

(AACR), *Scholar-in-Training Award*, 2015. Cáncer de tiroides 1 tesis maestría laureada, 1 de doctorado, pasantías internacionales.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.069>

Análisis genético del mestizaje y su relación con el carcinoma gástrico en casos y controles colombianos

Rodrigo Prieto Sánchez^a, John Suarez Olaya^a, Ángel Criollo Rayo^a, Alix Andrea Guevara Tique^a, Mabel Elena Bohórquez^{a,*}, Gilber Mateus^c, Fernando Bolaños^d, Alejandro Vélez Hoyos^e, Paul Lott^b, Luis Carvajal Carmona^b, Ma. Magdalena Echeverry de Polanco^a

^a Grupo de investigación Citogenética, Filogenia y Evolución de Poblaciones, Facultades de Ciencias y Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

^b Genome Center, Department of Biochemistry and Molecular Medicine, School of Medicine-University of California, Davis. GBSF, 451 Health Science Drive Davis, California. 95616-8816. USA

^c Departamento de patología Hospital Federico Lleras Acosta Ibagué, Colombia

^d Unidad de Patología, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Neiva, Colombia

^e Laboratorio de patología Hospital Pablo Tobón Uribe, Laboratorio Dinámica, Medellín, Colombia
Correo electrónico: mebohorquez@ut.edu.co (M.E. Bohórquez).

Introducción: El cáncer gástrico presenta una variación en las tasas de incidencia y mortalidad entre regiones y grupos étnicos de una misma localidad.

Objetivo: Analizar el componente de ancestría en 124 casos colombianos con cáncer gástrico y 972 controles mediante la tipificación de 33.565 SNP autosómicos del panel UK biobank Axyom, con el fin de establecer las posibles relaciones de estos componentes con el riesgo de la enfermedad.

Materiales: Se obtuvieron 124 muestras de sangre de casos y 972 de controles sanos del consorcio CHIBCHA. La clasificación histológica del tumor se realizó según Lauren: intestinal (CGI), difuso (CGD) y mixto (CGM). Se genotipificaron 33.565 SNP autosómicos. Los componentes ancestrales se calcularon empleando el programa ADMIXTURE. Las medidas de resumen y los modelos multivariados se implementaron en lenguaje de R.

Resultados: Los hombres fueron diagnosticados con mayor frecuencia con CGI (54,7%), y en las mujeres fue CGD (58,3%). Los componentes ancestrales de nativos americanos, europeos y africanos fueron significativamente diferentes al comparar casos (0,46, 0,49 y 0,05) y controles (0,41, 0,52 y 0,07) con $p < 0,05$. Aunque los casos diagnosticados con los diferentes tipos histológicos del tumor presentaron ancestría nativa mayor que los controles (0,45, 0,47 y 0,48) en la regresión logística y multinomial, los coeficientes no fueron significativos.

Conclusiones: La ancestría nativa americana tiende a ser mayor en los casos con controles, y en cada uno de los subtipos de CG; se requiere un mayor tamaño de muestra para establecer el aporte real de dicho componente al riesgo de desarrollar la enfermedad.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rccan.2017.02.070>

Localidad de residencia como posible determinante de la incidencia de cáncer de mama en la ciudad de Barranquilla

Rusvelt Vargas Moranth^{a,b,*}, Horacio Oliveros Gámez^a

^a Departamento de Salud Pública, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

^b Grupo de Investigación en Economía de la Salud, Universidad de Cartagena, Colombia

Correo electrónico: rvargas@uninorte.edu.co (R.V. Moranth).

Introducción: En la ciudad de Barranquilla no se dispone de información de tasas ajustadas de morbilidad, tal como ocurre en otras partes del país, con excepción de Cali y Bucaramanga. Sin embargo, desde hace 6 años, luego de la constitución del Registro Poblacional de Cáncer de Barranquilla, se han hecho avances importantes en la captura, procesamiento y análisis de los casos en la ciudad, por lo que se espera tomar esta fuente como referente para realizar un análisis más profundo en relación con la localidad de residencia, tomando en consideración posibles elementos relacionados que pueden ser determinados por el modelo de salud en la ciudad.

Objetivo: Determinar la influencia en la localidad de residencia como posible determinante de la incidencia de Camama en el Distrito de Barranquilla, durante el periodo 2008-2013.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo transversal-ecológico. Se analizó la información de 1.671 casos del Registro Poblacional de Cáncer en Barranquilla, con diagnóstico morfológico y lugar de residencia. Se estableció como variable dependiente el número de casos de Camama y como independiente la Localidad: Suroccidente (SO), Suroriente (SOR), Norte-Centro-Histórico (NCH), Metropolitana (Met) y Riomar (RIO). Se estimaron las tasas de incidencia ($\times 100.000$) según localidad.

Resultados: Promedio: 56,9 años (DE $\pm$ 13,5), 63% del régimen subsidiado. $\approx 70\%$ residían en localidades del sur (MET, SO y SOR). Se observaron diferencias significativas en los promedios de edad al momento del diagnóstico según localidad (F: 5,99; p: 0,0009) siendo mayores en las del norte (RIO: 59,9_{DE} $\pm$ 13,6 y NCH: 58,8_{DE} $\pm$ 13) frente a las del sur (MET: 54,1_{DE} $\pm$ 14,6, SO: 56,5_{DE} $\pm$ 13,8 y SOR: 56,4_{DE} $\pm$ 12,9). Las tasas de incidencia fueron mayores en RIO y NCH: 38,1 y 35 que en SOR (28,8), SO (24,4) y MET (16). No se observaron diferencias significativas por tipo histológico, el grado de diferenciación y metástasis ($p > 0,05$).

Conclusiones: Existen diferencias en las tasas de incidencia en las localidades, es posible explicar esta diferencia a una mayor solicitud de pruebas de tamizaje para detección de estas neoplasias al incremento real relacionado con aumento en otros posibles factores de riesgo. No se establecen relaciones de causalidad, y es necesario realizar