

INFLUENCIA DEL GENOTIPO DEL GEN XRCC1 EN LA EVOLUCIÓN DE PACIENTES CON MIELOMA MÚLTIPLE SOMETIDOS A TRANSPLANTE AUTÓLOGO

GuillemVM^a, Arbona C^a, Goterris R^b, Solano C^a, Terol MJ^a, Hernandez-Boluda JC^a, Teruel A^a, Marugan I^a, Tormo M^a.

^aHematología y Oncología. Hospital Clínico Universitario de Valencia. ^bHematología. Hospital de la Plana de Villareal.

Introducción: El trasplante autólogo de progenitores hematopoyéticos (TAPH) se utiliza como parte del tratamiento de los síndromes linfoproliferativos (SLP). Actualmente todavía existe un porcentaje de pacientes con evolución post-transplante desfavorable debido a complicaciones del tratamiento o por el desarrollo de una neoplasia secundaria. Existen evidencias de la existencia de influencias genéticas en la evolución post-transplante del paciente relacionada con polimorfismos de un único nucleótido (SNPs). XRCC1 codifica una enzima implicada en la reparación de rupturas de una sola cadena del ADN y se ha asociado con la supervivencia de pacientes con diferentes neoplasias.

Objetivo: Analizar la relación entre el SNP del gen XRCC1 y la evolución post-transplante de pacientes con SLP.

Métodos: Se genotiparon 190 pacientes con SLP sometidos a TAPH (años 1991-2004): 107 con linfomas no hodgkin (LNH), 46 con mieloma múltiple (MM) y 35 con enfermedad de Hodgkin. El análisis de polimorfismos se llevó a cabo por digestión alelo específica con enzima de restricción (RFLP).

Resultados: En el grupo de pacientes con MM existe una asociación entre el genotipo del gen XRCC1 y la supervivencia post-transplante, siendo el alelo A más frecuente en el grupo de pacientes fallecidos (48%) que en el grupo de supervivientes (22%), ($p=0.01734$). No se encontró ningún individuo homocigoto para el alelo A en el grupo de supervivientes. No se encontró asociación entre el genotipo de XRCC1 y la supervivencia en el grupo de pacientes con LNH y EH.

Conclusiones: El SNP del gen XRCC1 está asociado con la supervivencia post transplante en pacientes con MM. Esta asociación podría estar relacionada con una disminución de la capacidad de reparación del ADN en los pacientes portadores del alelo A, tras los daños producidos en el ADN por la quimioterapia utilizada previo al transplante y en el acondicionamiento (principalmente melfalán).