



P-491 - METODOLOGÍA PROTEÓMICA EN EL PRONÓSTICO Y TRATAMIENTO DEL CÁNCER GÁSTRICO

Ugarte Sierra, Bakarne¹; Losada Rodríguez, Joaquín²; Losada Rodríguez, Miguel³; Ibáñez Aguirre, Francisco Javier¹; Sarria Arostegi, Rafael⁴; Rolando Grandes, Pedro⁴

¹Hospital de Galdakao-Usansolo, Galdakao; ²Hospital de Cruces, Barakaldo; ³Universidad de Granada, Granada; ⁴Universidad del País Vasco UPV-EHU, Leioa.

Resumen

Introducción: La incidencia de cáncer gástrico en la inmunodeficiencia común variable (IDCV) es menor del 1%. El riesgo de muerte en la IDCV es once veces mayor en complicaciones no infecciosas, como el cáncer. La nueva clasificación de las inmunodeficiencias primarias de 2014, identifica más de 30 nuevos genes anómalos, que podría ayudar a explicar posibles mecanismos de carcinogénesis.

Objetivos: Analizar una población de 19 pacientes con 21 adenocarcinomas gástricos de tipo intestinal, en todos los estadios de la clasificación pTNM, a los que se les ha determinado el perfil proteómico. Evaluar una muestra de esta población, que consiste en una paciente con inmunodeficiencia común variable (IDCV) con tres adenocarcinomas gástricos. Definir el cociente de cuantificación QR (relación tejido sano/tejido tumoral) y su relación con el pTNM para cada tumor.

Métodos: El material corresponde al estómago de una paciente con IDCV, intervenida quirúrgicamente por una neoplasia epitelial multifocal, con diferentes tipo celulares y estadios, en la que se han recogido muestras de las zonas tumorales (TU) y como control, una zona sana del mismo estómago, alejada de los tumores (SA). De los tres cánceres gástricos, uno es adenocarcinoma tipo intestinal invasivo (estadio IIB) y dos carcinomas intramucosos (uno de tipo papilar-vellositario y el otro de células en anillo de sello, ambos estadios IA). Hemos realizado proteómica dirigida por cromatografía líquida y espectrometría de masas. Las proteínas seleccionadas para el estudio han sido EGFR1 MK01, MK03, FKBP1A, AKT1. En este trabajo presentamos los datos obtenidos del EGFR. Estos datos de cuantificación han sido relacionados con el pTNM de cada lesión. Para el análisis estadístico de los datos hemos utilizado el software MatLab, siguiendo los criterios estandarizados para el análisis estadístico en proteómica.

Resultados: Presentamos una mujer de 52 años, con diagnóstico de IDCV en 1994, que presenta un cáncer gástrico multifocal en 2014, realizándose una gastrectomía total con esófago-yeyunostomía en Y de Roux, linfadenectomía D2. Mostramos la relación de los "QR" de los 19 pacientes con los pTNM. Para el apoyo estadístico hemos simulado 1.000 pacientes y se han visualizado los datos proteómicos en un Box-Plot, representado éstos en tres grupos de estadios I-II, II-III, III-IV. En el caso del adenocarcinoma intestinal invasivo moderadamente diferenciado (IIB), presenta un (QR) para el EGFR menor de 1 (mayor presencia de proteínas en el tejido tumoral). En el caso del

carcinoma intramucoso papilo-vellositario (IA), bien diferenciado muestra un (QR) mayor de 1 (mayor cantidad de proteínas en el tejido sano). Y por último, en el caso del carcinoma intramucoso de células en anillo de sello bien diferenciado (IA), presenta un (QR) < 1 para el EGFR, mostrando un comportamiento proteico más cercano al del adenocarcinoma intestinal invasivo.

Conclusiones: En la muestra presentada el adenocarcinoma intestinal invasivo cumple con la evolución de las cuantificaciones de la población general analizada para el EGFR. Nuestra actitud en la toma de decisión para la resección local del tumor, debería tener en cuenta tanto los datos relativos al subtipo histológico como los datos de cuantificación proteómica.