

CÓDIGO EB50

Variantes del cromosoma filadelfia y anomalías cromosómicas secundarias asociadas a Leucemia Mieloide Crónica

Largo-Peralta, Azucena, Forero-Castro, Maribel, Rondón-Lagos, Milena, Sánchez-Peñarete, Diana, Ortiz-Gil, Sandra

Grupo de Investigación en Ciencias Biomédicas (GICBUPTC)

azucenalargo22@gmail.com

Resumen

La leucemia mieloide crónica (LMC), es una neoplasia mieloproliferativa de las células troncales pluripotentes que conduce a una sobreproducción de granulocitos inmaduros, que provoca de manera temprana un cambio genético en las células mieloides caracterizado por la presencia de una translocación recíproca entre los cromosomas 9 y 22 (fig.1)[1]. Sobre el cromosoma 22 alterado, también conocido como el cromosoma Filadelfia (Ph), se forma el gen fusión BCR-ABL al cual se le ha adjudicado un importante rol patogénico en esta neoplasia. En el 5-10% de los casos de LMC, la t(9;22)(q34;q21.1) presenta reordenamientos cromosómicos que involucran tres o más cromosomas autosómicos provocando así variantes complejas del cromosoma Filadelfia y aproximadamente un 5% de los casos presentan aberraciones citogenéticas adicionales (ACA) a esta translocación. Esta información es importante compartir con la comunidad científica, debido a que los estudios realizados sobre esta problemática pueden brindar hallazgos que favorezcan la selección y aplicación más adecuada de la terapia a pacientes diagnosticados con la enfermedad.

Formulación del problema

Evidencia actual indica que la inestabilidad genética adquirida por la presencia del cromosoma Filadelfia (Ph) y la fusión oncogénica resultante, causa la adquisición continua de ACAs y mutaciones, lo cual conlleva a la progresión de la enfermedad a fase acelerada (AP) y a crisis de explosión (BC)[2].

Objetivos

General Informar a la comunidad científica y en general acerca de las variantes complejas y alteraciones citogenéticas adicionales (ACAs), asociadas al cromosoma filadelfia, que se encuentran con mayor frecuencia en pacientes con LMC y que se han reportado en la literatura e importantes bases de datos de citogenética oncológica.

Específicos:

- Identificar las variantes del cromosoma filadelfia y anomalías cromosómicas adicionales asociadas mediante la revisión sistemática de bases de datos oncológicas.
- Identificar las alteraciones cromosómicas más frecuentes en pacientes diagnosticados con Leucemia Mieloide Crónica.

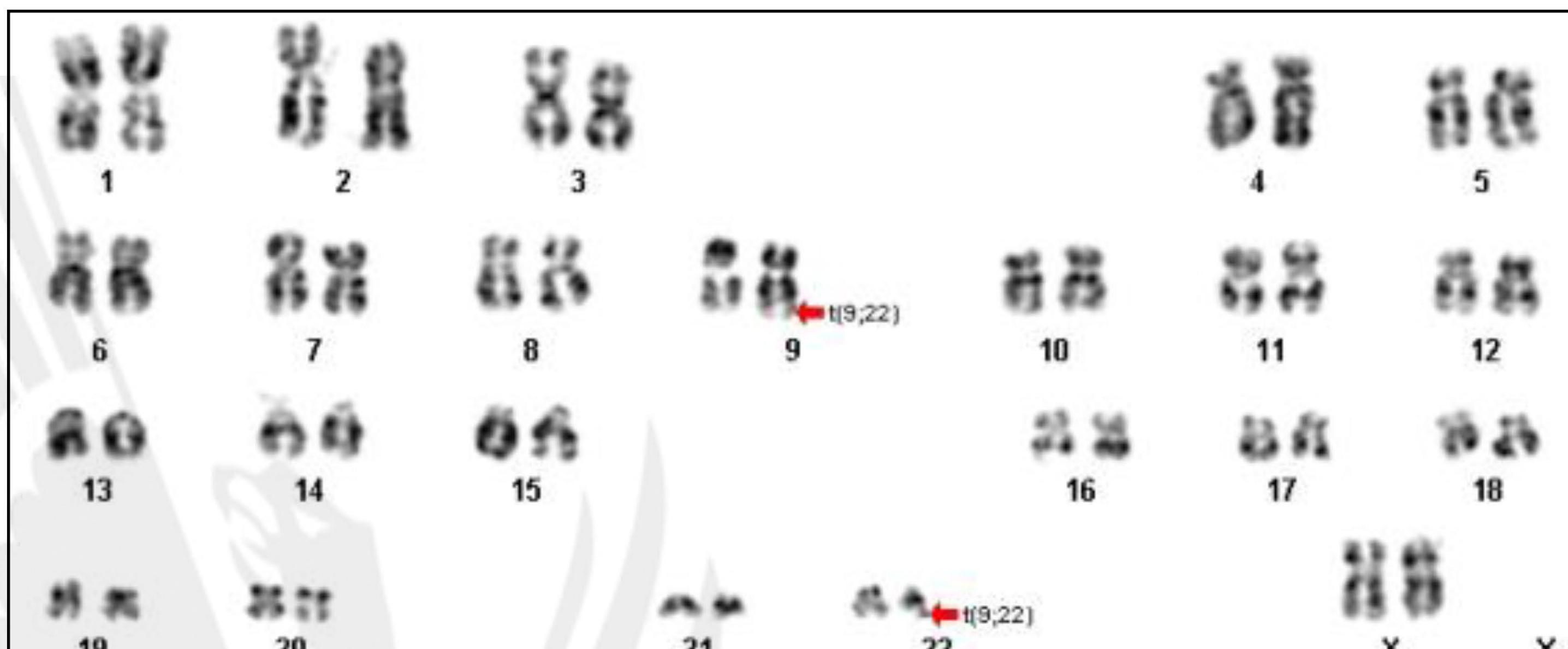


Fig. 1. Alteración típica t(9;22)(q34;q11.2) en leucemia mieloide crónica

Esta imagen es cortesía del laboratorio Biogenética Diagnóstica S.A.S., Bogotá, Colombia.

Bibliografía

- Carlos Alberto Aya Bonilla, José Domingo Torres, Carlos Enrique Muskus, Gloria Ramírez Gaviria, Jorge Cuervo Sierra, Margarita Sierra Sánchez, Vásquez, C. M. M. G. Frecuencia de los transcriptos p190BCR-ABL y p210BCR-ABL en una población colombiana con leucemia mieloide crónica (LMC) usando RT-PCR cualitativa. Iatreia. 2014;
- Fabarius A, Leitner A, Hochhaus A, Müller MC, Hanfstein B, Haferlach C, et al. Impact of additional cytogenetic aberrations at diagnosis on prognosis of CML: Long-term observation of 1151 patients from the randomized CML Study IV. Blood. 2011;118(26):6760-8
- Li, Qian et al. "Co-Existence of Isodicentric Ph Chromosomes and the Three-Way Ph Chromosome Variant t(3;9;22)(P21;Q34;Q11) in a Rare Case of Chronic Myeloid Leukemia." Oncology Letters. 2018.

Metodología

La fase metodológica de este trabajo consistió en realizar una revisión sistemática de las variantes del cromosoma Filadelfia y anomalías cromosómicas adicionales (ACAs) reportadas en la literatura y en las bases de datos de citogenética oncológica, tales como la Mitelman Database of Chromosome Aberrations and Gene Fusions in Cancer (<https://cgap.nci.nih.gov/Chromosomes/Mitelman>) y el Atlas of Genetics and Cytogenetics in Oncology (<http://atlasgeneticsoncology.org/>) (fig.2), con la finalidad de identificar cuáles son las alteraciones más frecuentes en pacientes



Fig. 2. Bases de datos empleadas para la revisión sistemática de alteraciones cromosómicas asociadas a la t(9;22)

Resultados

Lo resultados muestran que las variantes complejas del Ph+, que involucran principalmente los cromosomas 3, 7 y 17 y las ACAs podrían representar un factor de riesgo en LMC, relacionada con la evolución de la enfermedad y una posible resistencia a la terapia [3]. En este sentido, dichos hallazgos podrían ser usados en la selección de la terapia, con miras a la obtención de una mejor respuesta y disminución de resistencia a la misma y consecuente evolución de la enfermedad.

Tabla I. Alteraciones cromosómicas adicionales asociadas a Ph+ y variantes del cromosoma filadelfia

Variantes del cromosoma Filadelfia	ACAs
t(9;22;17)(q34;q11.2;q12)	der(22)
t(3;9;22)(q21;q34;q11.2)	i(17)(q10)
t(7;9;22)(q22;q34;q11.2)	+8
t(1;9;22)(p36;q34;q11)	Cromosoma filadelfia adicional
t(9;11;22)(q34;p15;q11)	-17
t(4;9;19;22)(q25;q34;p13.3;q11.2)	dup(22)(q?)
t(1;9;22)(p36;q34;q11)	idic(22)
t(9;11;22)(q34;p15;q11)	+21
t(6;8;9;22)(q25;p22;q34;q11)	del(1)(q21)
t(1;1;9;22)(p34;q42;q34;q11)	del(2)(p?)
t(9;22;7;1)(q34;q11;q22;p13)	del(6)(p11)
t(6;9;22;11)(p21;q34;q11;q13)	ins(22;9)(q11;q34;q34)
t(9;22;19;10)(q34;q11;p13;q22)	t(17;22)
t(3;9;22;13)(p14;q34;q11;p13)	t(3;6)(q27;q13)
t(7;8;9;22)(p15;q22;q34;q11)	t(1;11)(p34;q13)
t(5;7;9;22)(q13;q11;q34;q11)	t(7;8)(q36;q22)
t(5;9;22;17)(q33;q34;q11;p12)	t(6;8)(q34;q11)
t(6;9;22;8)(q24;q34;q11;q24)	t(1;3)(q23;q26)
t(2;9;22;19)(q24;q34;q11;q14)	t(9;10)(q13;p13)
	t(2;10)(q37;q11)

