



8 - RELEVANCIA DE MUTACIONES EN EL GEN *USP8* EN TUMORES HIPOFISARIOS SILENTES DE LA LÍNEA CORTICOTROPA

C. Guillén^{1,5}, A. García², J. Sottile⁵, L.M. Valor⁵, L. Martínez^{5,7}, M.E. García², M.E. Torregrosa^{5,6}, J. Abarca^{4,5}, R. Luque² y A. Pico^{1,3,5}

¹Servicio de Endocrinología y Nutrición, Hospital General Universitario Dr. Balmis, Alicante. ²Cell Biology, Physiology and Immunology Department, Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba. ³Departamento de Medicina Clínica, Universidad Miguel Hernandez, Elche. ⁴Neurocirugía, Hospital General Universitario Dr. Balmis, Alicante. ⁵Neuroendocrinología y Patología tumoral hipofisaria, Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante. ⁶Análisis clínicos, Hospital General Universitario Dr. Balmis, Alicante. ⁷Anatomía patológica, Hospital General Universitario Dr. Balmis, Alicante.

Resumen

Introducción: Las mutaciones del gen *USP8* son los cambios impulsores más comunes en los tumores hipofisarios corticotropos funcionantes (TCF). Tienen un efecto directo sobre el proteoma de las células a través de la alteración del proceso de ubiquitinación y la expresión génica. Su importancia en los TC silentes (TCS) es menos conocido. El objetivo del estudio es cuantificar la frecuencia de mutaciones somáticas de *USP8* en una serie de CTS y de CTF y los efectos de las mutaciones en SCT.

Métodos: Seleccionamos 23 tumores de la línea corticotropa, de los cuales 11 eran TCS, de nuestra colección de PitNET. Recogimos los datos clínicos, radiológicos, inmunohistoquímicos y moleculares anonimizados de la base de datos del Registro Molecular Español de PitNET (REMAH). Las mutaciones del gen *USP8* se identificaron mediante secuenciación Sanger. La extracción de ADN y ARN y la síntesis de ADNc se realizó en el laboratorio Apoyo a la Investigación de ISABIAL. Realizamos RT-qPCR para los siguientes ensayos: MSH6, CASP8, SSTR2, SSTR5, EGFR, CABLES1, HSF1, AP-1, PD-L1, GH1, FSHB, LHB, TSHB, PRL, POMC, AVPR1B, CRHR1, TBX19, NEUROD1, POU1F1, GATA2, ESR1, SF1.

Resultados: Se han identificado diez mutaciones somáticas diferentes en 11 pacientes, resultando en una frecuencia del 47,83% en nuestra cohorte. Todas las mutaciones fueron heterocigóticas y todas se ubicaron en el exón 14 del gen *USP8*. Los CTS *USP8*-mutados eran más jóvenes que los CTS *USP8*-no mutados ($p = 0,006$). No hubo diferencias significativas entre otras variables clínicas y radiológicas. Se observaron diferencias estadísticamente significativas entre los CTS *USP8* mutados y los *USP8*-no mutados en la expresión de los genes CRHR1 ($p = 0,010$), TBX19 ($p = 0,031$), CASP8 ($p = 0,010$), SSTR2 ($p = 0,011$) y SSTR2/Coeficiente SSTR5 ($p < 0,001$).

Conclusiones: Las variantes de SCT con mutación *USP8* muestran un perfil más diferenciado que podría evolucionar a enfermedad de Cushing durante el período de seguimiento.