

TRASLOCACIÓN PH' VARIANTE EN UNA SERIE DE 47 PACIENTES DIAGNOSTICADOS DE LEUCEMIA MIELOIDE CRÓNICA (LMC)

Vall-Llovera F^a, Grau J^a, Ruiz-Xivillé N^a, Granada I^a, Cabezón M^a, Zamora L^a, Marcé S^a, Morgades M^a, Hermosilla M^b, Fernández C^b, Boqué C^c, Domingo A^d, Escoda L^e, Font L^f, Xandri M^a, Cisneros A^a, Santafé E^a, Sancho JM^a, Xicoy B^a, Navarro JT^a, Orna E^a, Ferrà C^a, Piernas S^a, Sancho E^a, Vrbajarova J^a, Flores A^a, Ribera JM^a, E Feliu^a, F Millá^a.

Hospital Universitari Germans Trias i Pujol. ICO Badalona^a. Hospital Josep Trueta. ICO Girona^b. Hospital Duran i Reynals. ICO Hospitalet^c. Hospital de Bellvitge Prínceps d'Espanya^d. Hospital Joan XXIII de Tarragona^e. Hospital Verge de la Cinta de Tortosa^f.

Introducción: En un 2-10% de las LMC pueden observarse reordenamientos variantes que implican, además de las regiones 9q34 y 22q11, uno o más cromosomas adicionales.

Objetivo: Comparar las características clínico-biológicas y el pronóstico entre la t(9;22) variante y la t(9;22)(q34;q11).

Pacientes y método: Entre los años 2004 y 2006 se realizó el diagnóstico y seguimiento de 47 pacientes afectos de LMC: 41 pacientes en fase crónica, 5 en fase acelerada y 1 en crisis blástica. Se determinaron las siguientes variables: edad, sexo, hemoglobina, leucocitos, plaquetas, blastos en médula ósea, citogenética convencional, FISH BCR/ABL (LSI t(9;22) BCR/ABL Dual Color Dual Fusion Vysis), RT-PCR del gen de fusión BCR/ABL, tratamiento, respuesta citogenética menor, mayor y completa, respuesta molecular mayor y completa, supervivencia libre de evento y supervivencia global.

Resultados:

	t(9;22;v) (n= 7)	t(9;22)(q34;q11) (n= 40)
Sexo (varón/mujer), n	6/1	21/19
Edad (media [SD]), años	49 (12)	53 (16)
Hemoglobina (media [SD]), g/dL	11,4 (2,6)	12,4 (1,9)
Leucocitos (media [SD]), x10 ⁹ /L	128 (111)	98 (85)
Plaquetas (media [SD]), x10 ⁹ /L	232 (178)	488 (308)
Blastos médula ósea, %	17 (40)	3 (4)
FISH (patrón estándar/otros), n	2/5 [*]	29/9 [*]
PCR (b2a2/b3a2), n	5/1 ^{**}	7/17 ^{**}
Respuesta citogenética completa (si/no), n	6/1	31/4
Respuesta molecular mayor (si/no), n	3/3	6/25
Respuesta molecular completa (si/no), n	3/4	7/28
Probabilidad de supervivencia libre de evento a los 2 años, %	83%	90%
Probabilidad de supervivencia global a los 2 años, %	71%	90%

^{*} P= 0,023 ^{**} P=0,026

Conclusiones: 1. En esta serie de pacientes con LMC la incidencia de la t(9;22) variante es similar a la descrita por otros autores. 2. Los pacientes con delección del cromosoma 9 derivativo presentan las mismas características biológicas que los pacientes con patrón de hibridación estándar. 3. En el grupo con t(9;22) variante el patrón de hibridación estándar es menos frecuente. 4. En el grupo con t(9;22) variante es más frecuente la isoforma P210 (b2a2). 5. No se observan diferencias pronósticas entre la t(9;22) variante y la t(9;22)(q34;q11).

Financiado en parte con la beca P/EF-06 de la FIJC.