



OR-013 - DETERMINACIÓN DEL PERFIL GENÉTICO DEL CÁNCER DE PÁNCREAS A TRAVÉS DE LA BIOPSIA GUIADA POR ECOENDOSCOPIA. ESTUDIO RETROSPECTIVO OBSERVACIONAL UNICENTRICO

Mata, Rodrigo; García Illescas, David; Fabregat Franco, Carles; Acosta Eyzaguirre, Daniel; Mirallas, Oriol; Aguilar, Susana; Macarulla, Teresa; Pando, Elizabeth

Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona.

Resumen

Introducción: En los últimos años ha cobrado interés el uso de la medicina personalizada en el adenocarcinoma pancreático, en donde entre un 10-25% de casos pueden presentar mutaciones candidatas a tratamiento dirigido con nuevos diana específicos. Para esto se requiere de muestras de tejido tumoral suficiente con las que se pueda realizar un análisis genómico tumoral, el cual desgraciadamente es difícil de obtener en etapas tempranas de la enfermedad. La biopsia guiada por ecoendoscopia (BEE) con aguja hueca parece ser prometedora con respecto a ser capaz de obtener material suficiente para el análisis genómico mediante Next Generation Sequencing (NGS). A pesar de esto existe poca evidencia que pueda determinar su eficacia.

Objetivos: Evaluar si la biopsia con aguja hueca guiada por ecoendoscopia del tumor pancreático primario proporciona tejido suficiente para el análisis del perfil genético mediante técnicas de Next Generation Sequencing (NGS).

Métodos: Estudio retrospectivo desde marzo 2020 hasta abril 2021, a través de historia clínica electrónica. Pacientes con cáncer pancreático en los que se realizó una BEE dentro de práctica clínica habitual (usando Olympus GF-UCT140 endoscopic ultrasound and aguja endoscópica ACQUIRE 22G, Boston Scientific) y comprobación de validez de material mediante la técnica Rapid On Site Evaluation. Se realizó NGS (Amplicon) sobre las biopsias obtenidas mediante BEE. Los pacientes dieron su permiso para la BEE y el análisis molecular mediante la firma de consentimiento informado. Se recopiló información clínica y perfiles genéticos para realizar un análisis descriptivo.

Resultados: Se incluyeron 39 pacientes con cáncer pancreático con una mediana de edad de 67,4 años. En el momento de realizar la BEE, la enfermedad localizada fue el estadio más frecuente: *borderline* resecable (28,2%), localmente avanzado (23,1%) y resecable (15,4%), seguido de estadio metastásico (33,3%). Los pacientes metastásicos no tenían otras lesiones accesibles para biopsia convencional diferentes del tumor primario. La localización más habitual fue la cabeza pancreática (48,7%), cuello y cola (12,8% cada una) y el cuerpo (25,6%). Del total, 28 muestras (71,8%) fueron analizadas mediante NGS con éxito, correspondiendo 5 de 13 pts (38,5%) a estadio metastásico, 8 de 9 (88,9%) a localmente avanzado, 9 de 11 (81,8%) a *borderline* y 6 de 6 (100%) tenían enfermedad resecable. Las dos mutaciones más frecuentemente encontradas fueron KRAS i TP53 con un 91,7%

cada una de ellas. También encontramos mutaciones en CDKN2A, SMAD4 y NF2 en un 8,3% cada una. El 16,7% no presentaron alteraciones genéticas tras valoración exitosa con NGS. No se reportó ninguna complicación inmediata tras la BEE.

Conclusiones: La BEE puede proporcionar suficiente tejido tumoral para realizar un análisis molecular en pacientes con adenocarcinoma pancreático. El análisis molecular fue exitoso en la mayoría de los casos con enfermedad localizada. Podría ser implementada como práctica clínica habitual en pacientes con adenocarcinoma que no tengan otras lesiones accesibles más que el primario para agilizar tratamiento personalizado precoz. La principal limitación recae en ser evidencia retrospectiva, por lo que se recomienda ampliar el estudio con n de mayor tamaño de forma prospectiva.