

Conclusiones: Se presentan un total de 12 casos diagnosticados como ATLL incluidos entre enero de 2013 y noviembre de 2014, en los cuales fue posible demostrar la infección por HTLV-1. Con el estudio inmunofenotípico por citometría de flujo fue posible demostrar la presencia de una neoplasia linfóide de células T con clara positividad para CD3 y CD4 y pérdida patológica en la expresión de CD5 y principalmente de CD7.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.075>

Caracterización inmunofenotípica por citometría de flujo en pacientes con leucemia mieloide crónica en Cali

Víctor Céspedes^{a,*}, Jaisury Arango^a, Iván Bravo^a, Leonardo Fierro^b, Roberto Jaramillo^a

^a Unidad de diagnóstico hematológico UDHO, Cali, Colombia

^b Escuela de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad del Valle, Cali, Colombia
Correo electrónico: victorhugocspedes@gmail.com (V. Céspedes).

Introducción: La leucemia mieloide crónica (LMC) es la neoplasia mieloproliferativa con mayor tasa de prevalencia a nivel mundial, afectando indiscriminadamente todas las edades y géneros.

Objetivo: Describir las características inmunofenotípicas de células leucémicas en médula ósea y sangre periférica de pacientes con diagnóstico confirmado de LMC atendidos en un centro de referencia de hemato-oncología de la ciudad 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 de las diferentes poblaciones y su estado madurativo en un citómetro de flujo de 8 colores. Se calcularon los porcentajes de todas las poblaciones hematológicas visualizadas en la muestra, incluidas las subpoblaciones de blastos, buscando definir la fase de la enfermedad.

Resultados: Se incluyeron un total de 15 pacientes con diagnóstico de novo de LMC con confirmación por estudio de genética molecular para la t(9;22); 8 mujeres y 7 hombres adultos con un promedio de edad de 50,6 años. En las muestras evaluadas con diagnóstico de LMC se encontró una proliferación de la población mieloide a expensas de la línea neutrófilo con incremento de eosinófilos y basófilos.

El porcentaje de blastos fue menor del 10% en 14 pacientes (93,3%) definiendo un predominio de pacientes en fase crónica y solo un paciente presentaba un porcentaje de blastos del 15,57% demostrando una fase acelerada de la LMC.

El 93,3% presentó alguna alteración en la expresión de marcadores utilizados para evaluar la maduración de la línea neutrófilo, encontrando que la alteración más frecuente fue la expresión anómala para los marcadores CD13, CD11b y CD16 que definió la presencia de bloqueos en la maduración con predominio de formas detenidas en el estadio de mielocito-metamielocito.

Conclusiones: La evaluación inmunofenotípica en LMC documenta alteraciones en la expresión de múltiples marcadores inmunológicos que definen la presencia de bloqueos en la maduración de las poblaciones hematológicas. La CF per-

mite definir con mayor exactitud la fase de la LMC por medio de la determinación del porcentaje de blastos de línea mieloide y linfóide, así como también la presencia de basofilia y eosinofilia asociada con la enfermedad.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.076>

Estandarización del protocolo para la detección de las fusiones TMPRSS2:ERG y de la expresión de los genes EZH2, SPINK-1 y NKX3.1 en cáncer de próstata (CaP)

Yenifer Yamile Segura Moreno^{a,*},
Martha Lucía Serrano López^b

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

^b Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D. C., Colombia
Correo electrónico: yyseguram@unal.edu.co (Y.Y.S. Moreno).

Introducción: Debido a la multifocalidad en el CaP, además de su heterogeneidad histopatológica, el entendimiento sobre el proceso de carcinogénesis requiere un mejor conocimiento. Actualmente se estudian biomarcadores moleculares asociados con aparentes eventos excluyentes en la evolución de la enfermedad que podrían estar direccionando la progresión de la enfermedad y podrían clasificarla.

Objetivo: Estandarizar en muestras FFPE el análisis de la expresión génica de posibles biomarcadores asociados a una clasificación molecular para CaP, como son SPINK-1, EZH2, NKX3.1 y TMPRSS2-ERG.

Materiales y métodos: Se utilizó RT-PCR para la identificación de las fusiones TMPRSS2:ERG y qRT-PCR para la evaluación de la expresión génica de EZH2, NKX3.1 y SPINK-1, como gen de normalizador se utilizó UBC.

Resultados: En este estudio se logró la estandarización de los protocolos para la determinación de la presencia/ausencia de diferentes variantes de la fusión TMPRSS2-ERG y la expresión de los transcritos de EZH2, NKX3.1 y SPINK-1 a partir de muestras FFPE. En general, los datos de expresión mostraron que en comparación con el tejido sano los niveles de EZH2 incrementan en todos los focos preneoplásicos y neoplásicos, mientras que para NKX3.1 y SPINK-1 incrementan en el foco preneoplásico, pero disminuyen en los focos con CaP. Se detectaron las siguientes variantes de fusión TMPRSS2-ERG (T-E): (T:exón1-E:exón 4), (T:exones 1&2-E:exón 5) y (T:exón 1-E:exón 4 o 6).

Conclusiones: La estandarización de estos protocolos en muestras FFPE de CaP permite realizar estudios de subtipos moleculares de manera retrospectiva y asociarlos con el pronóstico sin requerir un tiempo largo de seguimiento.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.077>