

DETECCIÓN MOLECULAR DE LAS TRANSLOCACIONES MÁS COMUNES EN LEUCEMIA AGUDA MEDIANTE RT-PCR

GARCÍA, L., GUEVARA, G.

Laboratorio de Genética, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá.
geneticainc@hotmail.com.

OBJETIVOS

Evaluar la incidencia de las translocaciones $t(4;11)$, $t(1;19)$, $t(9;22)$ y $t(12;21)$ en leucemia linfocítica aguda (LLA) y $t(15;17)$, $t(8;21)$ e $Inv.(16)$ en leucemia mieloide aguda (LMA). Correlacionar los resultados obtenidos con el diagnóstico morfológico y citogenético.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el período comprendido entre agosto de 1998 y diciembre de 2000 se analizaron 173 casos con diagnóstico de leucemias agudas. Las muestras se remitieron de la unidad de hematología al laboratorio de genética donde se realizó la separación de mononucleares, extracción de RNA, transcripción reversa y PCR específica para cada translocación.

RESULTADOS

Se analizaron 127 casos con LLA, 103 niños y 24 adultos, se detectaron con $t(4;11)$ 7 casos (5.5%), $t(1;19)$ 7 (5.5%), $t(9;22)$ 3 (2.4%) y $t(12;21)$ 8 (7.7% en niños). De 46 casos con LMA, 17 eran niños y 29 adultos. De 15 con morfología M3, 8 presentaron $t(15;17)$ (53.3%), mientras 19 con morfología M2, 8 tenían la $t(8;21)$ (42%). Un caso con $Inv.16$ (2%) con morfología M4 y 2 con $t(9;22)$.

DISCUSIÓN

La técnica de RT-PCR es más sensible y específica que los métodos citogenéticos en la detección de translocaciones específicas, un ejemplo es la translocación críptica $t(12;21)$ detectada solo en 0.5% por técnicas citogenéticas. En LLA no existen parámetros morfológicos e inmunológicos suficientemente específicos que sugieran una translocación determinada, por tal motivo hicimos un tamizaje simultáneo para las translocaciones más comunes en LLA, arrojando datos importantes como el bajo porcentaje de $t(12;21)$ confrontado con lo reportado en la literatura mundial (8% vs. 23%), las otras translocaciones se detectaron en porcentajes similares a los informados en otras series y en mayor proporción que los obtenidos por los estudios citogenéticos en la misma institución. En LMA es más fácil dirigir el estudio molecular dada la fuerte relación entre la morfología y anomalía genética: $t(15;17)$, M3; $t(8;21)$, M2 e $Inv.16$, M4. Este es el primer trabajo realizado en nuestro país que involucra un número importante de casos analizados por técnicas moleculares las cuales pueden definir mejor la frecuencia de estas alteraciones, además, del valor clínico en el diagnóstico.