

## P0311 - CLASIFICACIÓN EPIGENÉTICA DE GLIOMAS A PARTIR DE RESECCIONES QUIRÚRGICAS

*I. Hervás Corpión, J.L. Gil Salú, I. Iglesias Lozano, P. Ramírez Daffós, I. Catalina Fernández, F. Mora López y L.M. Valor Becerra*

*Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, España.*

### Resumen

**Objetivos:** Los gliomas se encuentran entre los tumores cerebrales primarios más frecuentes, con un pronóstico de supervivencia medio de 15 meses en el caso de los glioblastomas. Manifiestan un comportamiento clínico y biológico muy heterogéneo, lo que dificulta la eficacia en el diagnóstico y diseño de terapias eficaces. Aunque las recomendaciones propuestas recientemente por la OMS en cuanto a clasificación e incorporación de parámetros moleculares en el diagnóstico son de suma utilidad en la práctica clínica, consideramos que son necesarias la caracterización e implementación de nuevos marcadores y procedimientos de mejora diagnóstica con una posible repercusión en el perfeccionamiento de la técnica neuroquirúrgica. Basándonos en la novedosa e importante función que desempeña la epigenética en cáncer, concretamente en gliomas, el objetivo central de nuestro estudio es la identificación de nuevos biomarcadores moleculares de carácter epigenético que posean un valor diagnóstico, pronóstico y predictivo de respuesta al tratamiento con el fin de que supongan un avance en la rutina clínica.

**Métodos:** A partir de resecciones quirúrgicas de gliomas de grado II ( $n = 8$ ), III ( $n = 5$ ) y IV ( $n = 18$ ), incluyendo astrocitomas, oligodendrogliomas y glioblastomas, se ha determinado mediante técnicas de inmunodetección el comportamiento que presentan diferentes marcas epigenéticas (modificaciones y variantes de la histona H3) y su correlación con características histopatológicas y clínicas del paciente.

**Resultados:** Nuestros resultados preliminares apuntan a patrones interesantes para algunas de estas modificaciones en resecciones cuyos niveles parecen asociarse a grado y supervivencia, y que según nuestro análisis de componentes principales podrían ser de gran utilidad para clasificar los glioblastomas en mejor y peor pronóstico. La obtención en breve de los primeros mapas genómicos para dichas modificaciones nos permitirá obtener biomarcadores más precisos.

**Conclusiones:** El uso de criterios epigenéticos puede ser susceptibles de ser empleados directamente en resecciones y permitirán mejorar las herramientas actuales de diagnóstico y pronóstico en gliomas.