

Transición epitelio-mesenquimal (TEM), proliferación y angiogénesis en cáncer de cérvix localmente avanzado (CCLA)

► Leonardo Rojas, Andrés Felipe Cardona, Hernán Carranza, Carlos Vargas, Jorge Otero, Luis Fernando Jaramillo, Pilar Archila, Delma Zea, July Rodríguez, Lucely Cetina

Instituto Javeriano de Oncología, Fundación para la Investigación Clínica y Molecular Aplicada del Cáncer (Ficmac), Bogotá, D.C.

Contacto: a_cardonaz@yahoo.com

Introducción y objetivos. El cáncer de cérvix constituye la segunda causa de muerte por cáncer en los países en vía de desarrollo.

Materiales y métodos. Evaluar la asociación de TEM con la expresión de genes relacionados con proliferación y crecimiento tumoral, y su papel pronóstico en pacientes con CCLA tratadas con quimiorradiación.

Resultados. Se incluyeron 61 mujeres con una edad media de 52 años (DE ± 10); todas tenían CCLA (IIA 2,3% / IIB 47,5% / IIIA 4,9% / IIIB 37,7% / IVA 3,3% / no definido 3,3%) con un volumen tumoral de 6,4 cm (DE $\pm 1,8$ cm) e infección por VPH en el 46%. La mediana para la SLP y SG fue de 6,6 (IC95% 4,0-9,1) y 30,0 meses (IC95% 11-48), respectivamente. Ninguna de las variables tuvo efecto sobre la

SLP, mientras que los niveles del VEGF ($p = 0,026$), EGFR ($p = 0,030$) y el volumen tumoral < 6 cm ($p = 0,02$) influyeron sobre este desenlace. La expresión de Twist y la pérdida de E-cadherina se relacionaron con la expresión de VEGF y EGFR, y también influyeron sobre la SG. Los pacientes que tuvieron $> \text{Twist}$ mostraron una menor SG ($p = 0,0001$), al igual que aquellos con pérdida de E-cadherina ($p = 0,02$). Cuando se asoció la positividad para la expresión de EGFR o VEGF con la presencia de marcadores de TEM, la SG fue aún menor ($p = 0,02$).

Conclusiones. La TEM se relaciona con la expresión de genes de proliferación y angiogénesis, y tiene una influencia sobre el pronóstico del CCLA.

Genotipificación de los gliomas de bajo grado (GBG) en una población de hispanos

► Andrés Felipe Cardona, Leonardo Rojas, Beatriz Wills, Enrique Jiménez, Fernando Hakim, Nicolás Useche, Sonia Bermúdez, Hernán Carranza, Carlos Vargas, León Darío Ortiz

Fundación para la Investigación Clínica y Molecular Aplicada del Cáncer (Ficmac), Bogotá, D.C.

Contacto: a_cardonaz@yahoo.com

Introducción y objetivos. Los GBG presentan alteraciones en TP53, 1p19q, IDH1/2 y ATRX. No obstante, existen GBG negativos.

Materiales y métodos. Se buscó la expresión de P53 y Olig2, la metilación de MGMT (pMGMT), la codeleción 1p19q, las mutaciones en IDH1/2 y el estado de ATRX en 63 pacientes con GBG. La SG se estimó y se comparó entre los grupos y de acuerdo con el genotipo.

Resultados. La media de edad fue de 40,1 años ($\pm 12,3$), el 50% eran hombres y la distribución histológica fue del 61,9%, 25,4% y 12,7% para los AD, OD y OA, respectivamente. La resección quirúrgica fue total en el 47,6%. Las alteraciones en IDH1/2 se encontraron en el 57,1%, pMGMT+ en el 65,1%, la sobreexpresión de p53 y Olig2 en el 30,2% y 44,4%, y la codeleción 1p19q en el 34,9%. La presencia de alteraciones en ATRX fue positiva en el 16%. La mediana de seguimiento fue 15,8 meses (IC95% 7,6-42,0), la SG fue 39,2 meses (IC95% 1,3-114) y el análisis multivariado mostró que pMGMT y 1p19q+ modificaron la SG ($p = 0,039$ y $0,047$).

Conclusiones. Este es el primer estudio que ha evaluado el perfil molecular de los GBG en pacientes hispanos. Los resultados confirman el valor de pMGMT y de 1p19q, sin encontrar una relación positiva para IDH1/2. Las alteraciones en ATRX se limitan a la población de pacientes con AD que son IDH1+/1p19q-.