

PROGRAMA DE EVALUACIÓN EXTERNA DE LA CALIDAD DE CITOGENÉTICA HEMATOLÓGICA. RESULTADOS CORRESPONDIENTES A 2010

G. Gutiérrez^{1,2}, D. Costa^{1,3}, B. Espinet³, J.C. Reverter^{1,2}

¹Hospital Clínic de Barcelona. ²Comité de Estandarización. SEHH. ³GCECGH. SEHH

Introducción: Los participantes en este programa deben descargarse las imágenes de 20 metafases correspondientes a un caso clínico desde la página web de gestión del programa y proporcionar la fórmula cromosómica de acuerdo con las normas internacionales de expresión ISCN 2005 o 2009.

Métodos: En 2010 se inscribieron un total de 31 laboratorios y se analizaron 4 casos. Los resultados se valoraron como correctos o incorrectos en comparación con los resultados de referencia (RR) proporcionados por el Grupo Cooperativo Español de Citogenética Hematológica (GCECGH) de la Sociedad Española de Hematología y Hemoterapia.

Resultados: El porcentaje de participación osciló entre el 81 y el 97% de los laboratorios inscritos.

- Caso 1: RR: 47,XY,+7,t(14;18)(q32;q21). 26 de 28 centros que respondieron encontraron las 2 anomalías, pero sólo 23 expresaron la fórmula de la forma correcta.
- Caso 2: presentaba una única anomalía y se consideraron 2 RR: 46,XY,t(9;22)(q34;q11) y 46,XY,t(9;22)(q34;q11.2). Todos los centros (30) encontraron la anomalía: 20/30 informaron el primer punto de rotura y 10/30 el segundo. 1/30 no indicó la fórmula de forma correcta.
- Caso 3: presentaba 3 anomalías y se consideró un único resultado de referencia: 46,X,-Y,+8,t(8;21)(q22;q22): 26/29 encuentran las 3 anomalías y 23/29 lo expresan correctamente; 2/29 no indican la pérdida del cromosoma Y pero tampoco señalan su presencia en la fórmula; 1/29 señaló una fórmula normal.
- Caso 4: se consideraron 5 RR: 46,XX,t(3;5)(q25;q34); 46,XX,t(3;5)(q21;q31); 46,XX,t(3;5)(q25;q35); 46,XX,t(3;5)(q24;q34); 46,XX,t(3;5)(q25;q31). 25/25 centros encuentran la anomalía, pero sólo 23 se consideraron correctos porque los restantes 2 indicaron otros puntos de rotura.

Conclusiones: 1. En 2 de los 4 casos estudiados el 100% de los participantes detectaron las anomalías cromosómicas presentes de forma correcta, a diferencia del ejercicio anterior, en el que no se obtuvo esta tasa de aciertos en ninguno de los envíos. 2. La expresión incorrecta de los resultados se debió a: falta de signos de puntuación, orden incorrecto de las anomalías y omisión de los cromosomas sexuales.