

PROGRAMA DE EVALUACIÓN EXTERNA DE HIBRIDACIÓN *IN SITU* FLUORESCENTE EN NEOPLASIAS HEMATOLÓGICAS: 2011

J. Grau, D. Costa, B. Espinet, A. Valiente, R. Collado, A. Carrió
Grupo Cooperativo Español de Citogenética Hematológica (GCECGH).
Sociedad Española de Hematología y Hemoterapia (SEHH)

Objetivo: Se presentan los resultados del programa de control de calidad externo de FISH en neoplasias hematológicas realizado durante el año 2011.

Metodología: A cada centro se le asignó un código confidencial y recibió por correo una muestra de células fijadas en solución Carnoy para realizar el estudio de FISH del reordenamiento del gen MLL. Se adjuntó una hoja de recogida de datos en la que se debía describir: sonda utilizada, comentario explicativo del resultado y formulación del patrón de hibridación, según la normativa ISCN 2009. Los formularios rellenos fueron remitidos a la secretaría de la SEHH. Se evaluaron las siguientes variables: descripción de la sonda utilizada, resultado (%núcleos con la anomalía), informe y descripción del patrón de hibridación, de acuerdo con la normativa ISCN 2009. Finalmente, se elaboró un informe para cada centro indicando el resultado correcto y los errores cometidos.

Resultados: Participaron 35 centros de los 57 convocados (61%). Se utilizaron 3 sondas distintas para analizar el reordenamiento del gen MLL: LSI MLL (reord 11q23) Dual Color Break Apart (Visis) (32 centros), MLL FISH DNA Probe, Split Signal (Dako) (2), ON MLL (11q23), Break (Kreatech) (1). Ocho centros no describieron correctamente la sonda utilizada. Treinta y cuatro centros (97%) detectaron el reordenamiento del gen MLL, en porcentaje variable (90%, extremos 67-98%), y 1 centro detectó erróneamente delección del gen MLL. Treinta y dos centros (91%) realizaron un informe correcto, pero 10 centros (28%) no especificaron el porcentaje de núcleos afectados. Catorce centros (40%) formularon correctamente el caso según la normativa ISCN 2009. Los errores más frecuentes en la formulación fueron: uso incorrecto de los espacios (11 centros), no descripción de núcleos anómalos versus las células totales o indicar el % de núcleos afectados (6), descripción de la línea celular normal (3) y uso de mayúsculas (2).

Conclusiones: 1. El reordenamiento del gen MLL ha sido detectado por todos los centros excepto 1, si bien el % de núcleos que presentan la anomalía ha sido variable. 2. La formulación de la FISH según la normativa ISCN 2009 ha mejorado respecto los controles de los años previos. 3. Los errores más frecuentes cometidos han sido: uso incorrecto de los espacios, no descripción de núcleos anómalos versus las células totales o indicar el % de núcleos afectados, descripción de la línea celular normal y el uso de mayúsculas.