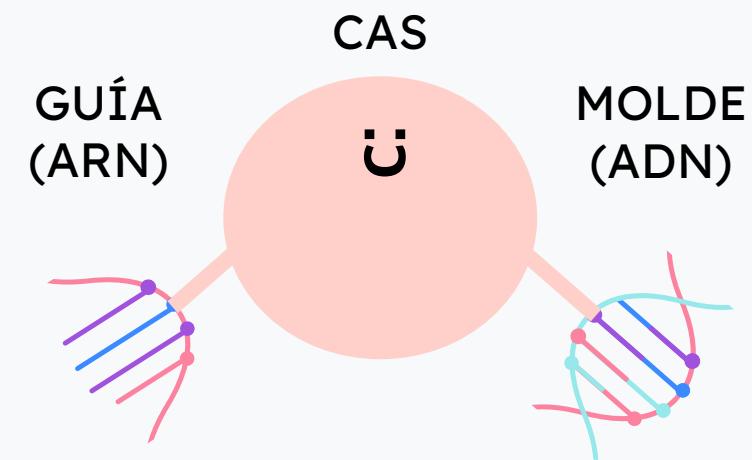
CRISPR



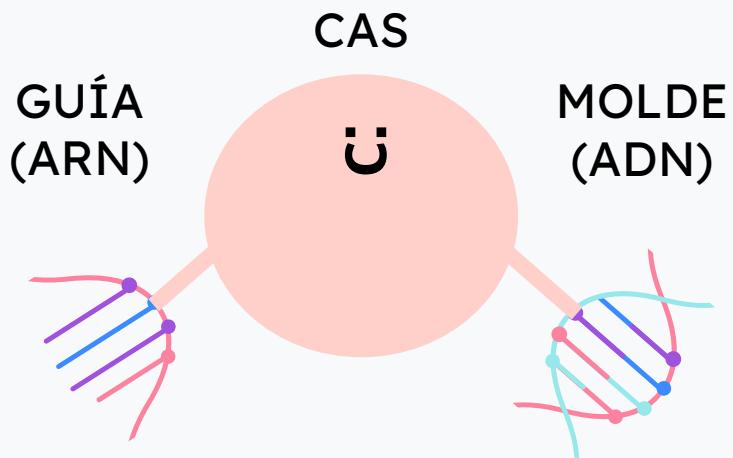
ADN
ORIGINAL



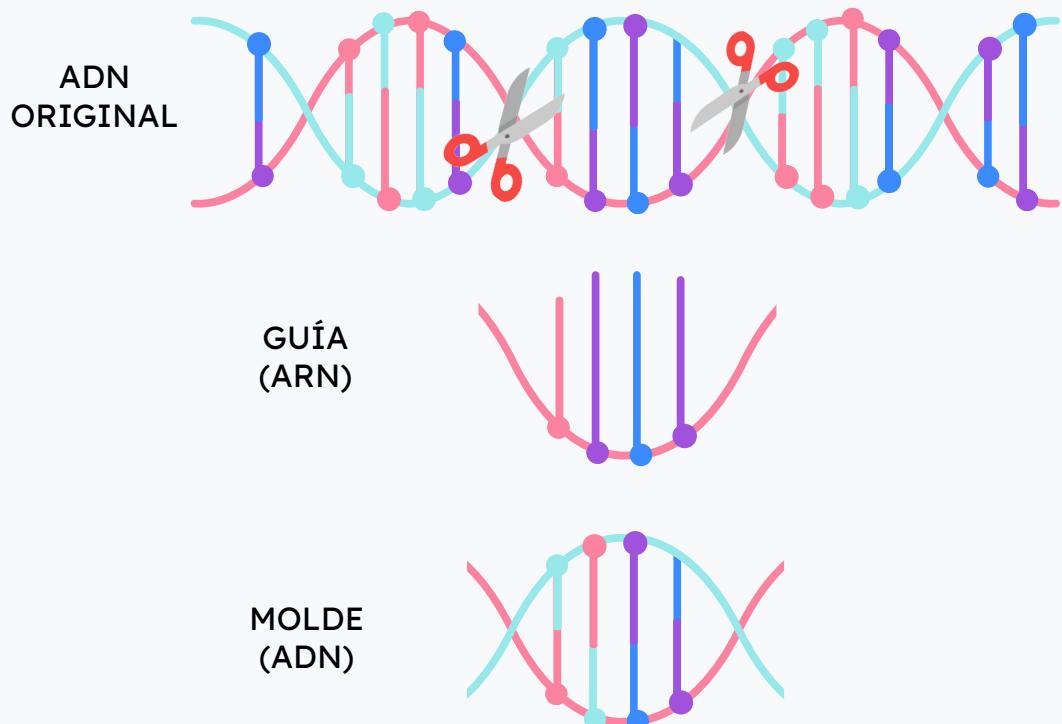
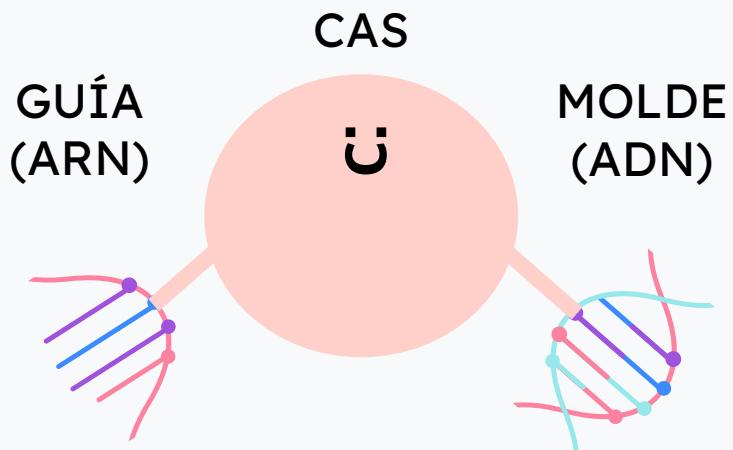
CRISPR



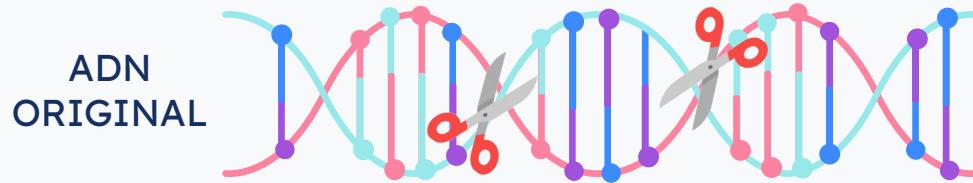
CRISPR



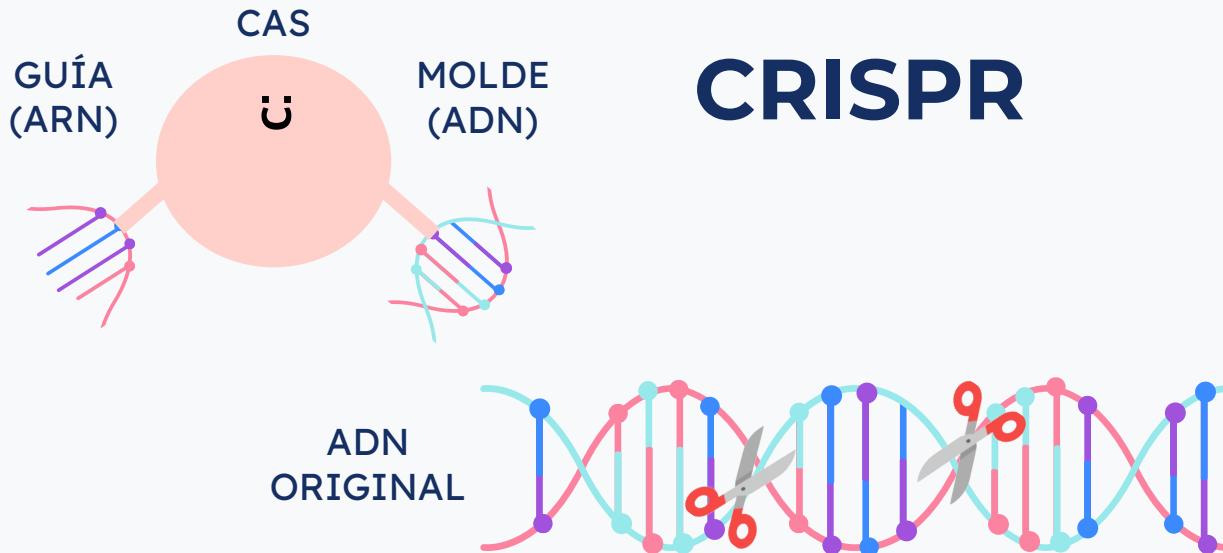
CRISPR



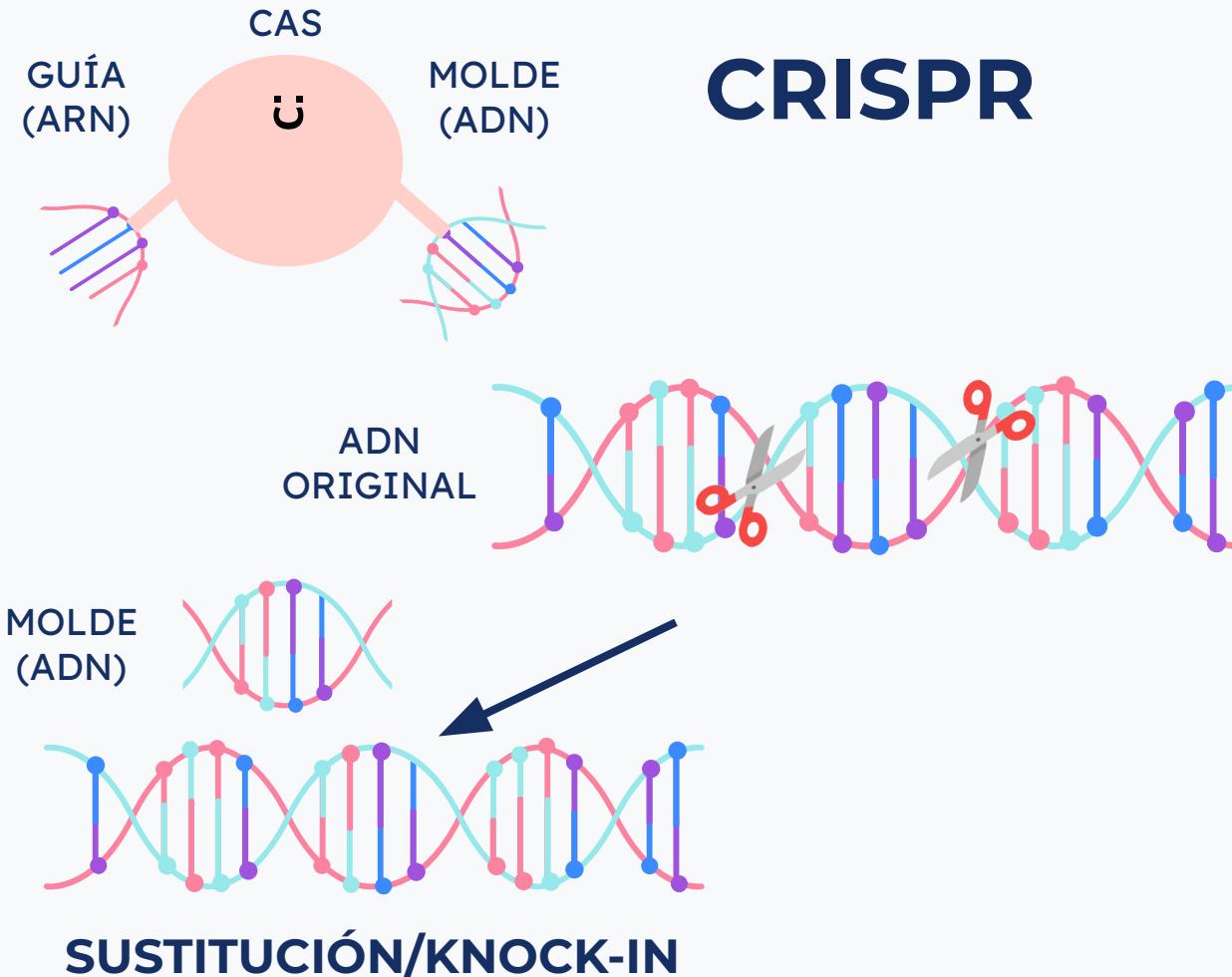
CRISPR



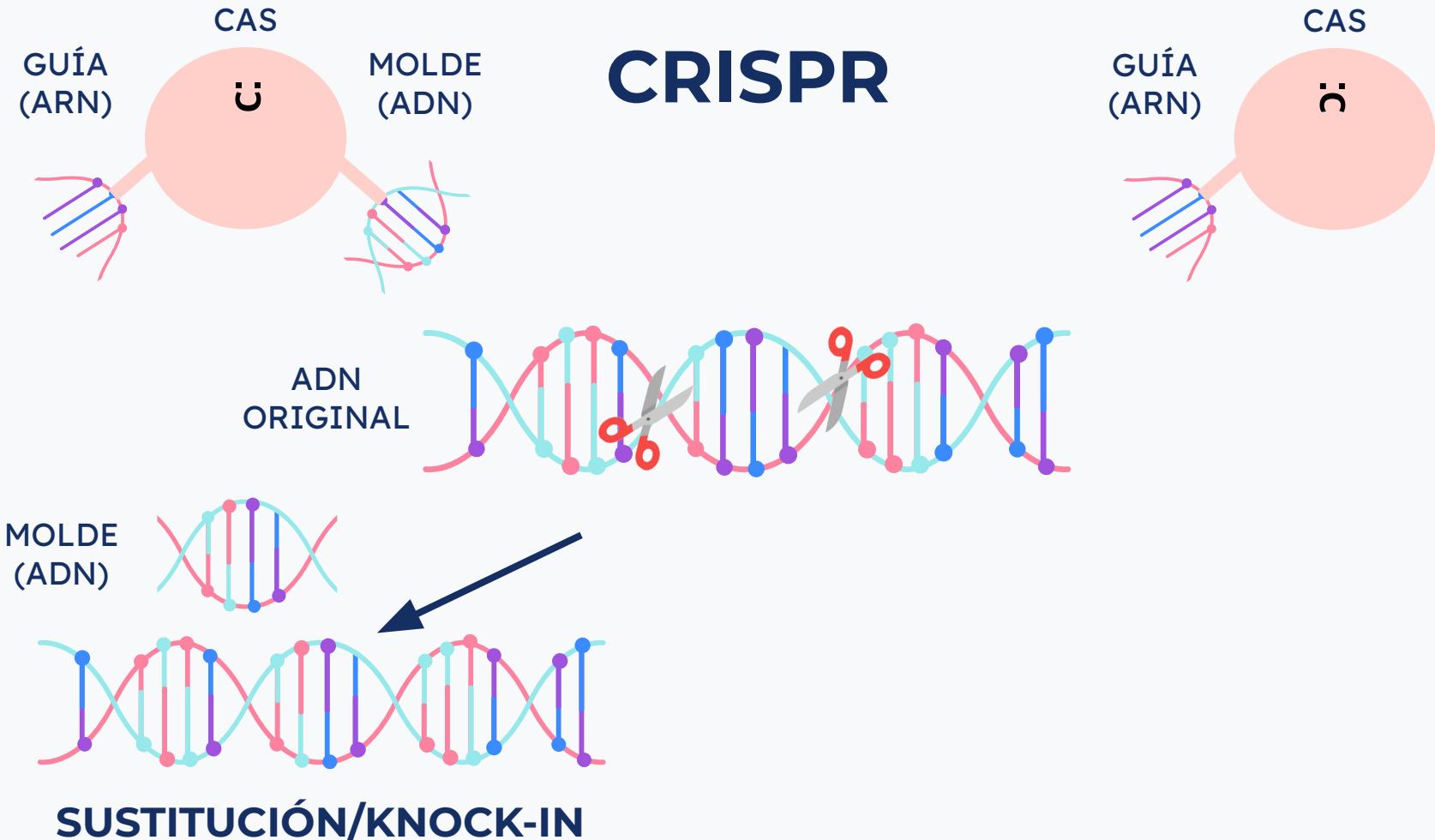
CRISPR



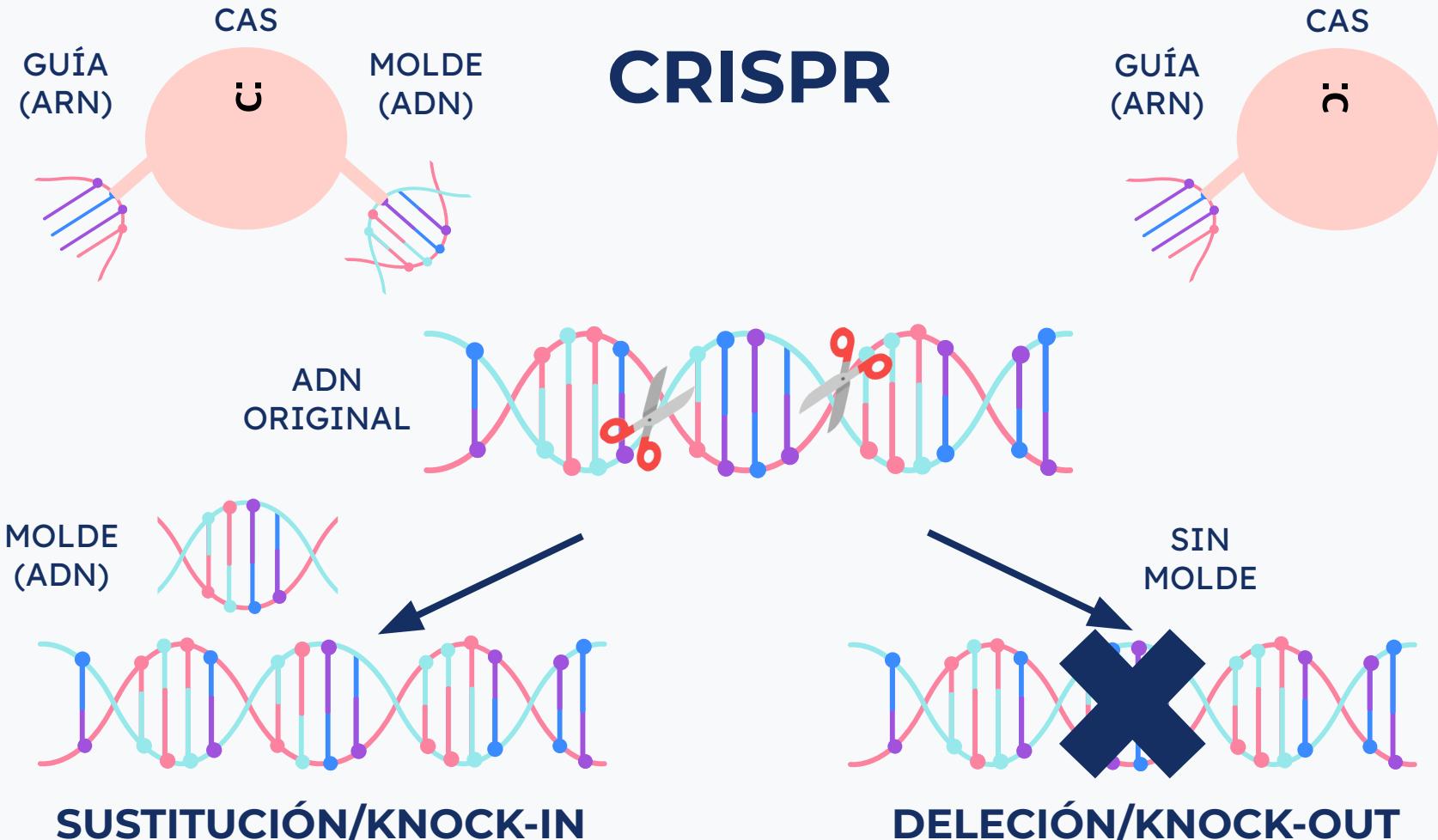
CRISPR



CRISPR



CRISPR



Caso práctico

Virus oncolítico
+ células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en
gen E1 para el virus
Añadir gen CD19 en gen TRAC para las
células



```
from tkinter.filedialog import askopenfile

def main():

    print('Select the FASTA file of the gene of interest for CRISPR.')
    gene_file = askopenfile(mode='r')
    gene_seq = gene_file.readlines()[1:]
    gene_seq = ''.join(gene_seq).replace('\n', '')

    mutation_type = input("Introduce mutation type (in/out): ")

    while mutation_type != 'in' and mutation_type != 'out':
        print('Invalid input.')
        mutation_type = input("Introduce mutation type (in/out): ")

    if mutation_type == "in":
        knockin_type = input("Introduce the knock-in position in the gene (single/gene): ")
        while knockin_type != 'single' and knockin_type != 'gene':
            print('Invalid input.')
            knockin_type = input("Introduce the knock-in position in the gene (single/gene): ")

        if knockin_type == "single":
            DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_in_single(gene_seq)
        elif knockin_type == "gene":
            DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_in_gene(gene_seq)

    else:
        DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_out(gene_seq)
```



marinamoropez / vacunascancer-pycones23

```
from tkinter.filedialog import askopenfile

def main():

    print('Select the FASTA file of the gene of interest for CRISPR.')
    gene_file = askopenfile(mode='r')
    gene_seq = gene_file.readlines()[1:]
    gene_seq = ''.join(gene_seq).replace('\n', '')

    mutation_type = input("Introduce mutation type (in/out): ")

    while mutation_type != 'in' and mutation_type != 'out':
        print('Invalid input.')
        mutation_type = input("Introduce mutation type (in/out): ")

    if mutation_type == "in":

        knockin_type = input("Introduce the knock-in position in the gene (single/gene): ")
        while knockin_type != 'single' and knockin_type != 'gene':
            print('Invalid input.')
            knockin_type = input("Introduce the knock-in position in the gene (single/gene): ")

        if knockin_type == "single":
            DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_in_single(gene_seq)
        elif knockin_type == "gene":
            DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_in_gene(gene_seq)

    else:
        DNA_guide, mutated_gene_seq, mold = knock_out(gene_seq)
```

Nucleotide

Nucleotide 

human p53



Search

Create alert Advanced

Help

Species

Animals (10,636)

Plants (47)

Fungi (148)

Protists (12)

Bacteria (126)

Archaea (3)

Viruses (414)

Customize ...

Summary  20 per page  Sort by Default order 

Send to: 

Filters: [Manage Filters](#)

Molecule types

genomic DNA/RNA (6,194)

mRNA (4,786)

Customize ...

Source databases

INSDC (GenBank) (6,024)

RefSeq (5,617)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (11,617)

EST (197)

GENE

Was this helpful?



[TP53 – tumor protein p53](#)

[Homo sapiens \(human\)](#)

Also known as: BCC7, BMFS5, LFS1, P53, TRP53

Gene ID: 7157

[RefSeq transcripts \(26\)](#) [RefSeq proteins \(25\)](#) [RefSeqGene \(1\)](#) [PubMed \(11,210\)](#)

Orthologs

Genome Data Viewer

BLAST

Download

Results by taxon

Top Organisms [\[Tree\]](#)

[Homo sapiens \(7834\)](#)

[Mus musculus \(897\)](#)

[synthetic construct \(323\)](#)

[Danio rerio \(224\)](#)

[Rattus norvegicus \(211\)](#)

[All other taxa \(2360\)](#)

More...

Find related data

Database: Select

[Find items](#)

Search details

RefSeq Sequences



Nucleotide

Nucleotide [Advanced](#)[Help](#)GenBank

Homo sapiens tumor protein p53 (TP53), RefSeqGene (LRG_321)

17

NCBI Reference Sequence: NG_017013.2

[FASTA](#) [Graphics](#)[Go to:](#)

LOCUS NG_017013 32772 bp DNA linear PRI 12-FEB-2023

DEFINITION Homo sapiens tumor protein p53 (TP53), RefSeqGene (LRG_321) on chromosome 17.

ACCESSION NG_017013

VERSION NG_017013.2

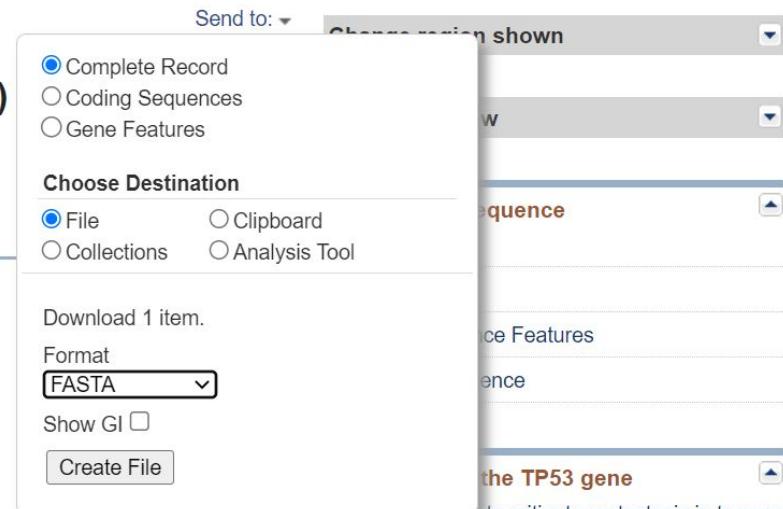
KEYWORDS RefSeq; RefSeqGene.

SOURCE Homo sapiens (human)

ORGANISM [Homo sapiens](#)

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo.

REFERENCE 1 (bases 1 to 32772)

AUTHORS [Mingazova R](#) [Khadiullina R](#) [Chasov V](#) [Minegazova R](#) [Miftakhova R](#)

targeting PML to mitigate metastasis in tumors with p53-72Pro [Signal Transduct Target Ther. ...]

Crosstalk between PML and p53 in response to TGF-β1: A new mechanism c [Int J Biol Sci. 2023]

The Role of TP53 in Adrenocortical Evolution

```
mutated_gene_file = open('MUTATED_SEQUENCE.txt', 'w')
mutated_gene_file.write(mutated_gene_seq)
mutated_gene_file.close()

guide_file = open('GUIDE.txt', 'w')
guide_file.write(DNA_to_RNA(DNA_guide))
guide_file.close()

mold_file = open('MOLD.txt', 'w')
mold_file.write(mold)
mold_file.close()
```

```
def DNA_to_RNA(DNA_guide):
    RNA_guide = ""
    for base in DNA_guide:
        if base == "T":
            RNA_guide += "A"
        elif base == "A":
            RNA_guide += "U"
        elif base == "C":
            RNA_guide += "G"
        elif base == "G":
            RNA_guide += "C"

    return RNA_guide
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

GEN E1
ORIGINAL



GEN E1
MUTADO



Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

GEN E1
ORIGINAL



GEN E1
MUTADO



Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

```
def knock_out(gene_seq):

    mutation_position_ini = int(input("Introduce the numeric position of the initial knock-out base (e.g. 1, 25, 203): "))
    while mutation_position_ini <= 0:
        print('Invalid input. Introduce positive integer. ')
        mutation_position_ini = int(input("Introduce the numeric position of the initial knock-out base (e.g. 1, 25, 203): "))

    mutation_position_fin = int(input("Introduce the numeric position of the final knock-out base (e.g. 1, 25, 203): "))
    while mutation_position_fin <= 0:
        print('Invalid input. Introduce positive integer. ')
        mutation_position_fin = int(input("Introduce the numeric position of the final knock-out base (e.g. 1, 25, 203): "))

    DNA_guide = gene_seq[mutation_position_ini-1:mutation_position_fin]
    mutated_gene_seq = gene_seq[:mutation_position_ini-1] + gene_seq[mutation_position_fin:]
    mold = ""

    return DNA_guide, mutated_gene_seq, mold
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

CGTGAATATTAAACATGCCTGCTACATCTCGGGGAACGGGGCAGAGGTGGACATCGATACTCTGGACAAG
TCAGCCTTCAGGTGTTGCATGATGGGAATGAGAGTAGGAGTAATGAATATGAATTCCATGATCTTATAA
ACATAAAGTTCAATGGAGAGAAGTTAACATGGGTACTGTTATGGCCAACAGCCACATGACCCTGCATGG
TTGCAGTTTTGGCTTAACAATATGTGTGCAGAGGTCTGGGTGCTGCTAAGATTAGGGGATGTAAG

GUÍA (ARN)

CCACCUGUAGCUAUGAGACCUGUUUCAGUCGGAAGUCCACAACGUACUACCUUACUCUCAUCCUCAUUACU
UAUACUUAAGGUACUAGAAAUAUUUGUAUUCAAGUUACCUUCUCAAUUACCCCAUGACAAAUACCGG
UUGUCGGUGUACUGGGACGUACCAACGUCAAAAAACCGAAAUAUGUUACACACGUCCAGACCCACG
ACGAUUCUAAUCCCCUACAUUCAAAAUGCCGACGACCUACCCGACCAACCUUCUGGGUUCUCGCUCUACA

SIN MOLDE DE ADN

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

```
|CGTGAATATTAAACATGCCTGCTACATCTCGGGGAACGGGGCAGAGGTGGACATCGATACTCTGGACAAG  
TCAGCCTTCAGGTGTTGCATGATGGGAATGAGAGTAGGAGTAATGAATATGAATTCCATGATCTTATAA  
ACATAAAAGTTCAATGGAGAGAAGTTAACATGGGTACTGTTATGGCCAACAGCCACATGACCCTGCATGG  
TTGCAGTTTTGGCTTAACAATATGTGTGCAGAGGTCTGGGTGCTGCTAAGATTAGGGGATGTAAG
```

ADN MUTADO

```
|CCTGCGCCCAGATTGCAAGTACAGGGTGAUTAAGACCGTGAATATTAAACATGCCTGCTACATCTCGGGGA  
ACGGGGCAGACTGTACCGGGACCGAGTTCAGCTCCAGTGGGGAGGACACAGATTAGAGGTAGGTTAAGTA  
GTGGGCGTGGCTAACAGTAAGTATAAAGGCGGGTGTCTTACAAGGGTCTTTGCTTTCTGCAGACATCAT  
GAACGGGACCGGGCGGGGCCCTCGAAGGGGGCTTTAGCCCTATTGACAACCCGCCTGCCGGGATGGG
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

GEN E1
ORIGINAL



GEN E1
MUTADO



Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

```
def knock_in_single(gene_seq):

    mutation_position = int(input("Introduce the numeric position of the knock-in base (e.g. 1, 25, 203): "))
    while mutation_position <= 0:
        print('Invalid input. Introduce positive integer. ')
        mutation_position = int(input("Introduce the numeric position of the knock-in base (e.g. 1, 25, 203): "))

    mutation_base = input("Introduce the new base corresponding to the defined knock-in position in upper case (A/T/G/C): ")
    while mutation_base != 'A' and mutation_base != 'T' and mutation_base != 'G' and mutation_base != 'C':
        print('Invalid input. ')
        mutation_base = input("Introduce the new base corresponding to the defined knock-in position (A/T/G/C): ")

    DNA_guide = gene_seq[mutation_position-25:mutation_position+25]
    mutated_gene_seq = gene_seq[:mutation_position-1] + mutation_base + gene_seq[mutation_position:]
    mold = mutated_gene_seq[mutation_position-25:mutation_position+25]

    return DNA_guide, mutated_gene_seq, mold
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

|CAGCGGGGACAGAGAATCTTGAACACTACTGGCTTTACAGCCAGCAGCGTCGGGTCTTCTT|CATCTACACA
GACAAACATCCATGTTGGAGGAAGAAATGAGGGAGGCCATGGACGAGAACCCGAGGAGCGGCCTGGACCC
TCCGTCGGAAGAGGGAGCTGGATTAAATGAGGTATCCAGCCTGTACCCAGAGCTTAGCAAGGTGCTGACAT
CCATGGCCAGGGGAGTGAAGAGGGAGAGGGAGCGATGGGGCAATACCGGGCTGATGACCGAGCTAACTGC

GUÍA (ARN)

|GUCGGUCGUCGCAGCCCAGAAGAAGUAGAUGUGUCUGUUUGUAGGUACAA

MOLDE (ADN)

|CAGCCAGCAGCGTCGGGTCTTCTT|ATCTACACAGACAAACATCCATGTT

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

```
CAGCGGGGACAGAGAATCTTGAACTACTGGCTTTACAGCCAGCAGCGTCGGGTCTTCTTTATCTACACA  
GACAAACATCCATTGGAGGAAGAAATGAGGGAGGCCATGGACGAGAACCCGAGGAGCGGCCTGGACCC  
TCCGTCGGAAGAGGGAGCTGGATTAAATGAGGTATCCAGCCTGTACCCAGAGCTTAGCAAGGTGCTGACAT  
CCATGGCCAGGGGAGTGAAGAGGGAGAGGAGCGATGGGGCAATACCGGGCTGATGACCGAGCTAACTGC
```

ADN MUTADO

```
CAGCGGGGACAGAGAATCTTGAACTACTGGCTTTACAGCCAGCAGCGTCGGGTCTTCTTTATCTACACA  
GACAAACATCCATTGGAGGAAGAAATGAGGGAGGCCATGGACGAGAACCCGAGGAGCGGCCTGGACCC  
TCCGTCGGAAGAGGGAGCTGGATTAAATGAGGTATCCAGCCTGTACCCAGAGCTTAGCAAGGTGCTGACAT  
CCATGGCCAGGGGAGTGAAGAGGGAGAGGAGCGATGGGGCAATACCGGGCTGATGACCGAGCTAACTGC
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

GEN TRAC
ORIGINAL



Coord final:
424166

GEN TRAC
MUTADO



Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

```
def knock_in_gene(gene_seq):

    mutation_position = int(input("Introduce the numeric position of the knock-in base (e.g. 1, 25, 203): "))
    while mutation_position <= 0:
        print('Invalid input. Introduce positive integer. ')
        mutation_position = int(input("Introduce the numeric position of the knock-in base (e.g. 1, 25, 203): "))

    print('Select the FASTA file of the knock-in gene.')
    gene_add_file = askopenfile(mode='r')
    gene_add_seq = gene_add_file.readlines()[1:]
    gene_add_seq = ''.join(gene_add_seq).replace('\n', '')

    DNA_guide = gene_seq[mutation_position-10:mutation_position+10]
    mold = DNA_guide[:10] + gene_add_seq + DNA_guide[10:]
    mutated_gene_seq = gene_seq[:mutation_position] + gene_add_seq + gene_seq[mutation_position:]

    return DNA_guide, mutated_gene_seq, mold
```

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

AATAATTACTTCAAAGACAGAGATCTGCTGCAAAAAAGGAACATTGTGTGACATTTCATCTTGTC
TGAAGCAGATTTAATCTATGTTACATCTACTTAAGAAGAACGAGGAAACTGGAGAGAGATGGTGG
GTGGAGAGGGGGCAGCCATGGCCTGCCTGGTTCTGCACTGGCATGGTGAGGAGGCACGTGTATTCTG
TGGGCAGGTGCTGCCTCTGAGGTGCCAGGGCTGAGCTGTCCCACCAGAGCTTCACCCAGAGGAGAAAGTA

GUÍA (ARN)

CGACGUAUUUUUCUUGUAA

MOLDE (ADN)

GCTGCATAAAAGGCCCTGCCTGCCCAGCATCCCTGCGCGAAGCTGGTGCCCCGGAGAGTCTGACCA
CCATGCCACCTCCTCGCCTCCTTCTTCCCTCTCACCCCCATGGAAAGTCAGGCCCGAGGAACC
TCTAGTGGTGAAGGTGGAAGGTATGTCCAAAGGGCAGAAAGGGAAAGGGATTGAGGCTGGAAACTTGAGTT
GTGGCTGGGTGTCCTGGCTGAGTAACTTACCCCTCTGAGCCTCCATTCTTATTGTAAAATTCAGG

Virus oncolítico + células CAR-T

Eliminar bases 2496-3323 y C>T 2021 en E1
en el virus + CD19 en TRAC en las células

ADN ORIGINAL

```
|AATAATTACTTCAAAGACAGAGATCTGCTGCATAAAAAGGAACATTGTGACATTTCATCTTGTC  
TGAAGCAGATTTAATCTATGTTACATCTACTTAAGAAGAACGAGGAAACTGGAGAGAGATGGTGG  
GTGGAGAGGGGGCAGCCATGGCCTGCCTGGGTTCTGCACTGGCATGGTGAGGAGGCACGTGTATTCTG  
TGGGCAGGTGCTGCCTCTGAGGTGCCAGGGCTGAGCTGTCCCACCAGAGCTTCACCCAGAGGAGAAAGTA
```

ADN MUTADO

```
|AATAATTACTTCAAAGACAGAGATCTGCTGCATAAAAGGCCCTGCCTGCCAGCATCCCTGCGCGA  
AGCTGGGTGCCCGGAGAGTCTGACCACCATGCCACCTCCTGCCTCCTCTTCTCCTTCCAC  
CCCCATGGAAGTCAGGCCAGGAACCTCTAGTGGTGAAGGTGGAAGGTATGTCAAAGGGCAGAAAGGG  
AAGGGATTGAGGCTGGAAACTTGAGTTGTGGCTGGGTGTCCTGGCTGAGTAACTTACCCCTCTGAGCC
```

¿Y con esto... qué?

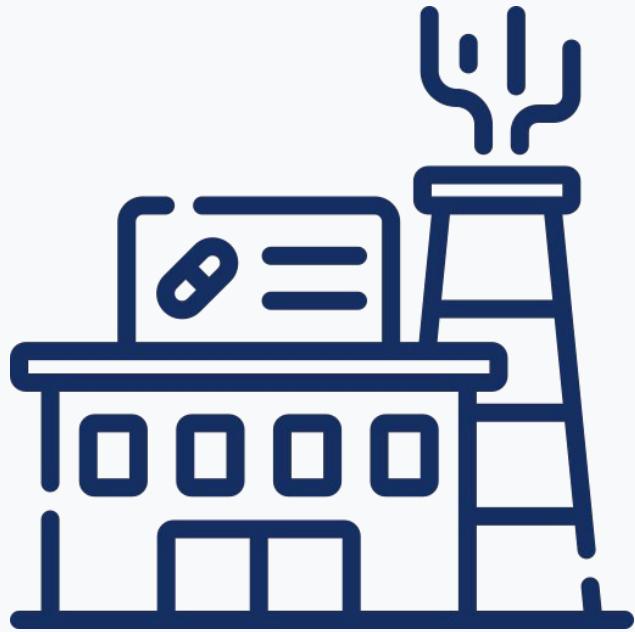
-  Sintetizar en laboratorio las secuencias de las guías y los moldes
-  Modificar los virus y células con el sistema CRISPR
-  Tratar al/a la paciente con los virus y células modificados

4

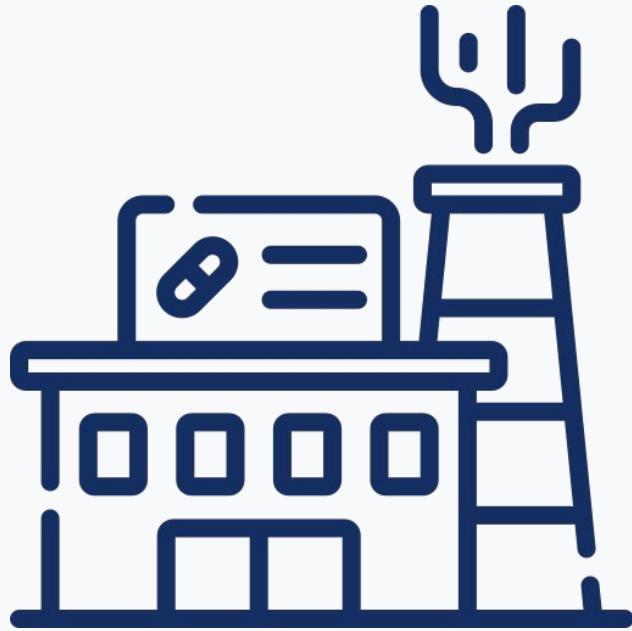
Comercialización y regulación



Industria farmacéutica



Industria farmacéutica



Es un entorno **muy regulado** por los **riesgos** que supone

Estrategia de comercialización

Estrategia de comercialización

¿Qué? → Clasificación

Estrategia de comercialización

¿Qué? → Clasificación

¿Dónde? → Área de explotación

Estrategia de comercialización

¿Qué? → Clasificación

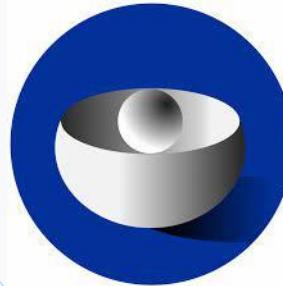
¿Dónde? → Área de explotación



Estrategia de comercialización

¿Qué? → Clasificación

¿Dónde? → Área de explotación



Estrategia de comercialización

¿Qué? → Clasificación

¿Dónde? → Área de explotación



¿Qué es nuestro producto?

¿Qué es nuestro producto?

Medicamento

Toda sustancia o combinación de sustancias que se presente como poseedora de propiedades para el tratamiento o prevención de enfermedades en seres humanos, o que pueda usarse, o administrarse a seres humanos con el fin de restaurar, corregir o modificar las funciones fisiológicas ejerciendo una acción farmacológica, inmunológica o metabólica, o de establecer un diagnóstico médico. - AEMPS

¿Qué es nuestro producto?

Medicamento



ATMP

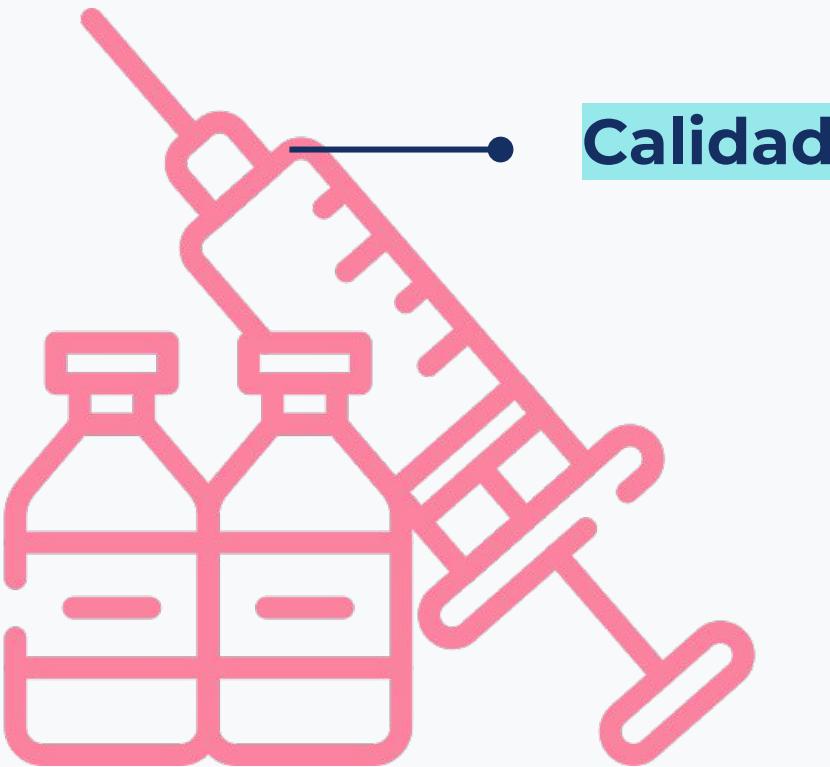
Toda sustancia o combinación de sustancias que se presente como poseedora de propiedades para el tratamiento o prevención de enfermedades en seres humanos, o que pueda usarse, o administrarse a seres humanos con el fin de restaurar, corregir o modificar las funciones fisiológicas ejerciendo una acción farmacológica, inmunológica o metabólica, o de establecer un diagnóstico médico. - **AEMPS**

Medicamentos de uso humano basados en genes (terapia génica), células (terapia celular) o tejidos (ingeniería tisular) que incluyen productos de origen autólogo (propio), alogénico (de otro individuo de la misma especie) o xenogénico (de un individuo de distinta especie). - **AEMPS**

Requisitos



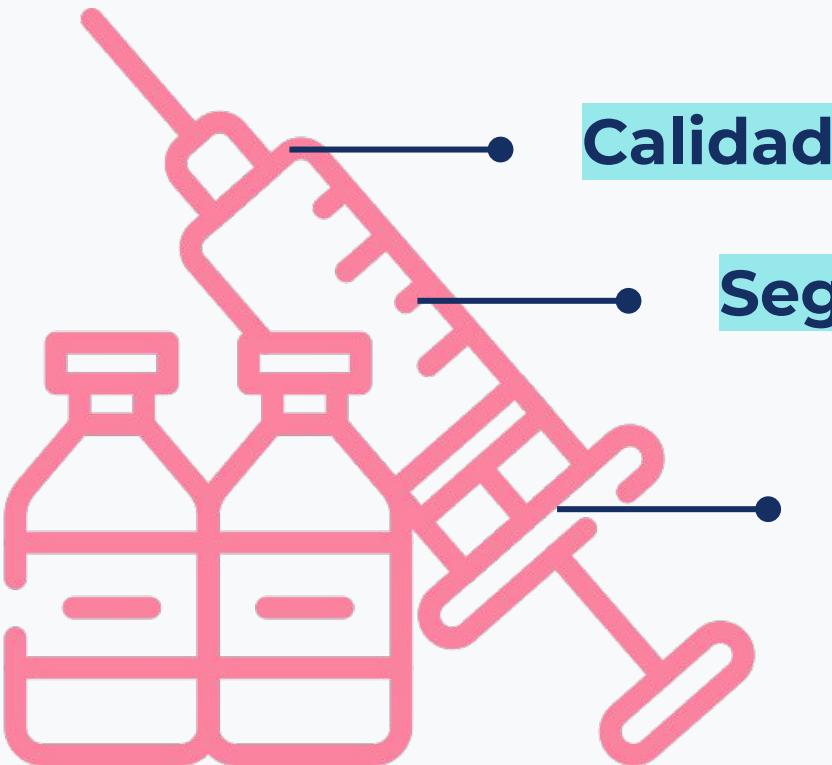
Requisitos



Requisitos



Requisitos



Eficaz

Segura

Calidad

Requisitos



Requisitos



Requisitos



Legislación y guías
técnicas



Identificado



Información



Calidad

Segura

Eficaz

Requisitos



Legislación y guías
técnicas

Buenas Prácticas (GxP)



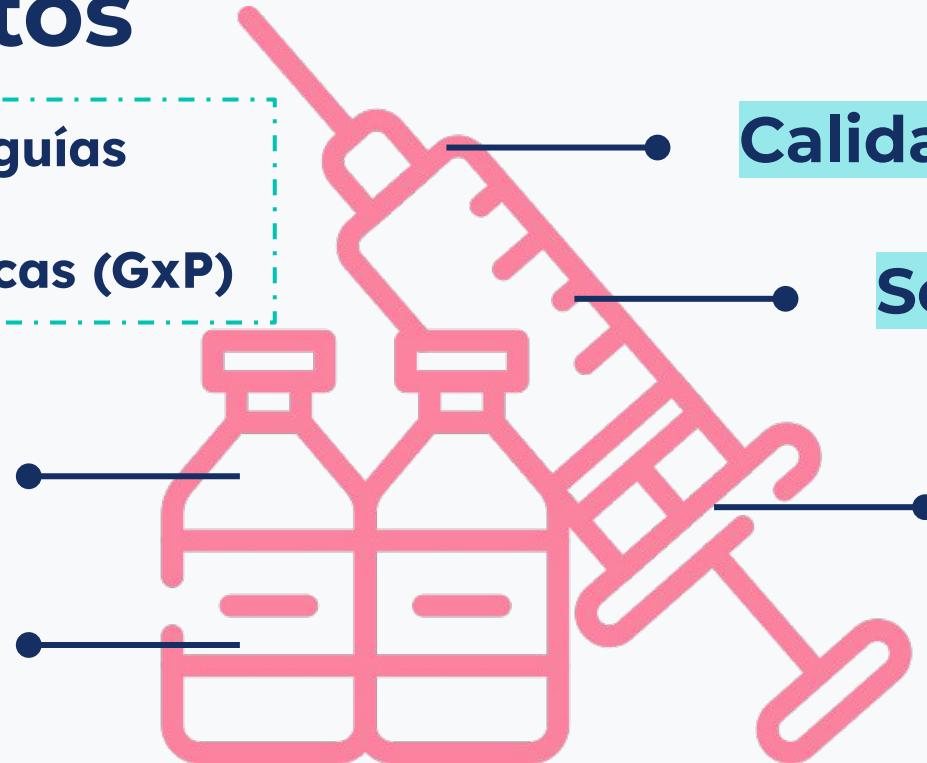
Identificado



Calidad

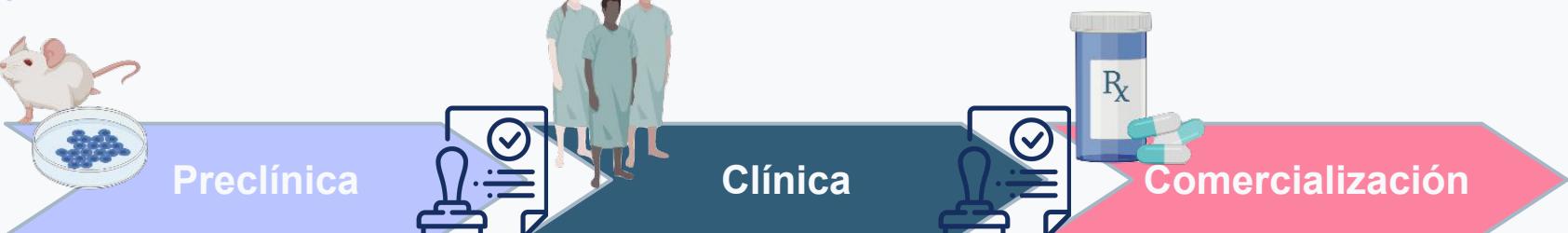
Segura

Eficaz



Proceso para la comercialización

Proceso para la comercialización



Toxicidad y actividad biológica

Dosis y efectos adversos

Comercialización y distribución

Seguridad y eficacia

Seguridad, efectividad y efectos secundarios

Calidad y seguridad

GLP

GCP

GDP

GMP

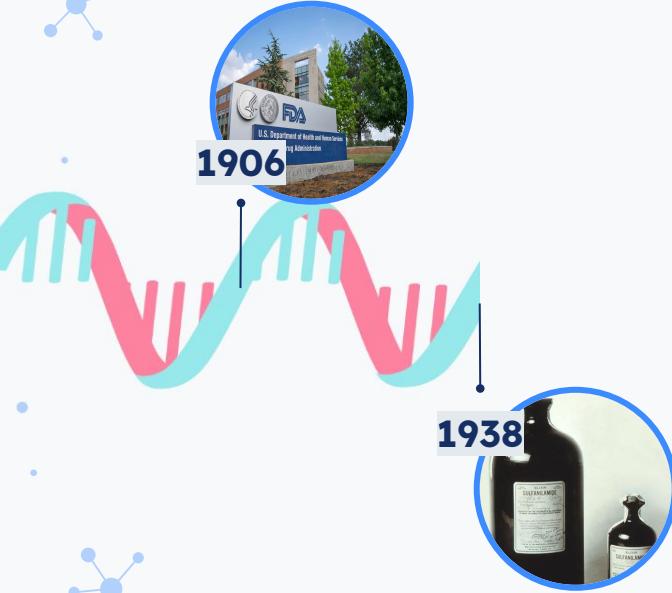
GVP

¿Por qué las GxP?

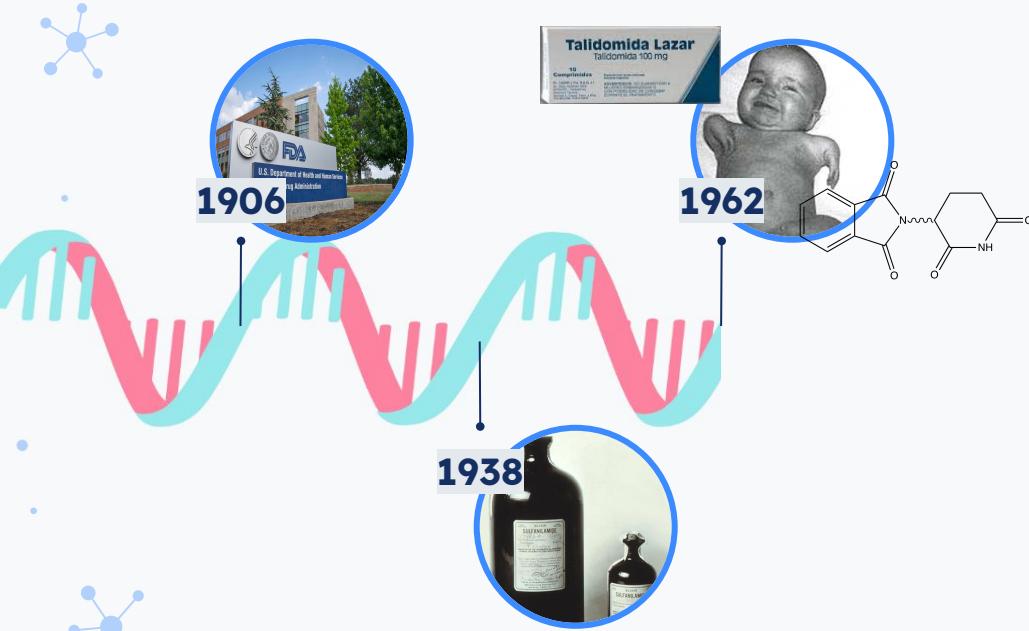
¿Por qué las GxP?



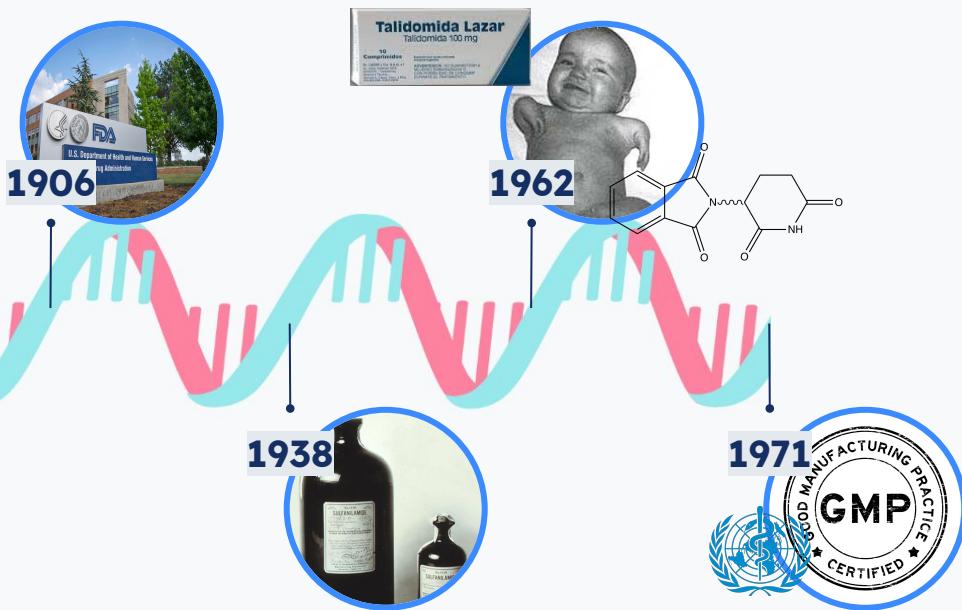
¿Por qué las GxP?



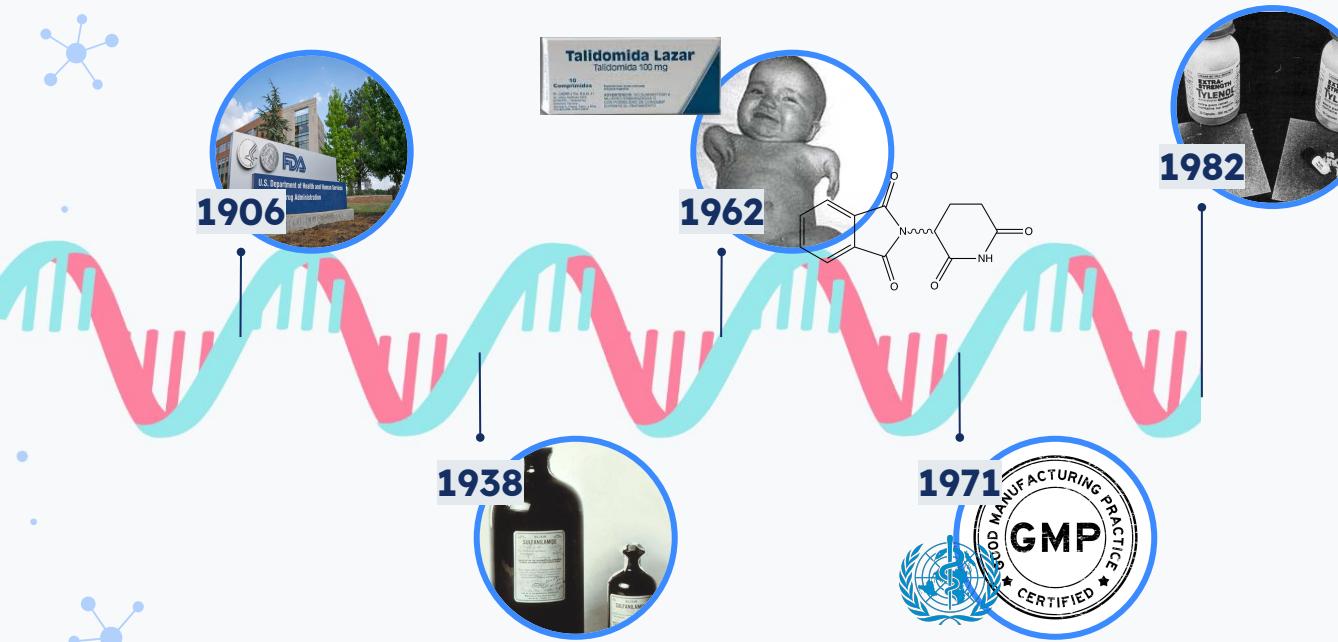
¿Por qué las GxP?



¿Por qué las GxP?



¿Por qué las GxP?



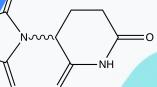
¿Por qué las GxP?



1906



1962



1938



1982



1990



¿Por qué las GxP?



1906



1962



1938



1982



1990



1995



¿Por qué las GxP?



1906



1962



1938



1982



1990



1995



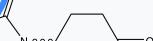
¿Por qué las GxP?



1906



1962



1938



1982



1995

1990



“Aquellos que no pueden recordar su pasado están condenados a repetirlo”

- Jorge Santayana

5

Conclusiones





El cáncer supone un problema en crecimiento y produce un gran impacto socioeconómico



El cáncer supone un problema en crecimiento y produce un gran impacto socioeconómico



Herramientas como Python pueden ofrecernos nuevas terapias contra esta enfermedad



El cáncer supone un problema en crecimiento y produce un gran impacto socioeconómico



Herramientas como Python pueden ofrecernos nuevas terapias contra esta enfermedad



Debemos tener en cuenta los diferentes requisitos para la comercialización

¡Gracias!

¿Preguntas?



helengopo@gmail.com / marinamoro@ub.edu



[@HelenaGomezPz](https://twitter.com/HelenaGomezPz) / [@marinamorolopez](https://twitter.com/marinamorolopez)



Helena Gómez Pozo / Marina Moro López



[marinamorolopez](https://github.com/marinamorolopez) / [vacunascancer-pycones23](https://github.com/vacunascancer-pycones23)



PyConES
Canarias
2023

