

Applicazione ai “Tissue Microarray” delle tecniche di immunoistochimica e di “Ibridazione In Situ Fluorescente” per la caratterizzazione immunofenotipica e citogenetica di linfoma a grandi cellule B diffuso

Dario Ricca¹, Veronica Alberto¹, Delfina Tosi², Caterina Pellegrini³, Alessia Moro³, Emanuela Bonoldi¹, Umberto Gianelli², Silvano Bosari^{1,2}

¹ UOC Anatomia Patologica, Fondazione IRCCS Ca' Granda Ospedale Maggiore Policlinico,

² Dipartimento di Medicina, Chirurgia e Odontoiatria, Università degli Studi di Milano e

³ UO Anatomia Patologica A.O. San Paolo, Milano, Italia.

Obiettivo

Lo scopo di questo lavoro è stato la costruzione di un Tissue Microarray (TMA) pilota per la valutazione immunofenotipica e citogenetica di una casistica di linfoma a grandi cellule B diffuso (DLBCL), tramite analisi immunoistochimiche e di Ibridazione *In Situ* Fluorescente (FISH).

Materiali e Metodi

Abbiamo costruito il TMA utilizzando le biopsie linfonodali di 12 pazienti affetti da linfoma a grandi cellule B diffuso; ne abbiamo ottimizzato la costruzione per la lettura al microscopio a fluorescenza distanziando in maniera differenziale i carotaggi dello stesso caso da quelli dei casi adiacenti mentre per mantenere la rappresentabilità tissutale abbiamo inserito cinque carotaggi da 2 mm per campione. Al TMA abbiamo applicato cinque protocolli immunoistochimici (CD10, BCL6, MUM1, GCET1 e FOXP1) e un protocollo FISH (cMYC).

Risultati

I dati immunoistochimici sono stati elaborati secondo gli algoritmi di Hans e Choi: secondo il protocollo di Hans sono risultati 8 DLBCL con profilo immunofenotipico centro germinativo simile (GCB) e 4 DLBCL con profilo attivato (ABC); in accordo con l'algoritmo di Choi 7 DLBCL GCB e 5 DLBCL ABC. La conformità dei dati immunoistochimici ottenuti è stata valutata confrontando i risultati con quelli delle indagini immunoistochimiche eseguite su sezione interna, al momento della diagnosi. Abbiamo ottenuto in questo modo una concordanza del 100% con l'algoritmo di Hans e una concordanza del 92% con l'algoritmo di Choi. L'analisi di MYC non ha evidenziato la presenza di traslocazioni ma in tre casi è stato possibile rilevare polisomie del cromosoma 8.

Conclusioni

Questo studio ci ha permesso di definire i criteri metodologici per la progettazione e la costruzione di un TMA (con una concordanza del 100% rispetto ai dati ottenuti al momento della diagnosi) che potesse essere letto agevolmente al microscopio a fluorescenza, fornendo così una piattaforma di analisi ad alta resa per l'esecuzione di indagini immunoistochimiche e citogenetiche FISH.