



ANÁLISIS DE EXPRESIÓN GÉNICA DEL CARCINOMA DUCTAL DE PÁNCREAS MEDIANTE NANOSTRING EN RNA DE MUESTRAS OBTENIDAS POR USE-PAAF

L. Pedrosa¹, I.K. Araujo², S. López³, J. Maurel⁴, M. Cuatrecasas³, O. Sendino², T. Saurí⁴, G. Soy², G. Fernández-Esparrach², F. Ausania⁵, E.C. Vaquero⁶ y À. Ginès²

¹Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer (IDIBAPS), Barcelona. ²Unidad de Endoscopia Digestiva, Servicio de Gastroenterología, Hospital Clínic de Barcelona. ³Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Clínic de Barcelona. ⁴Servicio de Oncología, Hospital Clínic de Barcelona. ⁵Servicio de cirugía hepatobiliopancreática, Hospital Clínic de Barcelona. ⁶Servicio de Gastroenterología, Hospital Clínic de Barcelona.

Resumen

Introducción: El pronóstico de los pacientes con ACDP sigue siendo muy malo. La medicina personalizada podría ser una opción de mejora a través del hallazgo de biomarcadores que permitiesen escoger la diana terapéutica más adecuada.

Objetivos: Evaluar la idoneidad del material de ACDP obtenido mediante USE-PAAF para el análisis de expresión de ARNm mediante tecnología digital Nanostring y determinar su correlación con el de la pieza de resección quirúrgica.

Métodos: Se utilizaron agujas de citología 22G/19G (n = 9 en ambos casos) (EUS-3 CookR Olympus EZ-shotR). El número de pases se decidió en base a la valoración "in situ" de la muestra. Se realizó un pase extra para asegurar una cantidad adecuada de la misma para el análisis molecular. La extracción del ARN se practicó en los bloques celulares (obtenidos de las muestras citológicas de USE-PAAF) embebidos en HistoGel y en las correspondientes muestras parafinadas de la pieza de resección. La expresión génica se analizó mediante NanoString nCounter (NanoString Technologies; Seattle, WA) con el sistema nCounter CodeSet (Integrated DNA Technologies, BVBA, Belgium). Se analizó un panel de 52 genes (cancer associated fibroblasts, immune/myeloid-monocytic cells and checkpoint blockade and epithelial-mesenchymal transition). Se desarrollaron heatmaps para comparar los PEG de cada par de muestras.

Resultados: Se incluyeron 18 pacientes con ACDP (11 mujeres, 4 hombres). La media de pases fue de $1,7 \pm 0,7$. Los 18 pares de muestras superaron las pruebas de control de calidad de ARN para el análisis genómico con Nanostring. El PEG identificado en los bloques celulares fue diferente del de la correspondiente pieza quirúrgica. Así, en el material procedente de la USE-PAAF predominó la expresión de genes relacionados con la respuesta inmune, mientras que en las piezas quirúrgicas la expresión génica de fibroblastos fue dominante.

Conclusiones: La determinación del PEG mediante Nanostring es factible a partir del material obtenido por USE-PAAF. Éste parece ser un buen material para establecer el inmunofenotipo del

ACDP, pero no para identificar tumores susceptibles de tratamientos que tengan como diana los fibroblastos.