

Concordancia en la medición de la ploidía de ADN por citometría de flujo con tres métodos de laboratorio en pacientes con mieloma múltiple

Luis Viveros-Bello¹, Christopher Palma-Espinoza², Ariadna Rocha-Vásquez², Mauricio Chandía-Cabas³

1. Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, 2. Unidad de Anatomía Patológica, Hospital Regional de Concepción, 3. Facultad de medicina, Universidad de Concepción; Servicio de Hematología y Unidad de Anatomía patológica Hospital Regional de Concepción.

Introducción. El análisis de la ploidía en células plasmáticas es un factor pronóstico en el mieloma múltiple (MM), donde la hiperdiploidía se asocia a mejor pronóstico y la fase S >2% con un mal pronóstico. El método de referencia tradicional está basado en kits comerciales que incorporan los marcadores CD38 y CD138 para la identificación de las células plasmáticas en el análisis. Sin embargo, su alto costo limita su acceso, lo que ha propiciado el desarrollo de métodos in-house basados en la adición de anticuerpos monoclonales a yoduro de propidio.

OBJETIVO:

comparar la concordancia de 2 métodos in-house para la medición de ploidía y porcentaje de fase S de pacientes con mieloma múltiple con el gold standard (kit Cytognos Cycloscope™).

MÉTODOS:

Se analizaron muestras de médula ósea de pacientes con MM usando tres protocolos: BD Cycletest modificado™ (BD) y Protocolo In-House (IN-HOUSE), los cuales se compararon con el gold standard (GS). Las muestras fueron adquiridas en citómetro FACSCanto 2. El análisis de los datos de citometría se realizó con software Infinicyt®. Para evaluar la concordancia del índice de ADN, el porcentaje de Fase S y el coeficiente de Variación (CV) con el GS, se utilizó el índice Kappa de Cohen, el test de wilcoxon y el coeficiente de correlación intraclass (ICC) en lenguaje python.

RESULTADOS:

Se identificaron 9 pacientes con MM, de los cuales 8/9 (92%) eran de nuevo diagnóstico. Siete (78%) eran hombres, con una mediana de edad de 66 años (56-79 años). Se realizaron comparaciones pareadas entre los kits (GS vs. IN-HOUSE, n: 7 y GS vs. BD, n: 3). La concordancia para la clasificación de ploidía entre GS y el método IN-HOUSE fue considerable (Kappa: 0.696). Sin embargo, la concordancia de los valores numéricos del Índice de ADN fue solo moderada (ICC : 0.429). Para la clasificación de riesgo por Fase S (>2%), se observó una discordancia severa (K: -0.167). La concordancia numérica para los valores de CV también fue moderada (ICC: 0.405).

CONCLUSIÓN:

Para la medición de la ploidía, se evidencia una concordancia considerable entre el método IN-HOUSE con el GS, lo cual permite su eventual uso en clínica. Por otro lado, para la fase S no se logra una concordancia adecuada con el GS, por lo cual para la medición de este parámetro es recomendable seguir utilizando el GS.