



<https://www.revistaneurocirugia.com>

OC-57 - ESTUDIO HISTOLÓGICO, GENÉTICO Y DE CORRELACIÓN CLÍNICA DE LAS MUESTRAS OBTENIDAS EN LAS CIRUGÍAS DE RESECCIÓN DE GLIOBLASTOMAS GUIADAS CON 5-ALA

L. Cid Mendes¹, M.D. Tabernero Redondo¹, P.A. Garrido Ruiz¹, A. Otero Rodríguez¹, A.B. Carpio Bojorque¹, D.R. Rodríguez Cedeño¹, A.D. Tapia Moscoso¹, D. Pascual Argente¹, D.A. Arandia Guzmán¹, J. Pérez Suárez¹, J.C. Roa Montes de Oca¹, L. Ruiz Martín¹, L. Torres Carretero¹, R. Uriel Lavín¹, A. García Martín¹, R. Mangas Losada², E. Pablo Martín¹, A. Orfao¹

¹Hospital Universitario de Salamanca, Salamanca, España; ²Hospital Universitario Río Hortega, Valladolid, España.

Resumen

Introducción: Los glioblastomas son el tumor cerebral primario más frecuente. En los últimos años diferentes técnicas intraoperatorias, como el empleo de 5-ALA, han permitido maximizar el alcance de la resección quirúrgica.

Objetivos: Evaluar la composición tumoral en pacientes en los que se ha empleado 5-ALA, teniendo en cuenta la intensidad de la fluorescencia, y analizando los resultados clínicos de los pacientes.

Métodos: Se incluyen pacientes con GBM intervenidos con el empleo de 5-ALA. En cada paciente se intentó recopilar muestras de la zona de fluorescencia intensa, de la zona de fluorescencia débil y de la región sin fluorescencia. Tinción histopatológica con GFAP y Ki67, y las mutaciones genéticas IDH1/2, P53 y ATRX, se realizaron en 34 muestras frescas/parafina que pertenecen a 12 pacientes más metilación de MGMT, citometría de flujo espectral (SFC), secuenciación de próxima generación (NGS) y polimorfismo de un solo nucleótido (SNP). Se analizaron distintas áreas tumorales (núcleo y márgenes del tumor).

Resultados: Se observaron diferencias en cuanto a proliferación y alteraciones histopatológicas entre sexos. La SFC identificó más de 60 subconjuntos de células siendo las células gliales, la microglía y células mieloides las principales. Se observaron tres perfiles genéticos: i) GBM no amplificado (afección del cromosoma 7, de CDKN2A y del cromosoma 10 combinadas con otras ganancias y delecciones cromosómicas); ii) EGFR amplificado; iii) GBM con amplificación ubicada en 1q32,1, 4q12 y/o 12q14,1/12q15. El 78% de GBM presentó alteraciones genéticas similares en el núcleo y áreas adyacentes.

Conclusiones: Nuestro estudio identificó una alta heterogeneidad celular y molecular con un impacto destacable en la estratificación y los resultados clínicos. Fueron encontradas alteraciones comunes de las zonas de fluorescencia débil e intensa. Destacar la necesidad de investigaciones que selecciones perfiles de GBM de cara a disponer de dianas terapéuticas dirigidas.