



ORIGINAL

Prevalencia de alteración de expresión nuclear de proteínas reparadoras con inmunohistoquímica sobre adenomas con displasia de alto grado y características asociadas a dicho riesgo en un estudio de base poblacional



Marta Basterra^{a,*}, Marta Gomez^a, María del Rosario Mercado^{b,c}, Rebeca Irisarri^d,
Eduarne Amorena^e, Arantzazu Arrospide^{f,g}, Marta Montes^{b,c}, Gregorio Aisa^h,
Koldo Iñaki Cambra^c y Jesús Urman^{a,c}

^a Servicio de Aparato Digestivo, Complejo Hospitalario de Navarra, Pamplona, España

^b Servicio de Anatomía Patológica, Complejo Hospitalario de Navarra, Pamplona, España

^c Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdiSNA), Pamplona, España

^d Servicio de Aparato Digestivo, Hospital García Orcoyen, Estella, España

^e Servicio de Aparato Digestivo, Hospital Reina Sofía, Tudela, España

^f Unidad de investigación AP-OSIsGipuzkoa, OSI Alto Deba, Arrasate, España

^g Red de Investigación en Servicios de Salud en Enfermedades Crónicas (REDISSEC), España

^h Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Reina Sofía, Tudela, España

Recibido el 27 de julio de 2015; aceptado el 12 de octubre de 2015

Disponible en Internet el 12 de enero de 2016

PALABRAS CLAVE

Inmunohistoquímica;
Adenoma;
Síndrome de Lynch;
Cáncer colorrectal;
Displasia de alto
grado

Resumen

Introducción: La alteración en la expresión nuclear de proteínas de los genes reparadores del ADN valorada mediante inmunohistoquímica (IHQ) en el tejido tumoral es una técnica útil como cribado de síndrome de Lynch (SL). Una revisión reciente propone realizar este cribado no solo sobre todos los cánceres colorrectales (CCR) diagnosticados, sino también sobre adenomas avanzados (AA), especialmente en pacientes jóvenes.

Objetivo: Evaluación de la prevalencia de IHQ alterada realizada sobre todos los adenomas con displasia de alto grado (DAG) diagnosticados en nuestra comunidad durante 2011, y descripción de las variables asociadas a su alteración.

Métodos: Se incluyeron todos los casos de pólipos adenomatosos con DAG diagnosticados desde los 3 laboratorios de anatomía patológica públicos de Navarra durante el año 2011, y se realizó

* Autor para correspondencia.

Correos electrónicos: marta.basterra.ederra@navarra.es, mar00bas@hotmail.com (M. Basterra).

un estudio estadístico para medir la asociación de diferentes variables, tanto de los pacientes como de las lesiones con la presencia de IHQ alterada.

Resultados: Se diagnosticaron 213 adenomas de colon con DAG, excluyéndose del análisis posterior 26 (12,2%) casos (2 SL ya diagnosticados, 22 casos sin estudio IHQ y 2 casos con IHQ no valorable), siendo el número final 187. Se encontraron hallazgos patológicos en 10 casos, suponiendo el 5,35%: 6 casos en MLH1 y PMS2, 2 casos en PMS2, un caso en MSH6 y un caso en MSH2 y MSH6. La presencia sincrónica de CCR, la presencia de un único AA, la localización proximal de la DAG y la edad < 50 años resultaron estadísticamente significativos en la asociación de dichas variables, con la expresión anómala de proteínas nucleares.

Conclusiones: El porcentaje de expresión nuclear patológica hallado en la IHQ es elevado, por lo que podría estar indicado realizar *screening* de rutina con IHQ en todas las DAG diagnosticadas, especialmente en pacientes jóvenes, con un único AA y con DAG proximal.

© 2015 Elsevier España, S.L.U., AEEH y AEG. Todos los derechos reservados.

KEYWORDS

Immunohistochemistry;
Adenoma;
Lynch syndrome;
Colorectal cancer;
High grade dysplasia

Prevalence of altered mismatch repair protein nuclear expression detected by immunohistochemistry on adenomas with high-grade dysplasia and features associated with this risk in a population-based study

Abstract

Introduction: Alteration of mismatch repair system protein expression detected by immunohistochemistry (IHQ) in tumoural tissue is a useful technique for Lynch Syndrome (LS) screening. A recent review proposes LS screening through immunohistochemical study not only in all diagnosed cases of colorectal cancer (CRC) but also in advanced adenomas, especially in young patients.

Objective: To assess the prevalence of altered IHQ carried out in all adenomas with high-grade dysplasia (HGD) diagnosed in our community in 2011, as well as the variables associated with this alteration.

Methods: We included all the cases of adenomatous polyps with HGD diagnosed in the three public pathology laboratories of Navarre during 2011 and performed a statistical study to assess the association between different patient and lesion characteristics and altered IHQ results.

Results: A total of 213 colonic adenomas with HGD were diagnosed, and 26 (12.2%) cases were excluded from the final analysis (2 known LS, 22 without IHQ study and 2 with inconclusive IHQ studies). The final number of adenomas included was 187. Pathologic results were found in 10 cases (5.35%)—6 cases in MLH1 and PMS2, 2 cases in PMS2, 1 case in MSH6 and 1 case in MSH2 and MSH6. The factors showing a statistically significant association with the presence of abnormal proteins were the synchronous presence of CRC, the presence of only one advanced adenoma, proximal location of HGD and age < 50 years.

Conclusions: The percentage of pathologic nuclear expression found in IHQ is high. Consequently, screening of all diagnosed HGD could be indicated, especially in young patients, with a single AA and proximal HGD.

© 2015 Elsevier España, S.L.U., AEEH y AEG. All rights reserved.

Introducción

El síndrome de Lynch es la forma hereditaria de cáncer colorrectal (CCR) más común, llegando a suponer el 2-5% del total de CCR diagnosticados^{1,2}. El riesgo a lo largo de la vida en pacientes con dicho síndrome de desarrollar cáncer de colon o de otras localizaciones relacionadas (endometrio, estómago, intestino delgado, hepatobiliar, uréter y pelvis renal) se sitúa en torno al 70-80%, por lo que es importante la detección de los sujetos afectos. Se transmite de forma autosómica dominante y es causado por una mutación germinal en los genes de reparación del ADN (*mismatch repair system*, cuyo acrónimo en inglés es MMR) que provoca el

cúmulo de errores en la replicación de ADN. Los genes más frecuentemente implicados son MLH1, MSH2, MSH6 y PMS2. El diagnóstico definitivo de esta entidad se realiza mediante secuenciación genética, pero dada la complejidad y el coste de dicho procedimiento se recomienda la realización previa de una técnica molecular de cribado sobre tejido tumoral: el estudio de inestabilidad de microsatélites (IMS) y/o la tinción mediante inmunohistoquímica (IHQ) de los productos de los genes responsables sobre las muestras de tejido tumoral³.

En los últimos años, gracias a los avances realizados en la detección y estudio molecular y genético, tanto de las lesiones preneoplásicas como del CCR, se considera el CCR como

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/5658070>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/5658070>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)