



15 - IDENTIFICACIÓN DE NUEVOS BIOMARCADORES DE DIAGNÓSTICO Y PRONÓSTICO ASOCIADOS A LA DESREGULACIÓN DE LA MAQUINARIA DE SPLICING EN CRANEOFARINGIOMAS (PÓSTER PRESENTADO)

A.C. Fuentes-Fayos^{a,b,c}, T. Sánchez-Medianero^{a,c}, D.A. Cano^d, A.J. Martínez-Ortega^d, Á. Toledano-Delgado^{a,c}, E. Venegas-Moreno^d, A. Soto-Moreno^d, J.P. Castaño^{a,b,c}, R.M. Ortega Salas^{a,c} y R.M. Luque^{a,b,c}

^aInstituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba. ^bCIBER de Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBERObn). ^cHospital Universitario Reina Sofía. Córdoba. ^dHospital Universitario Virgen del Rocío. Instituto de Biomedicina de Sevilla.

Resumen

Introducción: Los craneofaringiomas (CRNFGs) son tumores epiteliales benignos muy infrecuentes derivados de remanentes de la bolsa de Rathke. Son más prevalentes en la infancia, adolescencia, y adultos 50 años, y normalmente sólo se diagnostican tras asociarse a comorbilidades graves. El tratamiento inicial suele ser la cirugía, pero frecuentemente la resección no es completa, provocando altas tasas de recidivas. Por tanto, es necesario identificar nuevos biomarcadores para diagnosticar, conocer y abordar mejor los CRNFGs. En los últimos años se ha demostrado la existencia de una clara relación entre la desregulación del *splicing* alternativo y la progresión de diversas patologías tumorales.

Objetivos: Determinar el patrón de expresión de los componentes de la maquinaria de *splicing* en CRNFGs, evaluar su posible estado de alteración/desregulación e identificar componentes de esta maquinaria con potencial como biomarcadores diagnósticos/pronósticos.

Métodos: El patrón de expresión de componentes del spliceosoma mayor/menor ($n = 13/4$) y 28 factores de *splicing* (SFs) clave se analizó mediante un *array* de PCR microfluídica en una cohorte de 36 muestras de CRNFGs (primarios/recidivas) en comparación con hipófisis normales (HNs; $n = 11$).

Resultados: Diferentes componentes de la maquinaria de *splicing* y SFs están significativamente alterados en tumores primarios frente a recidivas, y ambos frente a las HNs. El análisis bioinformático identifica RAVER1, RBM22, FBP11 y PRP8 como los factores diagnósticos más discriminatorios de CRNFGs frente a HNs, y como posibles componentes relevantes en el desarrollo tumoral, debido a su importancia fisiológica. Además, la expresión de algunos de estos componentes se asoció con características clínicas.

Conclusiones: El análisis de componentes clave de la maquinaria de *splicing* y SFs asociados podría proporcionar herramientas diagnósticas y/o pronósticas relevantes y ofrecer nuevas dianas con potencial terapéutico en CRNFGs.

Financiación: ISCIII (PI16-00264), MINECO (BFU2016-80360-R), Junta de Andalucía (BIO-0139), CIBERobn.