

estudios de casos y controles sobre la presencia de factores de riesgo en las localidades.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.071>

Morbimortalidad asociada a derivación percutánea de la vía urinaria en pacientes con obstrucción ureteral maligna secundaria a cáncer de cuello uterino

Sandra Milena Sánchez González^{a,b,*},
Lilia Andrea Rojas Garzón^c,
Sonia Isabel Cuervo Maldonado^{a,b,d}, Lorena Torres Viana^{a,b},
Ligia Rosa Olivera Monroy^c, Ricardo Sánchez Pedraza^{a,b,e},
Julio César Gómez Rincón^{b,d},
Rocío del Socorro Jaimes Villamizar Jaimés^f,
Jesús Antonio Acosta Peñalosa^g

^a Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D. C., Colombia

^b GREICAH: Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas en Cáncer y Alteraciones

Hematológicas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D. C., Colombia

^c Grupo de Medicina Interna, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^d Grupo de Infectología, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^e Grupo de Epidemiología Clínica, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^f Grupo Enfermería, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^g Grupo de Ginecología, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

Correo electrónico: samisanchez88@gmail.com (S.M.S. González).

Introducción: El cáncer de cuello uterino es un problema de salud pública en Colombia y el mundo; pese a las campañas de tamización, el diagnóstico se hace de forma tardía y hasta el 60% está en riesgo de obstrucción ureteral maligna. Estudios previos sugieren aumento de la morbilidad y mortalidad por el uso de nefrostomías. Este es un análisis parcial del estudio en curso.

Objetivo: Evaluar la morbimortalidad asociada a nefrostomías en pacientes con obstrucción ureteral maligna secundaria a cáncer de cérvix.

Materiales y métodos: Estudio de cohorte bidireccional entre mayo 2014 - mayo 2016 muestra 109 pacientes con cáncer de cérvix estadio > IIB y obstrucción ureteral; excluidas si derivación por otra patología. Se revisaron las historias clínicas del procedimiento y los ingresos posteriores para definir el motivo de la hospitalización, complicaciones, reintervenciones, infecciones urinarias, perfil microbiológico, mortalidad y sus causas.

Resultados: En el análisis parcial se recolectaron 77 pacientes, fueron jóvenes con intención curativa 70%. Complicaciones del procedimiento 4%. Requirieron reintervenciones el 12%. Las principales etiologías del primer episodio de infección urinaria fueron *E. Coli* (32,4%), *M. Morganii* (14,2%), *S. marcescens*, *E. cloacae* y *P. aeruginosa* (7,1%). Predominaron fenotipo AmpC y resistentes a amino-glucoídidos. Los datos apuntan a disminución de mortalidad.

Se ampliará tiempo de reclutamiento ya que no se completó la muestra requerida.

Conclusiones: La incidencia de infecciones urinarias fue similar a otros dispositivos. Las complicaciones disminuyeron. En el primer episodio de infección por gérmenes AmpC hubo aumento de la resistencia. Los datos parciales sugieren disminución de mortalidad.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.072>

Detección de ADN tumoral circulante en cáncer de cabeza y cuello: oportunidades y retos

Sandra Perdomo^{a,b,i,*}, Patrice H. Avogbe^{a,i,*},
Matthieu Foll^{a,i}, Behnoush Abedi-Ardekani^{a,i},
Violeta Lescher Facciolla^{c,i}, Devasena Anantharaman^{a,i},
Priscilia Chopard^{a,i}, Florence Le Calvez-Kelm^{a,i},
Marta Vilensky^{d,i}, Jerry Polesel^{e,i}, Ivana Holcatova^{f,i},
Lorenzo Simonato^{g,i}, Cristina Canova^{g,i}, Pagona Lagiou^{h,i},
James D. McKay^{a,i}, Paul Brennan^{a,i}

^a International Agency for Research on Cancer (IARC), Lyon, France

^b Institute of Nutrition, Genetics and Metabolism Research, Faculty of Medicine, Universidad El Bosque, Bogotá D. C., Colombia

^c Departamento de Saúde Coletiva, Faculdade Ciências Médicas da Santa Casa de São Paulo, Brazil

^d Instituto Angel Roffo, Buenos Aires, Argentina

^e CRO Aviano National Cancer Institute, Aviano, Italy

^f Charles University, 1st Faculty of Medicine, Czech Republic

^g Laboratory of Public Health and Population Studies, University of Padova, Padova, Italy

^h Department of Hygiene, Epidemiology and Medical Statistics, School of Medicine, National and Kapodistrian University of Athens, Greece

ⁱ Department of Pathology and Laboratories, Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá D. C., Colombia

Correo electrónico: perdomosandra@unbosque.edu.co (S. Perdomo).

El cáncer escamocelular de cabeza y cuello (CECC) representa el sexto tipo de cáncer más común en el mundo (alrededor del 6%). La sobrevida a 5 años oscila entre el 22% y el 60%. En cáncer, una fracción mayor de ADN libre circulante es de origen tumoral (ADNtc) y contiene los cambios genéticos y epigenéticos relacionados con el tumor, siendo un potencial biomarcador no invasivo para el diagnóstico de CECC.

Este trabajo evaluó la detección de ADNtc en CECC utilizando dos aproximaciones diferentes de secuenciación masiva: detección dirigida en plasma de alteraciones previamente encontradas en el tumor y detección ciega de alteraciones en el gen *TP53* en tumor, plasma y enjuagues orales.

36 CECC europeas con muestras de plasma y tumor, 37 CECC de Argentina con tumor fresco, plasma y enjuagues orales. 114 controles sanos pareados fueron incluidos. Todas las muestras fueron secuenciadas por NGS. El 67% de casos con estadios tempranos presentaron mutaciones en *TP53*, *NOTCH1*, *CDKN2A*, *PTEN* y *CASP8* en plasma. El 73% de

los casos tuvieron mutaciones en *TP53*. Se encontró una baja correlación entre la detección ciega de mutaciones en enjuagues orales y/o plasma con respecto a las halladas en el tumor. Se encontraron 13 alteraciones en *TP53* en plasma y 5 en enjuagues orales de controles sanos. La detección de mutaciones puntuales en el ADNtc de CECC es factible en estadios tempranos. La detección de alteraciones en el cfDNA de controles sanos plantea limitaciones en la utilización de ADNtc en la detección ciega de pacientes con CECC.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.073>

Alta prevalencia del subtipo intrínseco luminal B en mujeres colombianas con cáncer de mama

Silvia J. Serrano Gómez^{a,b,*}, María C. Sanabria^a, Gustavo Hernández^a, Óscar García^c, Camilo Silva^d, Alejandro Romero^d, Juan Carlos Mejía^d, Laura Fejerman^e, Lucio Miele^f, Jovanny Zabaleta^d

^a Grupo de investigación en Biología del Cáncer, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^b Programa de doctorado en Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá D. C., Colombia

^c Grupo de Seno y Tejidos blandos, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^d Grupo de Patología, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá D. C., Colombia

^e Department of Medicine, Institute of Human Genetics, University of California San Francisco, San Francisco, CA, USA

^f Department of Genetics, LSUHSC, New Orleans, LA, USA
Translational Genomics Core laboratory, LSUHSC, New Orleans, LA, USA

Correo electrónico: silviajserrano@gmail.com (S.J.S. Gómez).

Introducción: El cáncer de mama es el tipo más frecuente de cancer en mujeres alrededor del mundo. La prevalencia de los subtipos intrínsecos de cáncer de mama varía de forma significativa entre grupos étnicos. Las hispanas/latinas son un grupo poblacional genéticamente heterogéneo con fracciones variables de ancestría europea, africana e indígena. El cáncer de mama en hispanas/latinas ha sido poco estudiado y la mayoría de estudios hasta el momento incluyen un número bajo de mujeres hispanas/latinas asignadas por autoidentificación y no por ancestría genética.

Objetivo: Este es el primer estudio en explorar la prevalencia de los subtipos intrínsecos de cáncer de mama en Colombia y su asociación con variables clínico-patológicas y ancestría genética.

Materiales y métodos: Los sustitutos de inmunohistoquímica propuestos por el consenso internacional de expertos de St. Gallen en 2013 fueron aplicados para clasificar el cáncer de mama en subtipos intrínsecos en 301 mujeres colombianas diagnosticadas entre el 2008 y 2012 en el Instituto Nacional de Cancerología y en el Hospital Universitario del Caribe. La ancestría genética se estimó a partir de un panel de 80 marcadores informativos de ancestría (AIM).

Resultados: Se encontró que el luminal B es el subtipo más prevalente en nuestra población (37,2%), seguido de luminal A (26,3%), triple negativo no basal (11,6%), basal

(9%), HER2-enriquecido (8,6%) y no clasificable (7,3%). La edad promedio de diagnóstico fue 56,6 años y el promedio de tamaño tumoral fue 4,08 cm. Se encontraron diferencias estadísticamente significativas de acuerdo a la región geográfica de Colombia ($p = 0,007$), la edad al momento del diagnóstico ($p = 0,0139$), grado tumoral ($p < 0,001$) y tipo de recaída ($p < 0,001$). Los pacientes diagnosticados con tumores HER2-enriquecido, basales y triple negativo no basal tuvieron la mayor fracción de ancestría africana.

Conclusiones: El luminal B que representa un subtipo de alto riesgo dentro de los tumores que expresan el receptor de estrógeno, ocurre en alta prevalencia en mujeres colombianas comparado con mujeres de Estados Unidos y Europa. Los estudios futuros en los que se analice el perfil molecular del cáncer de mama en las mujeres colombianas nos ayudarán a entender las bases moleculares de esta distribución y comparar las características moleculares de los diferentes subtipos intrínsecos en pacientes colombianas.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.074>

Leucemia/linfoma de células t del adulto (ATLL): presentación de una serie de casos y revisión de la literatura

Víctor Céspedes*, Jaisury Arango, Roberto Jaramillo

Unidad de diagnóstico hematooncológico UDHO, Cali, Colombia

Correo electrónico: [\(V. Céspedes\).](mailto:victorhugocespedes@gmail.com)

Introducción: ATLL corresponde a una neoplasia linfoides de células T constituida por formas altamente pleomórficas asociada a la infección de un retrovirus humano conocido como el virus de la leucemia de células T humano tipo 1 (HTLV-1).

Objetivo: Describir las características inmunofenotípicas de las células neoplásicas en médula ósea y sangre periférica de pacientes con diagnóstico confirmado de ATLL atendidos desde enero 2013 a noviembre de 2014 en un centro de referencia de hemato-oncología de la ciudad de Cali.

Materiales y métodos: Reporte de serie de casos. Se procesaron muestras de médula ósea y sangre periférica de los pacientes ingresados para evaluar la expresión inmunofenotípica en un citómetro de flujo de 8 colores. Se calcularon los porcentajes de todas las poblaciones hematológicas visualizadas y la expresión de los diferentes marcadores en la población neoplásica documentada. Se confirmó la presencia de la infección por HTLV-1 en todos los pacientes incluidos.

Resultados: La muestra corresponde a 12 pacientes con un promedio de edad de 55 años. 6 de los pacientes (50%) tenían muestra de médula ósea y los otros 6 restantes (50%) de sangre periférica. En las muestras evaluadas se encontró una proliferación de células linfoides marcadamente pleomórficas con presencia de formas de aspecto floral cuyo inmunofenotipo documentó una clara y fuerte expresión para CD4 siendo negativos para CD8. Se encontró perdida en la expresión de los marcadores CD3 en 2 pacientes (16,8%), CD5 en el 25,2% (3 pacientes) y CD7 en 11 pacientes (92,4%). El marcador CD25 mostró positividad en todos los casos.

El curso clínico en todos los casos fue agresivo.