

Cáncer de pulmón en México: retos del sistema de salud pública y oportunidades en la biología molecular

Lung cancer in Mexico: challenges of the public health system and opportunities in molecular biology

Valentina Rueda Barrios¹, Luis Ángel Mendoza Torres², Silvia Mariela Montilla Fonseca², Irma Cruz Solís^{1*}

¹ Departamento de Bioingeniería, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Campus Puebla. Puebla, México.

² Laboratorio de biología molecular, Labopat, Puebla, México.

*Autor de correspondencia: icruzs@tec.mx

Palabras clave:

cáncer de pulmón, secuenciación de nueva generación (NGS), biología molecular, salud pública.

Keywords:

lung cancer, next generation sequencing (NGS), molecular biology, public health.

Resumen

El cáncer de pulmón (CP) es la tercera causa de muerte por cáncer en el país, siendo los adenocarcinomas el tipo más común, especialmente entre los no fumadores. Entre los factores de riesgo destacan el tabaquismo, la exposición a sustancias como el asbesto y las predisposiciones genéticas. La mayoría de los casos de CP se detectan en etapas avanzadas, lo que dificulta el tratamiento. Tecnologías moleculares como la secuenciación de nueva generación (NGS) y la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) han mejorado el análisis genético, permitiendo ofrecer tratamientos más personalizados y terapias dirigidas a pacientes con cáncer ya diagnosticado. Sin embargo, a pesar de los avances tecnológicos y los beneficios asociados, las limitaciones en la infraestructura del sistema de salud, las desigualdades en el acceso al tratamiento y la escasez de recursos médicos dificultan un manejo integral del cáncer de pulmón en México. Este panorama plantea importantes desafíos para el sistema de salud. El estudio subraya la necesidad de mejorar las capacidades diagnósticas y garantizar un acceso equitativo al tratamiento para abordar la creciente carga de CP en el país.

Abstract

Lung cancer (LC) is the third leading cause of death from cancer in the country, with adenocarcinomas being the most common type, especially among non-smokers. Risk factors include smoking, exposure to substances such as asbestos, and genetic predispositions. Most LC cases are detected at advanced stages, complicating treatment. Molecular technologies, such as next-generation sequencing (NGS) and polymerase chain reaction (PCR), have improved genetic analysis, enabling more personalized treatments and targeted therapies for diagnosed cancer patients. However, despite technological advances and their benefits, limitations in healthcare infrastructure, inequalities in treatment access, and a lack of medical resources hinder comprehensive management of lung cancer in Mexico. This scenario poses significant challenges to the healthcare system. The study highlights the need to improve diagnostic capabilities and ensure equitable access to treatment to address the growing burden of LC in the country.

Recibido: 22 de octubre 2025
Revisado: 26 de noviembre 2025
Aceptado: 30 de diciembre 2025
Publicado: 23 de febrero 2026



Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la licencia CC BY-NC-SA 4.0. Para ver una copia de esta licencia visite <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>



Introducción

El entendimiento de los orígenes del cáncer (oncogénesis) ha evolucionado en las últimas cuatro décadas, impulsado en gran parte por el desarrollo e innovación en la biología molecular, que ha brindado poderosas herramientas a los científicos. Estas innovaciones han permitido la secuenciación de genomas completos, facilitando el descubrimiento y análisis de la compleja maquinaria molecular que se ejecuta dentro de la célula con el propósito de entender sus funciones y detectar los defectos que causan que las células cancerosas proliferen de manera anormal (Hahn & Weinberg, 2015).

El cáncer es una enfermedad caracterizada por una proliferación descontrolada por parte de células transformadas sujetas a la evolución por selección natural; esta definición mejorada fue propuesta por Brown et al. (2023), que toma en consideración los cambios genéticos y epigenéticos que se acumulan dentro de una población de células cancerosas que conducen al fenotipo letal. Los autores afirman que las células cancerosas siguen los principios de la selección natural, lo que no solo explica cómo el cáncer evoluciona con el tiempo, sino que también abre nuevas perspectivas para desarrollar estrategias más eficaces de diagnóstico e intervención.

Cáncer de pulmón

El cáncer de pulmón (CP) es un tumor maligno que se desarrolla a partir de células, tanto pulmonares como bronquiales. EL CP se disemina de varias formas afectando la pleura (la membrana que recubre los pulmones), los vasos sanguíneos, los ganglios linfáticos y la pared torácica. La anatomía pulmonar y las estructuras involucradas en este proceso se detallan en la Figura 1. A su vez, puede propagarse a través del sistema linfático, afectando ganglios linfáticos bronquiales, hiliares y mediastinales. El cáncer genera metástasis a través del torrente sanguíneo, lo que le permite afectar órganos distantes. Los más comúnmente afectados por esta vía son los huesos, las glándulas suprarrenales, el hígado y el cerebro (Moctezuma Velasco & Zarco, 2009).

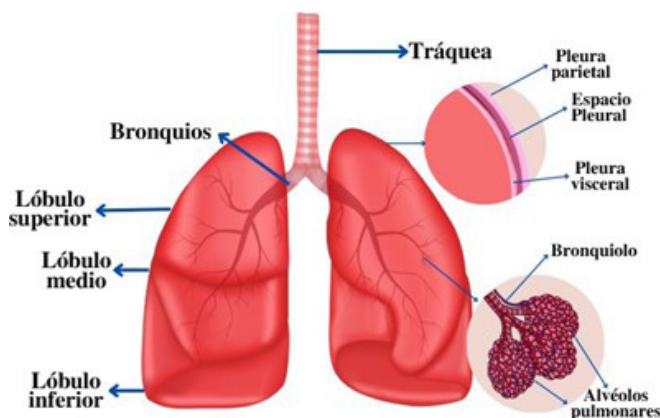


Figura 1. Anatomía del pulmón
Fuente: Elaboración propia utilizando Canva



El CP se divide en dos categorías, considerando el origen y el comportamiento de las células (Figura 2) : cáncer de pulmón de células pequeñas (CPCP) y cáncer de pulmón de células no pequeñas (CPCNP), donde la mayoría (75%) de los casos son CPCNP (Gridelli et al., 2015). Estos tipos de cáncer difieren en su biología, y en general, el CPCNP está compuesto por células más grandes y crece más lentamente en comparación con el CPCP. Este último conforma el 25% de los CP y se caracteriza por su agresividad y rápida proliferación. Está estrechamente relacionado con el tabaquismo, ya que una gran parte de los pacientes presenta historial de hábito tabáquico (Ginsberg et al., 2007).

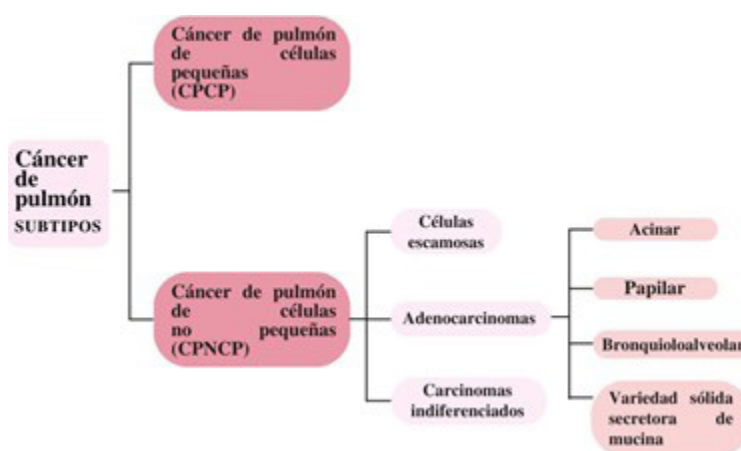


Figura 2. Clasificación de cáncer de pulmón
Fuente: Elaboración propia utilizando Canva

El CPCNP se divide en tres subtipos principales: cáncer de células escamosas, adenocarcinomas y carcinomas indiferenciados. El adenocarcinoma ocupa el primer lugar en frecuencia epidemiológica y es también el tipo más común en pacientes no fumadores; este surge de células mucoproducidas y se clasifica en cuatro subtipos: acinar, papilar, bronquioloalveolar y variedad sólida secretora de mucina (mucinoso). El cáncer de células escamosas representa el 30% de los casos de CP, teniendo una estrecha relación con el consumo de tabaco. Los carcinomas indiferenciados representan aproximadamente un 5%; entre estos está el carcinoma de células grandes, que puede generarse en cualquier parte del pulmón y también se asocia al tabaquismo (Gridelli et al., 2015).

Factores de riesgo

El CP se considera una enfermedad altamente relacionada con el tabaquismo, sin embargo, se requieren varios años de exposición para que se desarrolle la enfermedad (Weinberger et al., 2019). En el humo de los cigarrillos se han identificado



más de 69 carcinógenos conocidos, desde las nitrosaminas hasta benzo[a]pireno y otros hidrocarburos policíclicos. A pesar de esto, diversos estudios han demostrado que el riesgo de desarrollar CP comienza a disminuir en un plazo de cinco años y tras 15 años de abstinencia, se reduce entre un 80 y 90%. No obstante, el riesgo nunca desaparece por completo puesto que los cambios celulares que conducen a la mutación o la predisponen a ella ya se han desarrollado. También es probable que el tabaquismo pasivo sea responsable de algunos casos de CP en no fumadores.

Desde una perspectiva ambiental (figura 3), existen varios riesgos potenciales donde la mayoría de estos se producen por exposición ocupacional. Uno de los carcinógenos más significativos es el asbesto o amianto, un silicato fibroso, empleado ampliamente gracias a su resistencia al fuego y aislamiento térmico. Este material era comúnmente utilizado en edificios residenciales o industriales; sin embargo, la exposición prolongada al asbesto se ha relacionado con el desarrollo de enfermedades graves como el mesotelioma, un tipo de cáncer que afecta el revestimiento de los pulmones (Furuya et al., 2018). Debido a sus riesgos para la salud, el uso de asbesto ha sido prohibido en alrededor de 69 países (International Ban Asbestos Secretariat [IBAS], 2025).



Figura 3. Factores de riesgo para cáncer de pulmón

Fuente: Elaboración propia utilizando Canva

En México, aún no se ha prohibido el uso de asbesto; sin embargo, la norma oficial mexicana NOM-010-STPS-2014 “Agentes químicos contaminantes del medio ambiente laboral reconocimiento, evaluación y control” (STPS, 2014) establece un umbral de exposición para el asbesto, llamado “Valor Límite de Exposición”, que permite una concentración de 0.1 fibras/cm³. También la norma oficial mexicana: NOM-125-SSA1-2016 (SSA, 2016) establece los requisitos sanitarios para el proceso y uso de asbesto. No obstante, a pesar del régimen de estas normas, no existe nivel seguro de exposición al asbesto; es por esto por lo que son importantes proyectos de ley que garanticen la salubridad de la población (Calderón, 2021).



Otros compuestos como el arsénico (utilizado en la industria de pesticidas, vidrio, pigmentos y pinturas), la radiación ionizante (minería de uranio), los haloésteres e hidrocarburos aromáticos policíclicos (industria del petróleo) aumentan la posibilidad de desarrollar CP (Weinberger et al., 2019). Asimismo, se recalcan factores críticos para el desarrollo de CP, como son la exposición al humo de leña para cocinar, la exposición al gas radón y la exposición a la radiación proveniente de equipos médicos como la toma de radiografías torácicas o las tomografías y cirugías previas en el pulmón (Malhotra et al., 2016).

En los últimos años se ha incrementado la investigación acerca del papel de los microplásticos en el desarrollo de cáncer, debido a que desencadenan la proliferación celular descontrolada y provocan el crecimiento de tejidos, lo que provoca diversos cánceres, entre ellos CP (Goswami et al., 2024).

La contaminación del aire también está relacionada con el desarrollo del cáncer (Hoek et al., 2026). Los agentes contaminantes son generados por la combustión de combustibles fósiles, incluidos carcinógenos como los hidrocarburos aromáticos policíclicos y metales como el arsénico, el níquel y el cromo. En consecuencia, incluso los carcinógenos presentes en el aire en bajas concentraciones son motivo de preocupación como factor de riesgo para el cáncer de pulmón en grandes poblaciones. También es importante mencionar el material particulado (PM) como factor de riesgo potencial en el CP, siendo las partículas de mayor riesgo las de $< 2,5$ micras (μm) de diámetro (Weinberger et al., 2019).

Entre los factores genéticos potencialmente relevantes se destacan principalmente las enzimas del citocromo P450; estas enzimas pueden desempeñar un papel en la conversión de los componentes del humo de cigarrillo en carcinógenos potentes, por lo que el incremento o la expresión de la enzima puede estar asociado a un mayor riesgo de desarrollar CP (Weinberger et al., 2019). Un ejemplo es la enzima CYP2A6, en donde se ha observado la existencia de polimorfismos genéticos que han sido asociados a una diferente susceptibilidad al CP (Donato, 2004).

Asimismo, diversas variantes hereditarias raras del EGFR se han asociado con el riesgo de cáncer de pulmón, ya que este gen codifica el receptor del factor de crecimiento epidérmico, una proteína presente en la membrana celular que regula el crecimiento y la división celular (Cheng et al., 2019). Aunque no se ha confirmado el mecanismo a través del cual estas variantes aumentan el riesgo de enfermedad, una posibilidad podría ser que la mutación cause inestabilidad genética que predispone a las células a mutaciones somáticas y oncogénesis; por ejemplo, la variante T790M en EGFR es tanto una variante de la línea germinal asociada con el cáncer de pulmón como una variante somática importante con implicaciones para el tratamiento (Prudkin et al., 2009). El riesgo se eleva significativamente cuando existen



antecedentes familiares directos, especialmente si hay múltiples diagnósticos en el núcleo familiar (Lebrett et al., 2021).

Epidemiología

En la actualidad, el cáncer es uno de los mayores retos en salud pública, posicionándose en los primeros sitios como causa de mortalidad a nivel mundial. En México, durante las décadas de 1960 y 1970, el cáncer ocupaba el sexto lugar entre las causas de muerte, ascendiendo al quinto puesto una década después (Reynoso Noverón & Torres-Domínguez, 2018).

Según el INEGI, en 2023, el cáncer se posicionó como la tercera causa de fallecimiento en el país, con un total de 91 682 casos, siendo el 47.61% hombres y 52.39% mujeres. La tasa de defunciones por tumores malignos presentó un aumento de 1.3 unidades respecto a 2022. Al clasificar los casos por grupo de edad, el 88.05% de los casos de cáncer ocurre en personas de 45 años o más, con una concentración significativa en el grupo de 65 años en adelante, que representa el 55.16% de los casos.

En la Figura 4 se observa de manera gráfica la defunción por tumores malignos en México por estado. Las entidades federativas que presentaron las mayores tasas no estandarizadas por cada 100 mil habitantes fueron: Ciudad de México, con 95.2; Colima, con 82.8, y Sonora, con 82.6. Las más bajas corresponden a Quintana Roo, con 49.4; Guerrero, con 52.0, y Tlaxcala, con 58.8. Al considerar las tasas estandarizadas, la mayor se presentó en Chihuahua, con 86.4, y la menor, en Guerrero, con 51.1.

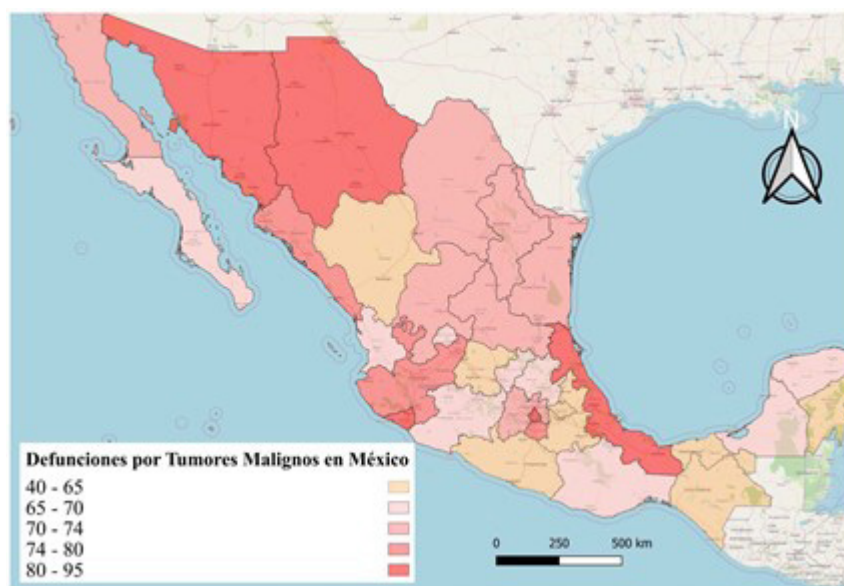


Figura 4. Defunciones por tumores malignos en México por estado (por cada 100 mil habitantes)
Fuente: INEGI 2023.



El cáncer de pulmón (CP) es la principal causa de mortalidad por cáncer en todo el mundo (Schabath & Cote, 2019) y representa el 8.1 % de las muertes anuales relacionadas con el cáncer en México, según Globocan en 2022. En México, los cánceres con mayor índice de mortalidad al año son, en primer lugar, el cáncer colorrectal (8 283), seguido por el cáncer de mama (8 195) y, en tercer lugar, el cáncer de pulmón con 7 808 casos de defunciones, de los cuales el 61.7% de casos son en hombres y un 38.3% en mujeres. En cuanto a incidencia, el cáncer de mama se encuentra en primer lugar (31 043), seguido del cáncer de próstata (26 565), y en tercer lugar se encuentra el cáncer colorrectal (16 082). El cáncer de pulmón, por su parte, ocupa el noveno lugar con 8 257 casos en total (International Agency for Research on Cancer [IARC], 2022).

Estos datos ilustran la magnitud de la situación del cáncer en México, que ha presentado un comportamiento ascendente a lo largo de los años, con consecuencias colaterales como la carga económica y social para el sistema de salud, así como para los pacientes y sus familias. Por lo tanto, es crucial implementar medidas para enfrentar este desafío, como el establecimiento de registros nacionales basados en la población que permitan el uso de estos datos en investigación. Asimismo, es necesario desarrollar nuevas propuestas interinstitucionales para abordar el creciente índice de mortalidad (Reynoso Noverón & Torres-Domínguez, 2018; Instituto Nacional de Estadística y Geografía [INEGI], 2023).

Métodos de diagnóstico

La mayoría de los casos de cáncer de pulmón se detectan en etapa avanzada debido a la ausencia de síntomas tempranos evidentes. El diagnóstico temprano del cáncer de pulmón sigue siendo un desafío porque la mayoría de las técnicas y metodologías disponibles actualmente en uso pueden detectar el cáncer en etapas avanzadas, cuando el tratamiento y la cura no son eficaces para controlar la enfermedad. Un diagnóstico temprano es esencial para aumentar el pronóstico de vida del paciente, especialmente en poblaciones de alto riesgo, como fumadores o personas expuestas a humos, campos petrolíferos o lugares de trabajo tóxicos. El diagnóstico preciso es fundamental para seleccionar el tratamiento más adecuado y personalizado para cada paciente, maximizando las posibilidades de una terapia eficaz (Hammerschmidt & Wirtz, 2009; Nooreldeen & Bach, 2021).

Los estudios por imagen que se utilizan para detectar cáncer de pulmón emplean ondas sonoras, rayos X, campos magnéticos o sustancias radiactivas para obtener una imagen del interior del cuerpo. Este estudio permite encontrar áreas sospechosas que podrían ser cancerosas, saber hasta dónde se ha propagado el cáncer y ayudar a determinar la eficiencia del tratamiento y localizar posibles signos después del tratamiento. Los más usados son radiografía de pecho, tomografía computarizada,



imágenes por resonancia magnética y tomografía por emisión de positrones (Noor-udeen, R., & Bach, H. (2021).

El diagnóstico de CP se basa principalmente en el análisis morfológico de las células pulmonares. Estas se pueden obtener por una citología del esputo, que es la mucosidad de los pulmones que sale al toser, toracocentesis, en donde se extrae líquido alrededor de los pulmones, o mediante una biopsia, usando una aguja o por medio de cirugía (Jain & Roy-Chowdhuri, 2018). En la Figura 5 se ilustran los principales métodos diagnósticos utilizados en el cáncer de pulmón.

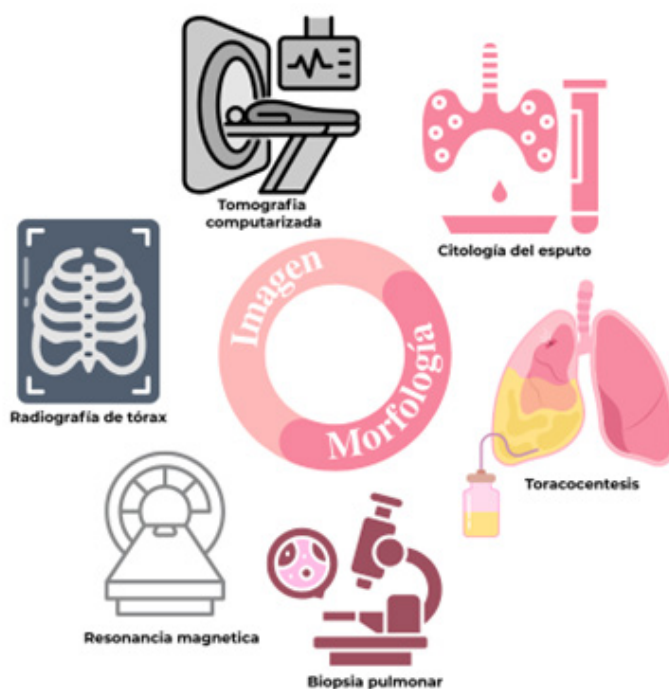


Figura 5. Métodos de diagnósticos del cáncer de pulmón
Fuente: Elaboración propia utilizando Canva

La patología molecular aparece como un campo interdisciplinario que combina la biología molecular y la patología, para analizar ácidos nucleicos y proteínas con el objetivo de diagnosticar, predecir y estipular el pronóstico de la enfermedad, con el fin de guiar el tratamiento de manera más precisa y efectiva. Estos avances han transformado la medicina, especialmente el diagnóstico, ya que hacen posible detectar las alteraciones en los genes causantes de enfermedades, tanto en los fluidos corporales como en tejidos, ofreciendo un enfoque más personalizado a su tratamiento. Además, el análisis de estas variaciones genéticas permite realizar un pronóstico de si la terapia proporcionada será efectiva o causará efectos secundarios. Todo esto es posible gracias al desarrollo de técnicas altamente sensibles como la reacción en cadena de polimerasa (PCR), hibridación fluorescente *in situ* (FISH), la secuenciación de nueva generación y la espectrofotometría de masas, entre otras (Bluth, 2013).



Diagnóstico molecular

Desde su descubrimiento en 1869, el ADN ha marcado un hito en la historia. La evolución tecnológica que hizo posible la secuenciación del genoma se resume en la figura 6. La PCR o reacción en cadena de la polimerasa es una técnica que permite la amplificación de millones a miles de millones de un segmento de ADN; este proceso se lleva a cabo mediante ciclos repetidos de desnaturalización, alineación y extensión. Existen varias técnicas, como la secuenciación de nueva generación (NGS), en la que la PCR juega un papel indispensable (Zhu et al., 2020).

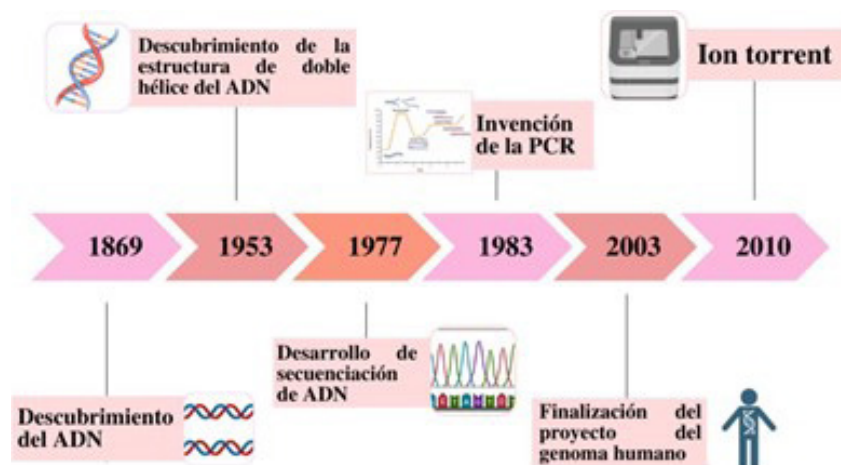


Figura 6. Línea de tiempo para el desarrollo de la secuenciación de nueva generación

Fuente: Elaboración propia utilizando Canva

Las tecnologías moleculares que se han desarrollado en los últimos años, especialmente la NGS, son una herramienta poderosa que permite la secuenciación de miles de millones de moléculas simultáneamente. Este procesamiento masivo genera volúmenes de datos importantes cuya interpretación bioinformática es fundamental (Hu et al., 2021). Dicho análisis ha transformado la búsqueda de tratamientos para enfermedades de alta complejidad y mortalidad, como el cáncer (Mok, 2011).

La secuenciación del ADN es un método para determinar el orden exacto de aparición de los nucleótidos de una región. El primer método de secuenciación, llamado secuenciación de Sanger, fue desarrollado en 1975. Sin embargo, debido a las limitaciones en el rendimiento, la velocidad y la escalabilidad, el método de secuenciación de nueva generación (NGS) fue desarrollado para satisfacer la alta demanda de tecnología de análisis masivo a un precio más bajo y con mayor rapidez (Zhu et al., 2020; Raza & Ahmad, 2016).

El fundamento de NGS es similar a la secuenciación de Sanger, su innovación se encuentra en permitir una secuenciación paralela masiva, donde millones de fragmentos de ADN de una única muestra se secuencian de manera precisa (Raza & Ahmad, 2016). El secuenciador Ion Torrent de Life Technologies fue lanzado



en 2010 y utiliza la secuenciación por síntesis y PCR en emulsión. A diferencia de otros métodos, este no utiliza fluorescencia; detecta la liberación de iones H^+ durante la incorporación de las bases nitrogenadas. Se puede observar en la figura 7 los pasos principales del flujo de trabajo en el Ion Torrent de manera gráfica, que a continuación se describen en detalle (Ion Torrent, s. f.).

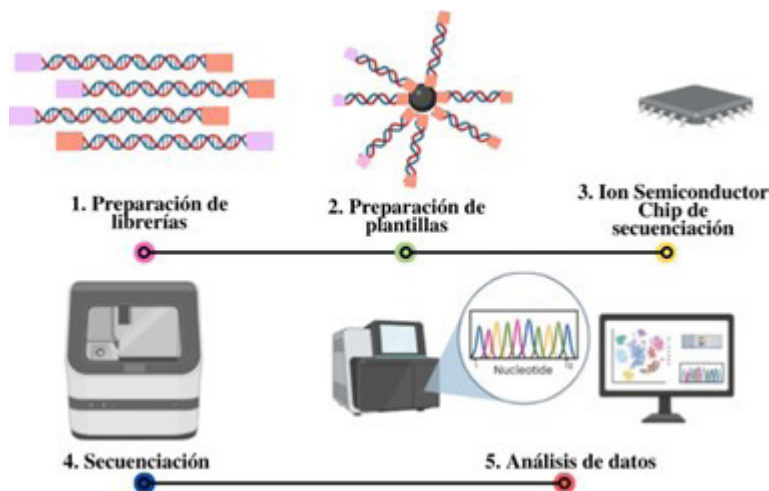


Figura 5. Representación esquemática del flujo de trabajo de secuenciación de Ion Torrent

Fuente: Elaboración propia. Created with BioRender.com

El proceso comienza con la creación de una biblioteca de secuenciación mediante la fragmentación del ADN y la adición de adaptadores específicos. La amplificación clonal se logra mediante un método basado en microesferas sobre partículas (Ion Sphere) en un micro pozo, a través de PCR en emulsión. En este proceso se ligan secuencias de adaptadores a fragmentos de ADN y se capturan posteriormente en una gota de emulsión de agua en aceite (micela), junto con una microesfera cubierta con adaptadores complementarios, desoxirribonucleótidos (dNTPs), cebadores y ADN polimerasa. Cada micela funciona como un micro reactor de PCR, haciendo que la amplificación ocurra de manera independiente (Hu et al., 2021). El núcleo de esta tecnología es un chip semiconductor (CMOS) compuesto por una cámara de flujo y sensores de pH. En este sistema, las micelas se depositan en micro pozos que son inundados secuencialmente con nucleótidos (A, T, G, C) (Hu et al., 2021).

El mecanismo de lectura es directo: cuando un nucleótido se incorpora a la cadena de ADN, se libera un ión de hidrógeno como subproducto natural de la polimerización. El sensor detecta inmediatamente este cambio de pH y lo traduce en una señal digital, eliminando la necesidad de escáneres ópticos (Ion Torrent, s. f.). Este flujo de trabajo, implementado en plataformas como Ion GeneStudio S5 o Genexus, permite generar y analizar datos genómicos de manera rápida y eficiente (Hu et al., 2021).



El análisis molecular de los tumores pulmonares ha permitido el desarrollo de terapias dirigidas que se enfocan en alteraciones genéticas específicas. Ejemplos destacados incluyen inhibidores de tirosina quinasa como gefitinib y erlotinib, dirigidos contra mutaciones en EGFR, así como crizotinib, diseñado para pacientes con reordenamientos en ALK (Quinada del linfoma anaplásico). Estas terapias han revolucionado el tratamiento del cáncer de pulmón, ofreciendo opciones más efectivas y menos tóxicas para ciertos subgrupos de pacientes (Mok, 2011).

La secuenciación de nueva generación está mejorando de manera significativa la comprensión de las anomalías genéticas que provocan la transformación de células normales en células malignas. Las compañías farmacéuticas están desarrollando medicamentos para atacar los cambios que impulsan la proliferación y supervivencia de células cancerígenas, identificando qué tumores responden a los tratamientos de manera particular (Harris & McCormick, 2010).

Impacto del cáncer de pulmón

A pesar de que el análisis molecular y las nuevas tecnologías han permitido la mejora en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades tan mortales como el cáncer. México es un país con una inversión en salud baja. El sistema de salud mexicano se divide en el sector público y privado, con un 93% de la población tratada en instalaciones financiadas con fondos públicos. Esta incluye el Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), que cubre al 50% de la población, el Instituto de Seguridad y Servicios Sociales de los Trabajadores del Estado (ISSSTE). Se estima que solo el 7% de la población tiene un seguro del sector privado.

Un reto importante vinculado con la segmentación y fragmentación del sistema de salud público en México es la diferencia en la cobertura ofrecida por los distintos esquemas de aseguramiento. Esta situación refleja una evidente inequidad en los tratamientos disponibles. Por un lado, el esquema destinado a la población sin seguridad social no contempla los tratamientos necesarios para el cáncer, lo que obliga a financiarlos por sí mismos. Por otro lado, incluso dentro de los subsistemas que atienden a trabajadores con empleo formal existen diferencias en cuanto a las pruebas diagnósticas y medicamentos ofrecidos (Charvel et al., 2019).

La mayoría de los pacientes vive en zonas con poca accesibilidad, que carecen de equipo médico y especialistas en el campo necesario para evaluar la enfermedad, por lo que muchos se ven forzados a desplazarse para recibir atención y tratamiento. Se estima que el 40% de los especialistas oncólogos se encuentra en Ciudad de México, Guadalajara y Monterrey (Arrieta et al., 2019). Los pacientes en México casi nunca tienen acceso a terapias dirigidas de tercera generación, debido a las



severas restricciones de costos. Es por esto que terapias como la radioterapia son importantes para el tratamiento y diagnóstico de CP; sin embargo, el acceso a este aún sigue siendo una limitante. El IMSS ofrece atención de la salud a 74 millones de mexicanos, pero en 2018 solo había 35 aceleradores lineales (LINAC) en el país, y se concentraron en nueve estados, dejando los otros 23 estados sin equipo para esta modalidad de tratamiento.

La prevención en el cáncer es crucial, disminuyendo los factores de riesgo como el tabaco en el caso del pulmón, modificando el estilo de vida y evitando la exposición a la radiación. Las personas con antecedentes de cáncer deben tener mayor precaución y ser asesoradas para un seguimiento. Para poder tener un mayor control sobre el cáncer, es necesario mejorar la planeación de los servicios de salud en todos los niveles, desarrollando una cultura en base a la prevención y el cambio hacia las conductas de riesgo para el desarrollo de alguna neoplasia maligna. Si no se elabora, esto seguirá el mismo patrón que ha llevado a un diagnóstico tardío, altos costos, falta de recursos y alta mortalidad (Reynoso Noverón & Torres-Domínguez, 2018).

Conclusiones

El cáncer de pulmón en México es mucho más que una estadística de mortalidad; representa un profundo desafío de salud pública. Si bien existen factores como el tabaquismo, donde la decisión personal juega un rol clave, persisten riesgos silenciosos como la exposición al humo de leña y al asbesto que continúan vulnerando a grandes sectores de nuestra población sin que estos puedan evitarlo. Ante este panorama, la llegada de la patología molecular y tecnologías como la NGS han permitido dejar atrás la era de los tratamientos genéricos para transitar hacia la medicina de precisión. Entender el perfil genético de un tumor ha dejado de ser un lujo académico para convertirse en una necesidad clínica, siendo la única vía para ofrecer terapias que realmente mejoren la calidad y esperanza de vida de los pacientes. Sin embargo, estos avances científicos chocan con una realidad institucional difícil. La fragmentación del sistema de salud y la falta de recursos crean una brecha dolorosa donde el acceso a estas tecnologías sigue siendo escaso. Por tanto, el futuro del manejo de esta enfermedad en el país requiere un esfuerzo conjunto: mientras que a nivel individual es vital promover la toma de decisiones conscientes y la prevención informada, a nivel colectivo es urgente construir un sistema más justo.

Referencias

Arrieta, O., Zatarain-Barrón, Z. L., Aldaco, F., Barrón, F., Báez-Saldaña, R., Campos-Gómez, S., Trejo, R., & De la Garza, J. (2019). Lung cancer in Mexico.



- Journal of Thoracic Oncology*, 14(10), 1695-1700. <https://doi.org/10.1016/j.jtho.2019.05.018>
- Bluth, M. H. (2013). Introduction: The impact of molecular pathology on the practice of pathology. *Clinics in Laboratory Medicine*, 33(4), 749-751. <https://doi.org/10.1016/j.cll.2013.09.002>
- Brown, J. S., Amend, S. R., Austin, R. H., Gatenby, R. A., Hammarlund, E. U., & Pienta, K. J. (2023). Updating the definition of cancer. *Molecular Cancer Research*, 21(11), 1142. <https://doi.org/10.1158/1541-7786.MCR-23-0411>
- Calderón, F. A. M. (2021). Manifest: Urgent call to ban the use of asbestos in Mexico / Manifiesto: Llamado urgente para prohibir el uso del asbesto en México. *Revista de Investigación en Salud en el Trabajo*, 4(6), 19-29. <https://rist.zaragoza.unam.mx/index.php/rist/article/view/325>
- Charvel, S., Cobo-Armijo, F., Hernández-Ávila, M., Reynales-Shigematsu, L. M., Salas, J., Arrieta, O., Santillán-Doherty, P., Roldán-Xopa, J., Pérez-Cuevas, R., Escudero-de los Ríos, P. M., & Segú-Tolsa, J. L. (2019). Necesidades de cobertura y atención del cáncer pulmonar en México. *Salud Pública de México*, 61(3), 339. <https://doi.org/10.21149/10114>
- Cheng, Y. I., Gan, Y. C., Liu, D., & Chen, Y. (2019). Potential genetic modifiers for somatic EGFR mutation in lung cancer: a meta-analysis and literature review. *BMC Cancer*, 19, 1068. <https://doi.org/10.1186/s12885-019-6317-6>
- Christiani, D. C. (2021). Ambient air pollution and lung cancer: Nature and nurture. *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine*, 204(7), 752-753. <https://doi.org/10.1164/rccm.202107-1576ed>
- Donato, M. T. (2004). ¿Qué es el citocromo P-450 y cómo funciona? *Monografías de la Real Academia Nacional de Farmacia*. <http://bibliotecavirtual.ranf.com/>
- Furuya, S., Chimed-Ochir, O., Takahashi, K., David, A., & Takala, J. (2018). Global asbestos disaster. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 15(5), 1000. <https://doi.org/10.3390/ijerph15051000>
- Ginsberg, M. S., Grewal, R. K., & Heelan, R. T. (2007). Lung cancer. *Radiologic Clinics of North America*, 45(1), 21-43. <https://doi.org/10.1016/j.rcl.2006.10.004>
- Goswami, S., Adhikary, S., Bhattacharya, S., Agarwal, R., Ganguly, A., Nanda, S., & Rajak, P. (2024). The alarming link between environmental microplastics and health hazards with special emphasis on cancer. *Life Sciences*, 355, 122937. <https://doi.org/10.1016/j.lfs.2024.122937>
- Gridelli, C., Rossi, A., Carbone, D. P., Guarize, J., Karachaliou, N., Mok, T., Petrella, F., Spaggiari, L., & Rosell, R. (2015). Non-small-cell lung cancer. *Nature Reviews Disease Primers*, 1(1), 15009. <https://doi.org/10.1038/nrdp.2015.9>



- Hahn, W. C., & Weinberg, R. A. (2015). Cancer: A genetic disorder. En *The Molecular Basis of Cancer* (4.^a ed., pp. 3-18.e1). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-1-4557-4066-6.00001-9>
- Hammerschmidt, S., & Wirtz, H. (2009). Lung cancer: Current diagnosis and treatment. *Deutsches Ärzteblatt International*, 106(49), 809.
- Harris, T. J. R., & McCormick, F. (2010). The molecular pathology of cancer. *Nature Reviews Clinical Oncology*, 7(5), 251-265. <https://doi.org/10.1038/nrclinonc.2010.41>
- Hoek, G., van Tongeren, M., Röösli, M., Jochems, S. H. J., Vilahur, N., Albin, M., Baldi, I., Crowley, Q., Fervers, B., Greinert, R., Consonni, D., Feliu, A., Zeeb, H., Schüz, J., D'Souza, E., Ritchie, D., Espina, C., & Kromhout, H. (2026). European Code Against Cancer, 5th edition - outdoor and indoor air pollution and cancer. *Molecular Oncology*, 20(1), 81-95. <https://doi.org/10.1002/1878-0261.70184>
- Hu, T., Chitnis, N., Monos, D., & Dinh, A. (2021). Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human Immunology*, 82(11), 801-811. <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2021.02.012>
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía. (2023). *Estadísticas de defunciones registradas (EDR) 2023*. <https://www.inegi.org.mx/temas/mortalidad/>
- International Agency for Research on Cancer. (s. f.). *Global Cancer Observatory*. Recuperado el 22 de septiembre de 2024, de <https://gco.iarc.fr/>
- International Ban Asbestos Secretariat. (2025, 29 de septiembre). *Current asbestos bans*. https://ibasecretariat.org/alpha_ban_list.php
- Jain, D., & Roy-Chowdhuri, S. (2018). Molecular pathology of lung cancer cytology specimens: A concise review. *Archives of Pathology & Laboratory Medicine*, 142(9), 1127-1133. <https://doi.org/10.5858/arpa.2017-0444-RA>
- Lebrecht, M. B., Crosbie, E. J., Smith, M. J., Woodward, E. R., Evans, D. G., & Crosbie, P. A. (2021). Targeting lung cancer screening to individuals at greatest risk: the role of genetic factors. *Journal of Medical Genetics*, 58(4), 217-226.
- Malhotra, J., Malvezzi, M., Negri, E., La Vecchia, C., & Boffetta, P. (2016). Risk factors for lung cancer worldwide. *European Respiratory Journal*, 48(3), 889-902.
- Moctezuma Velasco, C. R., & Zarco, M. P. (2009). Cáncer de pulmón. *Anales de Radiología México*, 8(1), 33-45.
- Mok, T. S. K. (2011). Personalized medicine in lung cancer: what we need to know. *Nature Reviews Clinical Oncology*, 8(11), 661-668. <https://doi.org/10.1038/nrclinonc.2011.126>
- Nooreldeen, R., & Bach, H. (2021). Current and future development in lung cancer diagnosis. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(16), 8661. <https://doi.org/10.3390/ijms22168661>



- Prudkin, L., Tang, X., & Wistuba, I. I. (2009). Germ-line and somatic presentations of the EGFR T790M mutation in lung cancer. *Journal of Thoracic Oncology*, 4(1), 139-141. <https://doi.org/10.1097/JTO.0b013e3181915f92>
- Raza, K., & Ahmad, S. (2016). *Principle, analysis, application and challenges of next-generation sequencing: a review*. arXiv. <https://arxiv.org/abs/1606.05254>
- Reynoso Noverón, N., & Torres-Domínguez, J. A. (2018). Epidemiología del cáncer en México: carga global y proyecciones 2000-2020. *Revista Latinoamericana de Medicina Conductual*, 8(1), 9. <https://www.revistas.unam.mx/index.php/rlmc/article/view/65111>
- Schabath, M. B., & Cote, M. L. (2019). Cancer progress and priorities: Lung cancer. *Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention*, 28(10), 1563-1579. <https://doi.org/10.1158/1055-9965.epi-19-0221>
- Thermo Fisher Scientific. (s. f.). *Ion AmpliSeq DNA and RNA libraries*. Recuperado el 29 de noviembre de 2024, de https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/cms_094273.pdf
- Weinberger, S. E., Cockrill, B. A., & Mandel, J. (2019). Lung Cancer. En S. E. Weinberger, B. A. Cockrill, & J. Mandel (eds.), *Principles of Pulmonary Medicine* (pp. 259-269). Elsevier.
- Zhu, H., Zhang, H., Xu, Y., Laššáková, S., Korabečná, M., & Neužil, P. (2020). PCR past, present and future. *BioTechniques*, 69(4), 317-325. <https://doi.org/10.2144/btn-2020-0057>