

LA TRANSLOCACIÓN T(9;14)(P13;Q32) EN 3 CASOS DE LINFOMA DE LA ZONA MARGINAL ESPLÉNICA

C. Baró^a, M. Salido^{a*}, B. Espinet^{a*}, A. Domingo^b, I. Granada^c, A. Carrió^d, V. Romagosa^b, F. Millà^c, L. Colomo^d, E. Campo^d, P. Blanco^a, S. Serrano^a y F. Solé^{a*}.

^aLaboratori de Citogenètica i Biologia Molecular. Laboratori de Citologia Hematològica. Servei de Patologia. Hospital del Mar. URNHE-IMAS/IMIM. URTTS-IMAS/IMIM. Barcelona. SPAIN. * Escola de Citologia Hematològica Soledad Woessner-IMAS. ^bServei d'Hematologia. ICO. Ciutat Sanitària i Universitària de Bellvitge. Hospital Prínceps d'Espanya. L'Hospitalet de Llobregat. Spain. ^cServei d'Hematologia. Hospital Germans Trias i Pujol. Badalona. Spain. ^dServei d'Hematopatologia. Hospital Clínic i Provincial. Barcelona. Spain.

Introducción: La translocación t(9;14)(p13;q32) implica los genes *PAX-5/IGH* y fue inicialmente descrita en linfomas linfoplasmocíticos (LPL). A pesar de ello, estudios recientes sugieren que no se trata de una translocación restringida a un determinado subtipo morfológico concreto sino que es recurrente en otros linfomas de célula B. La revisión de la literatura, muestra un único caso descrito de linfoma de la zona marginal esplénica (LZME) asociado a una translocación compleja t(2;9;14)(p12;p13;q32). Por otro lado, los estudios cromosómicos en LZME ponen de manifiesto una alta incidencia de deleciones de 7q así como ganancias de 3q y una baja incidencia de translocaciones implicando 14q32.

Objetivos: Presentar la translocación en 3 casos de LZME diagnosticados citológica, inmunofenotípica e histológicamente así como describir las características de estos pacientes y analizar la implicación de los genes *PAX-5/IGH* en esta patología.

Métodos: En una serie de 160 pacientes diagnosticados de LZME se aplicó la técnica del cariotipado espectral (SKY) en 24 que presentaban un cariotipo complejo. De estos 24, en 3 se puso de manifiesto una t(9;14) y fueron estudiados por hibridación in situ fluorescente (FISH) para determinar la implicación de los genes *PAX-5* e *IGH*. Se utilizaron sondas de split, para *PAX-5* y para *IGH*. En uno de estos casos se comprobó además el reordenamiento *BCL-3/IGH* consecuencia de la translocación adicional t(14;19)(q32;q13) (sonda de split de *BCL-3*).

Resultados: En los 3 pacientes en los que el SKY reveló la t(9;14), se confirmó mediante FISH el reordenamiento de *PAX-5/IGH*. Por otro lado se corroboró la implicación de *BCL-3/IGH* en el paciente con una translocación t(14;19) adicional. Los 3 casos presentaban cariotipos complejos, siendo las alteraciones adicionales más frecuentes la ganancia parcial de 1q (3 casos) y la trisomía 3 (2 casos). Estos pacientes presentaban morfología e inmunofenotipo típicos de LZME a pesar de que dos de ellos ponían de manifiesto un patrón difuso de infiltración esplénica, poco común en esta patología.

Conclusiones: En todos los pacientes la t(9;14) fue hallada después de la aplicación del SKY sugiriendo que los reordenamientos complejos pueden enmascarar ésta alteración. A nivel histológico observamos una asociación de esta traslocación a un patrón difuso de infiltración esplénica, poco común en LZME. Nuestros estudios confirman la rara pero recurrente presencia de la t(9;14) en esta entidad y que no se trata de una alteración específica de un determinado subtipo de Linfoma no Hodgkin (LNH). El pronóstico asociado a los reordenamientos *PAX-5/IGH* en LZME permanece incierto y es necesario un posterior seguimiento de los pacientes para entender mejor el papel de esta alteración en este tipo de linfomas.

Agradecimientos Este estudio ha sido posible en parte gracias a la subvención de GO3/179, PI 030394 y PI 051072 del Ministerio de Sanidad y Consumo así como la Fundació la Marató de TV3 (Cáncer).