

**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](mailto: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 : Dr sc Liza Ho, (022 37) 23 931  
Labo direct / résultats : Tél. : (022 37) 23 932 ou 079 55 36 331  
E-mail : [Biologie.M.Laboratoire@hcuge.ch](mailto: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 3 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](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](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 |
|--------------|-------|
|--------------|-------|

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

| <b>SMD syndrome myélodysplasique</b>  |   |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) | <input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) |
| <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *   | <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *   |

| <b>LMC Leucémie myéloïde chronique</b>  |   |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) | <input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)                 |
| <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<br><input type="checkbox"/> Mutation <i>BCR-ABL</i> (résistance TKI) <sup>stt</sup> |

| <b>NMP- NMP/SMD_Néoplasie myéloproliférative - néoplasie myéloproliférative/myélodysplasique</b>  |   |
|---|---|
| <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. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)   | <input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. #<br><input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) |
| <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde * (inclus <i>JAK2 V617F+ex12, CALR, MPL, KIT D816V, FLT3</i> )<br><input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i><br><input type="checkbox"/> Calréticuline ( <i>CALR exon9</i> ) <sup>stt</sup><br><input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision ** | <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde*(inclus <i>JAK2 V617F+ex12, CALR, MPL, KIT D816V, FLT3</i> )<br><input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i> quantitatif  |

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

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

| <b>Autres néoplasies myéloïdes: .....</b>  |  |
|--|--|
| <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) | <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique<br><input type="checkbox"/> FISH hématologique<br><input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN) |
| <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *<br><input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision **                                    | <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *  |

<sup>stt</sup> sous-traité

## Néoplasies Lymphoïdes

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