



## 169 - CARACTERÍSTICAS EPIDEMIOLÓGICAS Y MOLECULARES DEL CÁNCER COLORRECTAL DE INTERVALO (ESTUDIO PILOTO)

G. Ibáñez-Sanz<sup>1,2,3,4</sup>, N. Milà<sup>1</sup>, S. García-Mulero<sup>1</sup>, M.H. Alonso<sup>1</sup>, J. Rocamora<sup>1</sup>, C. Atencia<sup>1</sup>, C. Vidal<sup>1,3,4</sup>, M. García<sup>1,3,4</sup>, R. Sanz-Pamplona<sup>1,3,4</sup> y MSIC-SC grupo de investigación

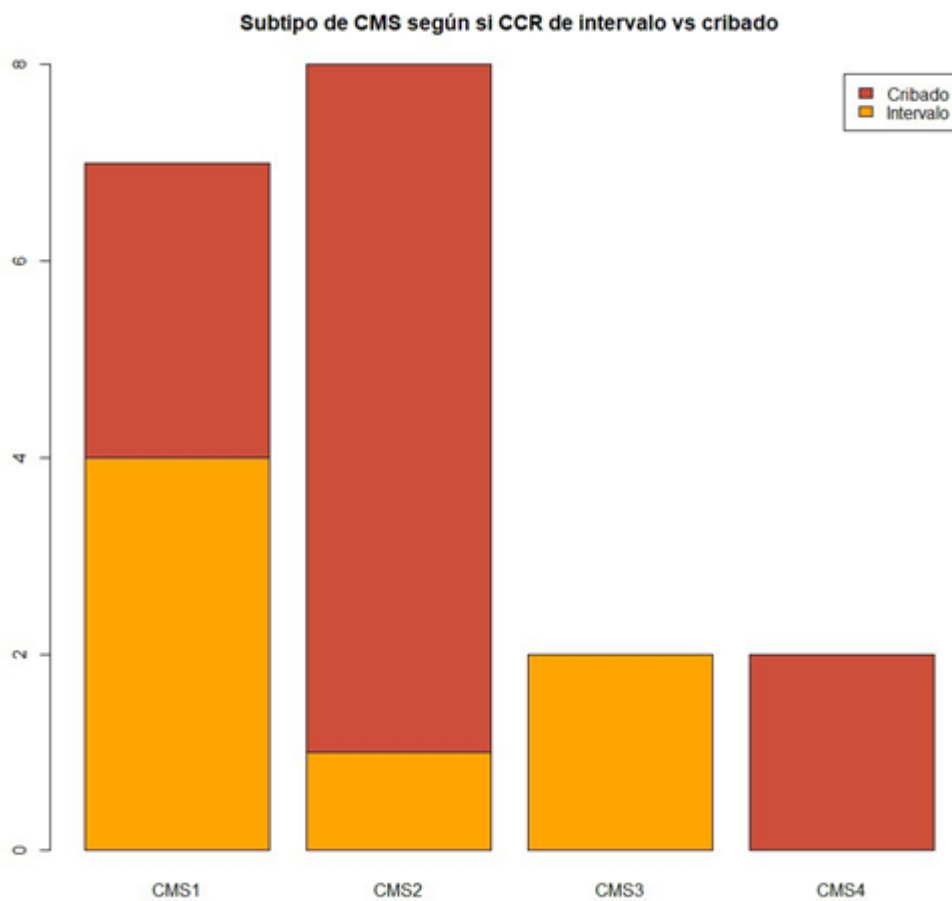
<sup>1</sup>Instituto Catalán de Oncología, L'Hospitalet de Llobregat. <sup>2</sup>Hospital Universitario de Bellvitge, L'Hospitalet de Llobregat. <sup>3</sup>Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), L'Hospitalet de Llobregat. <sup>4</sup>CIBER Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Madrid.

### Resumen

**Introducción:** Los cánceres colorrectales (CCR) de intervalo podrían tener un perfil molecular diferente de los cánceres detectados por cribado. Una clasificación molecular para diferenciar los resultados falsos negativos de la prueba de detección de sangre oculta en heces inmunológica (PDSOHi) de los verdaderos cánceres de intervalo. El objetivo fue valorar la viabilidad de caracterizar los tumores con bloques de parafina mediante la clasificación del consenso de subtipos moleculares de cáncer colorrectal (CMS).

**Métodos:** Estudio piloto de una cohorte retrospectiva de participantes (n = 19) de 50-69 años del programa de cribado del CCR de Barcelona (2010 a 2017). Se definió cáncer detectado por cribado aquel detectado tras una PDSOHi positiva y cáncer de intervalo el diagnosticado clínicamente tras un resultado negativo de la PDSOHi y antes de la próxima invitación al programa de cribado. Se identificaron los casos mediante el conjunto mínimo básico de datos al alta hospitalaria y se recogieron variables sociodemográficas, clínicas y del tipo de diagnóstico (cribado o intervalo). Se extrajo RNA de 7 cánceres de intervalo y 12 de tumores de cribado. Se utilizaron los datos de expresión génica para clasificar los tumores en subtipos del CMS mediante el paquete de R CMS classifier.

**Resultados:** Los datos de expresión génica de microarrays permitieron subtipar los CCRs. Los tumores de intervalo se asociaron más a la localización proximal del colon. Además, a pesar del pequeño tamaño muestral, los resultados muestran una mayor proporción de CMS2 en los cánceres detectados por cribado, mientras que una proporción más alta de cánceres detectados de intervalo era CMS1 y CMS3.



**Conclusiones:** Los resultados preliminares sugieren diferencias en frecuencia del subtipo de cáncer (cribado o intervalo). Estos datos son de un estudio piloto de tamaño muestral muy reducida, pero nos permiten proceder a caracterizar molecularmente 200 tumores.