

DIAGNOSTIQUE / Service de Médecine Génétique

Centre d'accueil des prélèvements (CAP)
Bâtiment des Laboratoires (BATLab), local 8D-0-850.1
4 rue Gabrielle-Perret-Gentil, 1211 Genève 14

<http://www.hug-ge.ch/feuilles-de-demande>

CYTOHEM

Laboratoire de cytogénétique hématologique

Chef du Service de Médecine Génétique : Prof. Marc ABRAMOWICZ
Responsable laboratoire: Dr sc.Danielle Martinet, FAMH G (079 55 39 728)
Responsable technique: Dr sc.Stefania Gimelli, FAMH G (079 55 37 458)
Labo direct / résultats : Tél. : (022 37) 23 945 / 29398
Centre d'accueil des prélèvements (CAP) : Tél (022 37) 21 800
E-mail : labo.cytohem@hcuge.ch

DIAGNOSTIQUE / Service de Pathologie Clinique

Centre d'accueil des prélèvements (CAP)
Bâtiment des Laboratoires (BATLab), local 8D-0-850.1
4 rue Gabrielle-Perret-Gentil, 1211 Genève 14

<http://www.hug-ge.ch/feuilles-de-demande>

HEMOPATH

Laboratoire de pathologie moléculaire et génomique

Médecin Chef : Prof. Laura Rubbia-Brandt
Responsable médical : Pr Thomas McKee (022 37) 24 973
Responsable laboratoire : Mme Margaret Berczy (022 37) 24 942
Responsable technique : M. Régis Darbellay, (022 37) 23 931
Labo direct ou résultats : Tél. : (022 37) 23 932 ou 079 55 36 331
E-mail : Biologie.M.Laboratoire@hcuge.ch

Prescripteur (Nom/Prénom - Rue/N° - Localité, No postal - Tel/Fax) :

Identification laboratoire

Médecins en copie (Nom/Prénom - Rue/N° - Localité, No postal - Tel/Fax): *Le laboratoire demandeur/prescripteur a obtenu l'accord du prescripteur/patient pour transmettre des copies à d'autres médecins que le médecin prescripteur :*

Opposition du patient à l'enregistrement des résultats de cette demande dans le dossier patient informatique (DPI) des HUG

Prélèvement du : _____ Heure : _____

M. Mme (SVP: en caractères d'imprimerie)

Nom:.....

Nom de jeune fille :.....

Prénom :.....

Date de naissance : / /

Représentant légal si patient mineur : père mère

Nom/prénom :

Rue/N°:.....

Localité, No postal:.....

Unité d'hospitalisation : Médecin :.....

N° EdS :

Adresse pour facturation: Patient Demandeur Assurance

Nature du cas : Maladie AI Accident Maternité

N° AVS (AI obligatoire) :

Assurance : N° Assuré :

Demande d'analyses cytogénomique et moléculaire des néoplasies hématologiques

Renseignements cliniques **obligatoires** fournis par le prescripteur

Présentation initiale

Suivi

Rémission

Récidive

Post greffe : date..... Autogreffe

Allogreffe, Sexe donneur : M F

Traitement en cours non oui type :

Sang périphérique : proportion de blastes (%) :

Examen cytogénétique précédent :

non oui, date : N°.....

Résultat détaillé obligatoire

.....

ou rapport à annexer

Tube / Matériel

E3 = Hémogard mauve 3 ml
E6 = Hémogard mauve 6 ml H6 = Hémogard vert 6 ml

SANG

HEMOPATH : 18 ml sang EDTA 3x E6

CYTOHEM : 2x 6 ml sang hépariné 2x H6

1 ml sang EDTA 1x E3

MOELLE

HEMOPATH : 2 ml moelle EDTA 1x E3

CYTOHEM : 6 ml moelle hépariné 1x H6

1 ml moelle EDTA 1x E3

AUTRE MATERIEL

L'analyse est réalisée, en fonction de l'approche, soit au laboratoire de cytogénétique hématologique CYTOHEM (caryotype, FISH, SNP array - puce à ADN), soit au laboratoire de pathologie moléculaire HEMOPATH (NGS, RT-PCR).

Après le prélèvement, il est impératif que le matériel arrive aux laboratoires dans les 5 heures.

Pour les analyses cytogénomiques standards (caryotype et/ou FISH et SNP array), la sélection des analyses est réalisée en fonction du type de néoplasie hématologique. La liste est visible sous https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/cytohem-selection_analyses_cytogenomiques_standard.pdf

Pour le NGS panel myéloïde (ADN)*, et le panel translocation Hemavision** la liste des gènes inclus est visible sous :

* Liste gènes panel NGS 100 Agilent SureSelect XT HS Target Enrichment System.

** https://dna-diagnostic.com/files/Downloads/HemaVision/HemaVision_28Q_Flyer_20170331.pdf Si la fusion recherchée est absente du panel Hemavision (28 fusions), inscrire manuellement le nom de la fusion recherchée sur cette même ligne. Le laboratoire HEMOPATH transmettra au laboratoire concerné.

Néoplasies myéloïdes

Présentation	Suivi
--------------	-------

LMA Leucémie myéloïde aiguë	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myeloïde * (inclus <i>FLT3, NPM1, CEBPA</i>) <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision ** <input type="checkbox"/> <i>WT1</i> expression (quantitatif)	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myeloïde * (inclus <i>FLT3, NPM1, CEBPA</i>) <input type="checkbox"/> <i>NPM1</i> quantitatif <input type="checkbox"/> Mut A <input type="checkbox"/> Mut B/D <input type="checkbox"/> <i>PML-RARA</i> quantitatif <input type="checkbox"/> bcr1 <input type="checkbox"/> bcr2 <input type="checkbox"/> bcr3 <input type="checkbox"/> <i>CBFB-MYH11</i> type A quantitatif <input type="checkbox"/> <i>RUNX1-RUNX1T1</i> quantitatif <input type="checkbox"/> <i>WT1</i> expression quantitatif

SMD syndrome myélodysplasique	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *

LMC Leucémie myéloïde chronique	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL</i> (M-bcr, m-bcr, u-bcr) (qualitatif)	<input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL</i> M-bcr <input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL</i> m-bcr <input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL</i> u-bcr <input type="checkbox"/> Mutation <i>BCR-ABL</i> (résistance TKI) ^{stt}

NMP- NMP/SMD_Néoplasie myéloproliférative - néoplasie myéloproliférative/myélodysplasique	
<input type="checkbox"/> LMMC <input type="checkbox"/> PV <input type="checkbox"/> TE <input type="checkbox"/> MFP <input type="checkbox"/> Autres	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myeloïde * (inclus <i>JAK2 V617F+ex12, CALR, MPL, KIT D816V</i>) <input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i> <input type="checkbox"/> Calréticuline (<i>CALR exon9</i>) ^{stt} <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myeloïde* (inclus <i>JAK2 V617F+ex12, CALR, MPL, KIT D816V</i>) <input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i> quantitatif

Néoplasie myéloïde / lymphoïde avec éosinophilie	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique (PDGFRA, PDGFRB, FGR1 ,PCM-JAK2) <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique (PDGFRA, PDGFRB, FGR1 ,PCM-JAK2) <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}

AA Anémie Aplasique	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde*	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus <i>FLT3</i> et <i>ASXL1</i>)

Autres néoplasies myéloïdes:	
<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde * <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *

^{na} non accrédité ^{stt} sous-traité

Néoplasies Lymphoïdes

Présentation	Suivi
LLA Leucémie Lymphoïde aiguë <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> T	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> BCR-ABL (M-bcr, m-bcr, u-bcr) <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémavision **	<input type="checkbox"/> BCR-ABL M-bcr <input type="checkbox"/> BCR-ABL m-bcr <input type="checkbox"/> BCR-ABL u-bcr
Néoplasie plasmocytaire <input type="checkbox"/> Myélome <input type="checkbox"/> MGUS <input type="checkbox"/> Autres	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
LLC Leucémie Lymphocytaire Chronique	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. [#] <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53)	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53)
Lymphome <input type="checkbox"/> B <input type="checkbox"/> T <input type="checkbox"/> Autres	
Voir feuille de demande de pathologie moléculaire PATHMOL sous : Externe : https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol.pdf Interne : http://www.intrahug.ch/sites/intranet/files/structures/departements/diag/patho-pathmol.pdf	
Lymphome avec infiltration médullaire <input type="checkbox"/> Type <input type="checkbox"/> Waldenström	
<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53,CXCR4,MYD88)	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53,CXCR4,MYD88)
Autres néoplasies circulantes	
<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) ^{na}
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde * <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémavision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *

^{na} non accrédité