

## PROFILUL EXPRESIEI GENICE AL LIMFOAMELOR NON-HODGKIN B-CELULARE

Victor Tomacinschii<sup>1,2</sup>

Conducător științific: Maria Robu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Disciplina de hematologie, USMF „Nicolae Testemițanu”

<sup>2</sup>Institutul Oncologic

**Introducere.** Limfoamele non-Hodgkin(LNH) reprezintă aproximativ 3% din cazurile de cancer la nivel mondial și sunt cele mai frecvente neoplasme hematologice. Realizările recente în domeniul geneticii moleculare au permis studii complexe ale mai multor gene și ale produselor de expresie ale acestora în cancere. Profilul expresiei genice(PEG) în tipuri și subtipuri tumorale specifice identifică markeri suplimentari asociați cu evoluția clinică, riscul de invazie, metastazele și ajută la rafinarea clasificării sau la propunerea de noi clasificări moleculare. **Scopul lucrării.** Acest rezumat își propune să facă o analiză comprehensivă a profilurilor de expresie genică în LNH cu celule B. **Material și metode.** Pentru analiza literaturii, au fost căutate combinații de cuvinte precum „gene expression profile”, „next generation sequencing” și „non-Hodgkin lymphoma”, „B-cell lymphomas” în baze de date precum PubMed și Google Scholar. Au fost selectate pentru analiză un total de 78 de surse de literatură din ultimii 10 ani. **Rezultate.** În DLBCL subtipul GCB, PEG include în principal mutații în BCL2, BCL6, EZH2, GNA13, IRF8, MYC, SGK1, STAT3, TNFR14. Subtipul ABC prezintă în mod obișnuit mutații în CD79b, EP300, KMT2D, MYD88d, PIM1, PRDM1. În Limfoamele foliculare mutațiile în EP300, FOXO1, CREBBP, CARD11 sunt asociate cu un prognostic prost, iar mutațiile în MEF2B, ARID1A, EZH2 cu un prognostic bun. Limfomul zonei de manta este asociat în mod obișnuit cu mutații în BTK, NOTCH1/2, MALT1, ATM, BCL10, BIRC3, CDKN2A, IKBKB, MAP3K14, NSD2, PLCG2, SMARCA4, TP53, TRAF2. Profilul de expresie genetică al limfomului Burkitt un PEG cu mutații ID3, TCF3, CCND3, TP53, CDKN2A, MYC, DDX3X, PTEN, PIK3R1, ARID1A, SMARCA4, GNA13, ROCK1. **Concluzii.** Cartografierea genomică a LNH poate oferi cunoștințe pentru identificarea căilor moleculare esențiale în tratarea cazurilor de LNH de novo și a celor refractare. **Cuvinte-cheie:** Limfoame Non-Hodgkin, genă, profil de expresie genetică.

## GENE EXPRESSION PROFILE OF B-CELL NON-HODGKIN LYMPHOMAS

Victor Tomacinschii<sup>1,2</sup>

Scientific adviser: Maria Robu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Hematology Discipline, Nicolae Testemițanu University,

<sup>2</sup>Institute of Oncology.

**Background.** Non-Hodgkin lymphomas (NHL) account for approximately 3% of global cancer cases and are the most common hematological neoplasms. Recent achievements in molecular genetics have enabled complex studies of multiple genes and their expression products in cancers, moving beyond the study of individual genes and markers. Gene expression profiling in specific tumor types and subtypes identifies additional markers associated with clinical course, invasion risk, metastasis, and aids in refining classification or proposing new classifications based on molecular tumor characteristics. **Objective of the study.** This abstract comprehensively reviews gene expression profiles in B-cell NHL. **Material and methods** For the literature review, word combinations such as „gene expression profile”, „next generation sequencing” and „non-Hodgkin lymphoma”, „B-cell lymphomas” were searched in databases like PubMed and Google Scholar. 78 literature sources from the last 10 years were selected for review. **Results.** In DLBCL GCB subtype, the gene panel primarily includes mutations in BCL2, BCL6, EZH2, GNA13, IRF8, MYC, SGK1, STAT3, TNFR14. ABC subtype commonly exhibits mutations in CD79b, EP300, KMT2D, MYD88d, PIM1, PRDM1. Follicular lymphomas show poor prognosis with mutations in EP300, FOXO1, CREBBP, CARD11, and good prognosis with MEF2B, ARID1A, EZH2. Mantle zone lymphoma is typically associated with mutations in BTK, NOTCH1/2, MALT1, ATM, BCL10, BIRC3, CDKN2A, IKBKB, MAP3K14, NSD2, PLCG2, SMARCA4, TP53, TRAF2. Burkitt lymphoma’s gene expression profile includes mutations in ID3, TCF3, CCND3, TP53, CDKN2A, MYC, DDX3X, PTEN, PIK3R1, ARID1A, SMARCA4, GNA13, ROCK1. **Conclusion.** Genomic mapping of NHL in the near future can provide knowledge for targeting molecular pathways crucial in treating de novo and refractory NHL cases. **Keywords:** Non-Hodgkin lymphoma, gene, gene expression profile.