Neurocirugia. 2018;29(Espec Congr):13

Neurocirugía

https://www.revistaneurocirugia.com

C0263 - UTILIDAD DEL ANÁLISIS DE LA PRESENCIA DE AMPLIFICACIONES GÉNICAS EN LA ESTRATIFICACIÓN PRONóSTICA DE LOS GLIOBLASTOMAS PRIMARIOS

M. González-Tablas Pimenta[1], *Á. Otero Rodríguez*[2], *P. Sousa Casasnovas*[2], *L. Ruiz Martín*[2], *D. Pascual Argente*[2], *J.A. Orfao de Matos Correia e Vale*[1] *y M.D. Tabernero Redondo*[2]

[1]*CIC IBMCC-CSIC/USAL/IBSAL, Salamanca, España.* [2]*Hospital Universitario de Salamanca, Salamanca, España.*

Resumen

Objetivos: Las características genéticas en los glioblastomas multiformes (GBM) apenas se emplean en la práctica clínica para el manejo de los pacientes. Nos propusimos analizar la presencia de amplificaciones génicas y su utilidad pronostica y en la subclasificación de tumores histológicamente idénticos.

Métodos: Se analizaron 347 muestras de pacientes adultos con GBM primarios mediante chips de SNP: 50 K, 100 K, 250 K, 500 K, Array 6.0, CytoScan750K y HDarrays (Affymetrix). Para el análisis estadístico se utilizo el programa SPSS (SPSS 17.0, IBM SPSS) realizando las curvas de supervivencia mediante el método Kaplan-Meier con el test log-rank para establecer las diferencias estadísticas entre los distintos grupos de pacientes.

Resultados: El análisis genético reveló que las células tumorales presentan una gran heterogeneidad de alteraciones y que existe un número no despreciable de GBM con amplificaciones génicas (45%), pudiendo coexistir más de una amplificación génica y/o alteraciones en el número de copias de los cromosomas. De acuerdo al patrón de amplificación génica se definieron 5 subgrupos de GBM: GBM que no presentan amplificaciones génicas (55%); GBM con amplificación aislada del gen EGFR (18%); GBM con amplificación de EGFR asociada a otras amplificaciones génicas (11%); GBM con amplificación aislada de los genes MDM4, PDGFRA y CDK4 respectivamente (10%) y GBM con varias amplificaciones de los genes MDM4, PDGFRA y CDK4 sin afectación del gen EGFR (6%). Estos patrones presentan asociación con la supervivencia global de los pacientes ($p > 0,001$).

Conclusiones: Nuestros resultados revelan: 1º) que las células tumorales de los GBM muestran perfiles génicos complejos, con alteraciones numéricas de cromosomas asociadas o no con la presencia de una o varias amplificaciones génicas. 2º) Los subgrupos de GBM establecidos en el estudio tienen valor pronostico estadísticamente significativo y 3º) permiten subclasificar los GBM en grupos homogéneos con utilidad terapeútica.

1130-1473/© 2018 Sociedad Española de Neurocirugía. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados.