

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS LINFOMAS PRIMARIOS CUTÁNEOS DE CÉLULAS T CON MICROARRAYS DE HIBRIDACIÓN GENÓMICA COMPARADA

R. Salgado^a, B. Espinet^a, O. Servitje^b, J. Suela^c, F. Gallardo^d, T. Estrach^e, M.P. García-Muret^f, M. Salido^a, V. Romagosa^g, A. García^h, R. Bordesⁱ, J.C. Cigudosa^c, S. Serrano^a, R.M. Pujol^d, F. Solé^a

^aS.Patología. H del Mar. Barcelona, ^bS.Dermatología. H.de Bellvitge. L'Hospitalet, ^cUnidad de Citogenética. CNIO. Madrid, ^dS.Dermatología. H del Mar. Barcelona, ^eS.Dermatología. H.Clínic. Barcelona, ^fS.Dermatología. H. St Pau. Barcelona, ^gS.Patología. H. de Bellvitge. L'Hospitalet, ^hS.Patología. H. Clínic. Barcelona, ⁱS. Patología. H. St Pau. Barcelona.

Introducción: Los linfomas primarios cutáneos de células T (LCCT) representan el 70% de todos los linfomas cutáneos. Entre ellos, el tipo más frecuente es la Micosis Fungoides/ Síndrome de Sézary (MF/SS), seguido del linfoma anaplásico de célula grande CD30+ (LACG). En estas entidades, las alteraciones citogenéticas son poco conocidas: parece que las aberraciones descritas en sus homólogos nodales no se encuentran en los linfomas cutáneos. El objetivo del estudio fue estudiar las alteraciones citogenéticas (ganancias y/o pérdidas) de los LCCT utilizando la tecnología de arrays de hibridación genómica comparada (array HGC).

Pacientes y métodos: Se incluyeron 36 pacientes en el estudio: 16 MF tumorales, 15 LACG y 5 otros LCCT. Se obtuvo ADN de tejido congelado con una infiltración mínima del 70%. Actualmente, 28 pacientes (13 MFt, 13 LACG y 2 otros LCCT) han sido estudiados por array HGC utilizando el *Humane Genome CGH Microarray Kit 44B* (Agilent Technologies). El array consiste en 44.000 sondas de oligonucleótidos de 60 pb que cubren todo el genoma humano, con una resolución media de 50-100 Kb. Para el análisis se ha utilizado el software *CGH-Analytics 3.2.25*.

Resultados: Un 96% de los pacientes mostraron ganancias o pérdidas genómicas. Entre las 13 MFt, la media de alteraciones por caso fueron 3.5 ganancias y 5.6 pérdidas. La ganancia total o parcial del cromosoma 7 fue la alteración más frecuente, siendo 7q21q36 (61.5%) la región común ganada. Con respecto a las pérdidas, las más observadas fueron las regiones de 13q31.1q33.3 (46.15%) y de 9p21(38.5%). Respecto a los LACG, la media de alteraciones por caso fueron 1.23 ganancias y 4.6 pérdidas, siendo las alteraciones genéticas más relevantes la monosomía 19 (44%), y la pérdida de las regiones 17p12-p13.2 (55%) y 20q12q13.2 (31%).

Conclusiones: -Los LCCT presentan múltiples alteraciones citogenéticas siendo más frecuentes las pérdidas tanto en las MFt como en los LACG. -En la MFt, la ganancia de la región 7q21q36 ha sido la alteración más frecuente. -En los LACG, las aberraciones más comunes han sido la pérdida de 17p12p13.2 y la monosomía 19. -Estos resultados son preliminares: se están analizando más casos para confirmar los hallazgos descritos.

Agradecimientos: Beca FIS PI051827, Xarxa de Limfomes Cutanis de Catalunya.