

**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. Stefania Gimelli, FAMH G (079 55 39 728)  
Responsable technique: Mme Elisavet Stathaki (079 55 32 437)  
Labo direct / résultats : Tél. : (022 37) 23 945 / 29398  
Centre d'accueil des prélèvements (CAP) : Tél (022 37) 21 800  
E-mail : [labo.cytohem@hug.ch](mailto:labo.cytohem@hug.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 : [hemopathies.malignes@hug.ch](mailto:hemopathies.malignes@hug.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 <b>obligatoires</b> fournis par le prescripteur	Tube / Matériel
<input type="radio"/> <b>Présentation initiale</b> <input type="radio"/> <b>Suivi</b> <input type="radio"/> Rémission <input type="radio"/> Récidive <input type="radio"/> Post greffe : date..... <input type="radio"/> Autogreffe <input type="radio"/> Allogreffe, Sexe donneur : <input type="radio"/> M <input type="radio"/> F Traitement en cours <input type="radio"/> non <input type="radio"/> oui type : ..... <input type="radio"/> Sang périphérique : proportion de blastes (%) : ..... <b>Examen cytogénétique précédent :</b> <input type="radio"/> non <input type="radio"/> oui, date : ..... N°..... Résultat détaillé obligatoire ..... ..... ou rapport à annexer	E3 = Hémogard mauve 3 ml E6 = Hémogard mauve 6 ml      H6 = Hémogard vert 6 ml <input type="radio"/> <b>SANG</b> <b>HEMOPATH</b> : 18 ml sang EDTA      3x E6 <b>CYTOHEM</b> : 2x 6 ml sang hépariné      2x H6 1 ml sang EDTA      1x E3 <input type="radio"/> <b>MOELLE</b> <b>HEMOPATH</b> : 2 ml moelle EDTA      1x E3 <b>CYTOHEM</b> : 6 ml moelle hépariné      1x H6 1 ml moelle EDTA      1x E3 <input type="radio"/> <b>ADN (concentration :.....)</b> <input type="radio"/> <b>ARN (concentration :.....)</b> <input type="radio"/> <b>AUTRE MATERIEL</b> .....

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 :

\* [https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste\\_des\\_genes\\_panel\\_ngs\\_100.pdf](https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste_des_genes_panel_ngs_100.pdf)

\*\* [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. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<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"/> Autre : _____ <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
<b>SMD syndrome myélodysplasique</b>	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <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. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <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 <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. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <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> ) <input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i> <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde*(inclus <i>JAK2 V617F+ex12, CALR, MPL, KIT D816V, FLT3</i> ) <input type="checkbox"/> <i>JAK2 V617F</i> quantitatif
<b>Néoplasie myéloïde / lymphoïde avec éosinophilie</b>	
<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)	<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)
<b>AA Anémie Aplasique</b>	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std. # <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <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 <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde * <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémapvision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *

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

\* [https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste\\_des\\_genes\\_panel\\_ngs\\_100.pdf](https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste_des_genes_panel_ngs_100.pdf)

\*\* [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 Lymphoïdes

Présentation	Suivi
<b>LLA Leucémie Lymphoïde aiguë</b> <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)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std.# <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<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
<b>Néoplasie plasmocytaire</b> <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)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std.# <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<b>LLC Leucémie Lymphocytaire Chronique</b>	
<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std.# <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Analyses cytogénomiques std.# <input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <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 : 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> 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 <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53, CXC4, MYD88)	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde* (inclus TP53, CXC4, MYD88)
<b>Autres néoplasies circulantes</b> .....	
<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)	<input type="checkbox"/> Caryotype hématologique <input type="checkbox"/> FISH hématologique <input type="checkbox"/> SNP array (puce à ADN)
<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde * <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémavision **	<input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *
<b>Mise en banque ou demande d'analyse(s) complémentaire(s)</b>	
<b>ADN</b>	<b>ARN</b>
<input type="checkbox"/> Extraction et mise en banque ADN (HEMOPATH) CYTOHEM : l'extraction et la mise en banque sont faites par défaut (100µl)	<input type="checkbox"/> Extraction et mise en banque ARN (HEMOPATH)
<input type="checkbox"/> Analyse(s) complémentaire(s) sur ADN Préciser n° ou date du prélèvement : ..... Préciser l'analyse demandée :	<input type="checkbox"/> Analyse(s) complémentaire(s) sur ARN Préciser n° ou date du prélèvement : ..... Préciser l'analyse demandée :
<input type="checkbox"/> JAK2 V617F <input type="checkbox"/> NGS Panel Myéloïde *	<input type="checkbox"/> BCR-ABL (M-bcr, m-bcr, u-bcr) <input type="checkbox"/> BCR-ABL M-bcr <input type="checkbox"/> BCR-ABL m-bcr <input type="checkbox"/> BCR-ABL u-bcr <input type="checkbox"/> Mutation BCR-ABL (résistance TKI) <sup>stt</sup> <input type="checkbox"/> Panel de translocation Hémavision ** <input type="checkbox"/> NPM1 quantitatif <input type="checkbox"/> Mut A <input type="checkbox"/> Mut B/D <input type="checkbox"/> Autre : _____ <input type="checkbox"/> PML-RARA quantitatif <input type="checkbox"/> bcr1 <input type="checkbox"/> bcr2 <input type="checkbox"/> bcr3 <input type="checkbox"/> CBFβ-MYH11 type A quantitatif <input type="checkbox"/> RUNX1-RUNX1T1 quantitatif <input type="checkbox"/> WT1 expression quantitatif

Pour le NGS panel myéloïde (ADN)\*, et le panel translocation Hemavision\*\* la liste des gènes inclus est visible sous :  
 \* [https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste\\_des\\_genes\\_panel\\_ngs\\_100.pdf](https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/gr-demande-analyse/patho-pathmol-hemopath-liste_des_genes_panel_ngs_100.pdf)  
 \*\* [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.