



ORIGINAL

Aplicación de un panel de metilación para el diagnóstico de cáncer de pulmón en broncoaspirados. Resultados preliminares[☆]

Jesús Méndez-González^{a,*}, Marc Gallegos-Marmolejo^{b,♦}, Susana Martínez-Figueroa^a, Assumpta Antonijuan-Parés^a, Silvia Martínez-Couselo^a y Josefina Mora-Brugués^a

^aServei de Bioquímica Clínica, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona, España

^bLaboratori de Recerca Translacional, Institut Català de Oncologia, Hospitalet de Llobregat, Barcelona, España

Recibido el 19 de diciembre de 2008; aceptado el 15 de abril de 2009

Disponible en Internet el 28 de junio de 2009

PALABRAS CLAVE

Metilación;
Cáncer de pulmón;
Broncoaspirado;
Sensibilidad;
Especificidad

Resumen

Introducción: La metilación del ácido desoxirribonucleico (ADN) es una rama de la epigenética que puede ser útil para la identificación, incluso precoz, del cáncer de pulmón. El objetivo del estudio fue evaluar la sensibilidad, especificidad y rendimiento diagnóstico de un panel de metilación formado por los genes *APC* (adenomatous polyposis coli), *DAPK* (death associated protein kinase) y *RASSF1A* (Ras association domain family 1A) asociado a la citología habitual en broncoaspirados (BAS) de pacientes con sospecha de cáncer de pulmón.

Material y métodos: Se seleccionaron 39 BAS, 24 positivos y 15 negativos, para cáncer de pulmón de diferentes tipos y estadios. Las citosinas de las muestras se transformaron en uracilos con bisulfito sódico, se efectuó una doble reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (bisulfite conversion specific-methylation specific PCR) y se identificó el estado de metilación mediante electroforesis.

Resultados: *APC* resultó metilado en 2 de los 24 tumores pulmonares (8%), *DAPK* en 0 de 24 (0%) y *RASSF1A* en 9 de 23 (39%). La sensibilidad total del panel fue del 37,5% (9 de 24). No se detectó metilación en ninguna de las muestras libres de cáncer de pulmón (0 de 15), por lo que la especificidad fue del 100%. Además, se detectó metilación en una de las 7 muestras de cáncer primario de pulmón, cuya prueba citológica había sido negativa (14%) y en 2 de las 5 muestras con cáncer de pulmón con citología meramente sospechosas (60%). Su contribución al diagnóstico correcto ante pruebas citológicas sospechosas o discordantes con el diagnóstico final fue del 33% (4 de 12).

Conclusiones: La metilación del ADN puede ser un arma útil en el diagnóstico del cáncer de pulmón. Hasta el momento, la sensibilidad en el panel escogido depende

[☆] Este trabajo corresponde a una comunicación científica presentada y premiada en el II Congreso Nacional del Laboratorio Clínico celebrado en La Coruña del 4 al 7 de junio de 2008.

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: Jmendez@santpau.cat (J. Méndez-González).

♦ Marc Gallegos Marmolejo ha colaborado en el diseño de los cebadores y en la supervisión técnica.