



## O-008 - CAMBIOS EN LA EXPRESIÓN GÉNICA EN CONTEXTO DE INFECCIÓN PERITONEAL TRAS CIRUGÍA DE CÁNCER COLORRECTAL

Montcusí Ventura, Blanca<sup>1</sup>; Mayol Girbau, Xavier<sup>2</sup>; Pascual Damieta, Marta<sup>1</sup>; Alonso Gonçalves, Sandra<sup>1</sup>; Salvans Ruiz, Silvia<sup>1</sup>; Jiménez Toscano, Marta<sup>1</sup>; de Miguel Palacio, Maite<sup>1</sup>; Pera Román, Miguel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Hospital del Mar, Barcelona; <sup>2</sup>Institut Hospital del Mar d'Investigacions Mèdiques (IMIM), Barcelona.

### Resumen

**Objetivos:** Varios estudios han demostrado que la fuga anastomótica y la consiguiente infección peritoneal se asocian a porcentajes más elevados de recurrencia tras cirugía de cáncer colorrectal. Nuestra hipótesis propone que la respuesta de las células tumorales residuales al ambiente inflamatorio creado por la infección, activa ciertas vías de progresión tumoral que facilitan la recurrencia. El objetivo fue identificar genes diferencialmente expresados por el efecto de la infección peritoneal y, de esta forma, establecer perfiles de expresión génica asociados a este mayor riesgo de recurrencia.

**Métodos:** Estudio de cohorte con controles apareados que incluyó pacientes con infección peritoneal tras cirugía de cáncer colorrectal y pacientes sin complicaciones. La línea celular de cáncer colorrectal HT-29 fue tratada con muestras de plasma postoperatorias diluidas al 10% en medio de cultivo. El análisis de expresión génica se realizó mediante el array Human Gene 2.0 ST de Affymetrix, sobre extractos celulares de RNA aislados tras 24 horas de tratamiento.

**Resultados:** El análisis de expresión génica mostró una gran heterogeneidad en la respuesta de la línea celular al tratamiento con el plasma de los pacientes. De las parejas analizadas, identificamos un grupo de genes sobreexpresados ( $\geq 1,7$  veces) y otro de inhibidos ( $\leq 0,7$  veces) en al menos la mitad de los pacientes infectados, distribuidos de forma variable según el gen. Algunos de estos genes están implicados en mecanismos de progresión tumoral. Esta variabilidad es consistente, con una gran dispersión en los patrones de expresión de citoquinas en sangre periférica, analizados en cohortes similares.

**Conclusiones:** La respuesta celular tumoral a un ambiente inflamatorio asociado al riesgo de recurrencia es compleja y heterogénea, dependiendo de cada paciente. El análisis de expresión génica propio de esta respuesta, combinado con el estudio de otros posibles biomarcadores, podría ayudar a identificar patrones génicos predictivos del riesgo de recurrencia.