

METILACIÓN DE GENES PROMOTORES COMO BIOMARCADOR DE PROGRESIÓN DE LESIONES HSIL/CIN2 EN MUJERES DE 25-30 AÑOS

Berta Pino-Calm¹, Cristian Mateo León¹, Julia Alcoba Florez¹.

¹Servicio de Microbiología Clínica, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria (Tenerife).



OBJETIVO

Evaluar el papel de la metilación como herramienta para identificar lesiones HSIL/CIN2 con alto riesgo de progresión en mujeres de 25 a 30 años.

MÉTODOS

Estudio observacional y longitudinal. Se reclutaron mujeres de 25-30 años con lesiones HSIL/CIN2 que fueron seguidas cada 6 meses durante 2 años.

Visita inicial:

- Kit GynTect® para el estudio de la metilación de seis marcadores epigenéticos (ASTN1, ZNF671, DLX1, ITGA4, RXFP3 y SOX17)

Visita inicial y seguimiento:

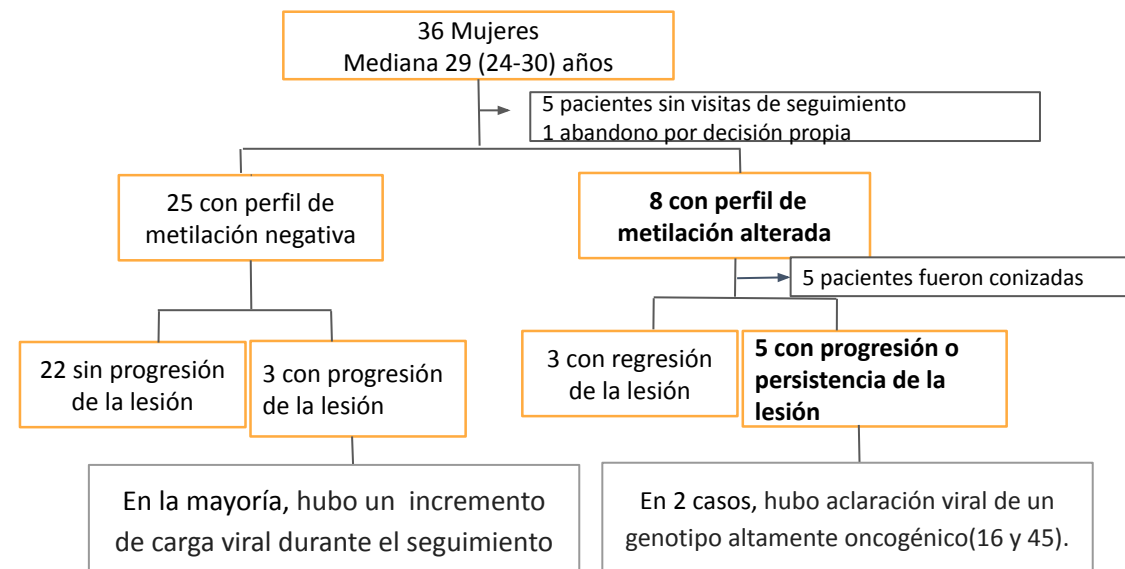
- Detección del VPH (Roche Cobas® HPV6800/5800) y genotipado (Anyplex™ IIHPV28 Detection (Seegene®)).
- Citología, colposcopia y biopsia si sospecha de progresión.

CONCLUSIONES

- La metilación de los genes **DLX1** y **ZNF671** se relacionan con un alto rendimiento para la detección de lesiones HSIL/CIN2 de alto riesgo.
- El alto **valor predictivo negativo del test GynTect®** sugiere su potencial uso en la estratificación del riesgo en estas lesiones.
- Aunque la tasa de positividad de metilación fue baja, en la mayoría de mujeres se asoció con **progresión de la lesión**, permitiendo un **enfoque personalizado y un seguimiento más estrecho**.

RESULTADOS

El estudio se realizó durante 2022-2024. En el siguiente diagrama se resumen las pacientes incluidas y los resultados obtenidos.



Los genes DLX1 y ZNF671 estaban metilados en el 100% de los perfiles alterados. El genotipo 31 (62.5%) fue el más prevalente entre las pacientes con metilación alterada y el genotipo 16 se detectó en 3 de las pacientes conizadas por progresión. El análisis estadístico mostró una sensibilidad del 62.5% y una especificidad del 89,2%.