

"Expresión de genes de la familia SRC quinasas en la resistencia al tratamiento independiente de *BCR-ABL1* en Leucemia Mieloide Crónica"



Donovan Rivero^{1,2}, Paula Benegas^{1,2}, Raquel Bengió³, Irene Larripa³, Pedro Zapata^{1,2}, Cristian Ferri¹.

¹Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS). Laboratorio de Biotecnología Molecular (BIOTECMOL). Misiones, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina

³Laboratorio de Genética Hematológica, IMEX, CONICET-Academia Nacional de Medicina, Buenos Aires, Argentina.

Introducción.

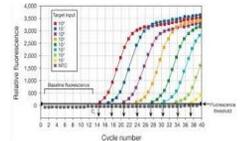
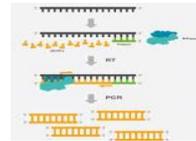
La Leucemia Mieloide Crónica (LMC) es un desorden mieloproliferativo crónico caracterizado por la expansión clonal de células hematopoyéticas. La terapia indicada es el uso de inhibidores de tirosina quinasa (ITKs), a pesar de ser una terapia eficaz, algunos pacientes desarrollan resistencia al tratamiento. El 20-40% de los casos se debe a mutaciones en el gen *BCR-ABL1*. Por lo cual, el estudio de mecanismos de resistencia independientes de *BCR-ABL1* cobran gran relevancia.

Objetivo.

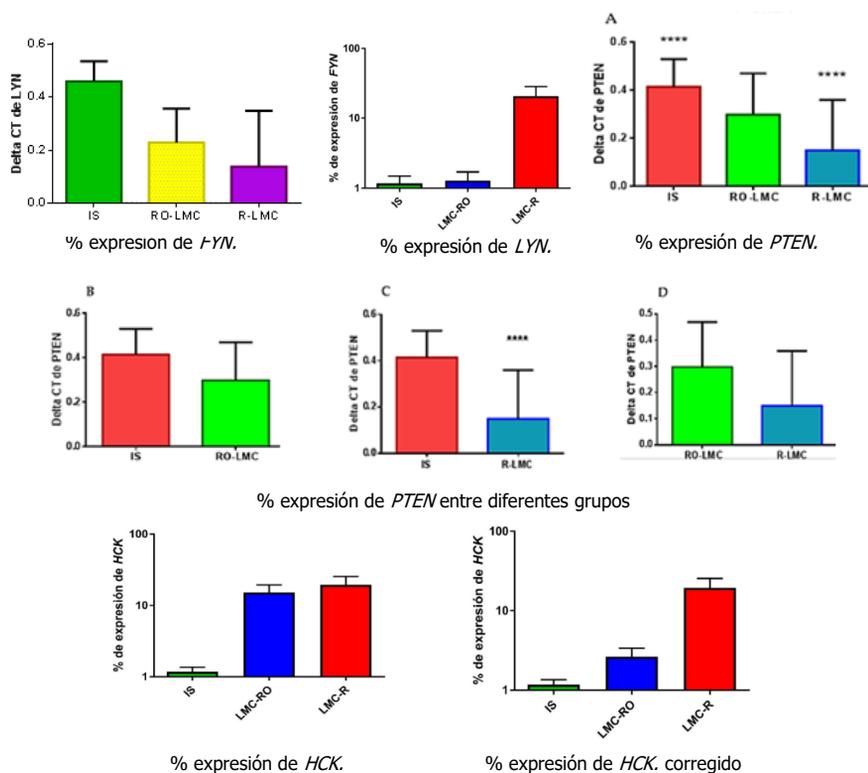
Analizar la expresión de los genes *FYN*, *HCK*, *LYN* y *PTEN* en la patogenia de la LMC en pacientes tratados con ITKs.

Materiales y Métodos.

Pacientes con LMC		Individuos sanos
Respondedores óptimos (RO-LMC)	Resistentes (R-LMC)	50
35	40	



Resultados.



Los resultados indicarían la participación de estos genes en el desarrollo de resistencia a ITKs y los señala como potenciales biomarcadores de falla terapéutica.