

C0390 - IMPACTO CLÍNICO DE UN PATRÓN DE CADENAS LARGAS DE ARN EN EL GLIOBLASTOMA MULTIFORME

S. Torres Bayona¹, J. Auzmendi², P. Aldaz², J. Andermatten¹, A. Elúa¹, A. Mateu² y E. Úrculo¹

¹Hospital Donostia, San Sebastián, España. ²Biodonostia, San Sebastián, España.

Resumen

Objetivos: El GBM es resistente al tratamiento en virtud de sus características biológicas que pueden ser comprendidas desde el punto de vista tisular, celular y molecular. Sin embargo, el mecanismo molecular exacto del GBM es aún desconocido. Los ARN no codificantes de cadena larga (LncRNAs, del inglés *Long Non Coding RNA*) han surgido recientemente como reguladores en procesos fisiológicos y patológicos. Distintos estudios, indican que la expresión aberrante de algunos LncRNAs puede jugar un papel en la patogénesis del GBM y que podrían estar asociados con su pronóstico.

Métodos: Caracterizamos la expresión de un patrón de LncRNAs en 43 pacientes intervenidos de glioma de bajo y alto grado.

Resultados: Observamos que su expresión era elevada en muestras de glioma de bajo grado y se reducía en los de alto grado, siendo los menores valores en la cohorte de GBM. Además, se estratificaron los GBMs en base a la expresión de los LncRNAs, en altos y bajos, presentando estos últimos menor supervivencia de los pacientes, aunque no se encontró correlación estadísticamente significativa. A nivel molecular se identificó una correlación inversa con los genes SOX1, SOX2 y SOX9, genes cuyos niveles elevados se han correlacionado anteriormente con menor supervivencia y peor pronóstico. Además, mediante ensayos funcionales hemos revelado el importante papel que desarrollan estos LncRNAs en relevantes procesos fisiopatológicos como la proliferación celular y la autorenovación lo que conforma este patrón de LncRNAs como posibles dianas terapéuticas en este tipo de cáncer.

Conclusiones: Hemos demostrado que algunos LncRNAs se expresan diferencialmente en el GBM, cuando se compara con el tejido cerebral normal y con tejido de glioma de bajo grado, y que, la reducción de su expresión se asocia a la progresión y malignización de los gliomas. En general, estos resultados subrayan el impacto que estos LncRNAs podrían tener como marcador diagnóstico y pronóstico en el GBM.