

**AUTOMATIZACIÓN DEL PROCESADO DE MUESTRAS PARA ESTUDIOS CITOGENÉTICOS. ESTUDIO COMPARATIVO CON LA TÉCNICA MANUAL**

M. Xandri, I. Granada, N. Ruiz-Xivillé, A. Cisneros, J. Grau, E. Santafé, C. Villena, L. Zamora, M. Cabezón, S. Marcé, J. Ribera, D. Domínguez, J.T. Navarro, I. Rodríguez, E. Orna, J. Juncà, M. Morgades, F. Millá, E. Feliu  
*Servicio de Hematología Laboratorio. Institut Català d'Oncologia. Hospital Germans Trias i Pujol. Badalona. Institut de Recerca Contra la Leucèmia Josep Carreras (IJC)*

**Introducción:** El procesado de las muestras para el estudio citogenético es un método manual y laborioso. Al estandarizar las técnicas, hay que ajustarlas a las condiciones concretas de cada laboratorio. Un factor de variabilidad es el nº de muestras que se procesan a la vez. Es muy importante mantener los tiempos y las temperaturas en todos los pasos, tanto en el choque hipotónico como en los fijadores y el procesado de un gran volumen de muestras podría hacerlos variar. Estos pasos son esenciales para obtener una muestra limpia, sin citoplasmas y que permita obtener una buena calidad de las extensiones para el análisis de las metafases. Los avances tecnológicos han permitido recientemente desarrollar un robot que automatiza este proceso: HANABI-PII.

**Objetivo:** El objetivo del estudio es comparar los resultados de la técnica manual con el proceso automatizado.

**Material y métodos:** Se han procesado 50 muestras de médula ósea por duplicado (Hanabi-PII y manualmente). En todas las muestras se ha calculado el índice mitótico (IM), para lo que se contó el número de metafases por cada 3000 núcleos a 40 aumentos. Se ha calculado el IM según la calidad de las metafases. Se dividieron en 3 categorías: las que se pueden cariotipar (I), las que se cariotipan con dificultad (cromosomas muy entrecruzados) (II) y las que no se pueden analizar (III).

**Resultados:** En las 50 muestras procesadas de manera automática se han obtenido metafases en todas ellas, mientras que en 2 de las 50 procesadas manualmente no se obtuvo crecimiento. El IM en el procesado manual es inferior al automatizado ( $p<0,001$ ). El porcentaje de metafases analizables (grupo I) con el Hanabi es superior al obtenido con el proceso manual. El porcentaje de metafases de los grupos II y III es inferior con el Hanabi (sin significación estadística) (**Tabla**).

Comparación de medias mediante la prueba de Wilcoxon (prueba no paramétrica)				
	IM (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)	IM-I (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)	IM-II (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)	IM-III (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)
HANABI-PII	9,28(5,23)	4,80(2,57)	1,1(1,31)	3,38(2,84)
		I n°met/n° met totales Media(desv. tip)	II n°met/n° met totales Media(desv. tip)	III n°met/n° met totales Media(desv. tip)
		54,8%	10,6%	34,6%
MANUAL	5,78(3,34)	IM-I (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)	IM-II (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)	IM-III (n°met/3000núcl) Media(desv. tip)
		2,78(1,61)	0,76(0,92)	2,24(1,87)
		I n°met/n° met totales Media(desv. tip)	II n°met/n° met totales Media(desv. tip)	III n°met/n° met totales Media(desv. tip)
		51,8%	12,7%	35,6%

**Conclusiones:** En nuestro centro la incorporación del robot HANABI ha unificado la calidad final de la técnica, obteniendo un índice mitótico superior y una mejor calidad de las metafases a estudiar.