



Introduction de la notation dans le CEQ 2010

**CR des décisions prises par la commission CEQ GFCH-ACLF
du 11/03/10 et 08/04/10**

Création: Nicole Dastugue

Mise à jour 2019 : Isabelle Luquet et Christine Terré

Coordonnatrices du CEQ



POURQUOI?

Depuis 2005

appréciation binaire CORRECT/INCORRECT à chaque item

- sans distinction des erreurs majeures et mineures
- erreurs majeures et mineures pénalisées par le même INCORRECT

Réunion de commission qualité mars 2010 et réunion de groupe GFCH

- décision adopter le système de notation

Mise à jour en 2019 suite à diverses réunions de commission qualité du GFCH et réunions de groupe (restitution des bilans globaux des EEQ)



5 modules

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

Module 1

Partie **Analytique/détection** des anomalies (note 5/20)

Module 2

FISH: choix de sonde et justification (note 2/20)

Module 3

Partie **Descriptive** (note 6,25/20)

- ISCN (note 4/6,25)
- description en clair/texte (note 2,25/6,25)

Module 4

Partie **Interprétation** (note 3,75/20)

Module 5

Partie **Classement**/Analyse images (3/20)

Note finale sur 20

Toutes les images fournies (mitoses + images FISH) doivent être analysées pour une correction homogène et équitable de tous les centres



Module 1
Partie **Analytique/détection** des anomalies
(note 5/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

Analyse globale appréciée après avoir pris connaissance de l'ensemble des réponses (ISCN, description, interprétation..)

Principes de notation

A - Distinction entre erreur majeure et erreur mineure

Erreur majeure:

concerne détection de l'anomalie critique

tout dossier soumis contient une anomalie spécifique

Erreur mineure:

concerne détection des autres anomalies

concerne détection cellules normales

concerne détection d'anomalies qui n'existent pas



Module 1
Partie **Analytique/détection** des anomalies
(note 5/20)
Principes de notation (suite)

B- valeurs accordées aux erreurs majeures et mineures

Si anomalie critique détectée:

la note ne peut pas être inférieure à 3

la note peut varier de 3 à 5 (grille établie par experts)

Exemples:

si une seule anomalie: notation sera 5 ou 0

si plusieurs anomalies, ratio 3/2 ou 4/1 selon difficulté dossier

Partie Analytique

Exemple CEQA



LAL

46,XX,t(4;11)(q21;q23)[15]/47,idem,+X[3]

nuc ish (MLLx2)(5'MLL sep 3'MLLx1)[100]

Erreur majeure

non détection de t(4;11): **0 participants**

Erreurs mineures

+X,-7,+mar : avec commentaire évolution clonale/hyperdiploidie

+22

Del(3q) qui n'existait pas

présence de cellules normales (alors que absence de)



Module 2
Partie FISH (note 2/20)
Obligatoire dans l'EEQ

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

Choix de la sonde (valeur 1 point)

si plusieurs sondes, les experts devront décider d'une hiérarchie éventuelle dans ce choix (à déterminer en fonction de chaque dossier)

Le site WEB permet de savoir quelles fenêtres FISH ont été ouvertes

Justification du choix de la sonde (valeur 1 point)

Cohérence de la justification de faire cette FISH ou de ne pas en faire:
possibilité de cocher plusieurs items mais ne répondre qu'à la justification du « oui » ou du « non » et pas aux deux

On ne note pas les pratiques différentes des centres mais questionnaire sur la réalisation ou non de cette (ou ces) sonde(s) devant un cas similaire et pourquoi



Module 3

Partie **Descriptive** (note 6,25/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

- **ISCN** (note 4/6,25)
- **description en clair/texte** (note 2,25/6,25)

la formule ISCN « caryotype » et la formule ISCN « ish » notées comme un tout (un seul champ de réponse ISCN) 46,XX....etc[x].ishetc

car on note le résultat final (quelles que soient les étapes qui y ont conduit)



Module 3
Partie **Descriptive** (note 6,25/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

ISCN (note 4/6,25)

Principe de notation: « Juste et bien écrit »

Juste: noté sur 3 (K, FISH M, FISH I)

Bien écrit: noté sur 1

Juste:

2 exemples de notation = 0 (car pas justes)

description d'une anomalie qui n'existe pas

erreur de sexe

Bien écrit

Erreurs de nombre de mitoses.....etc

Erreurs fractionnables (voir exemples) : 0,1 0,2(grille experts)

Partie Descriptive

Exemple CEQA

Erreurs ISCN Caryotype

- Manque le nombre de métaphases [x]
- Sous-clone écrit avant le sl
- Manque p ou q dans la transloc $t(4;11)(21;q23)$
- 46**,XX,+X,t(4;11) selon ISCN devrait être 47
- Formule rapportée sous forme composite
- 2n au lieu de 46

Partie Descriptive

Exemple CEQA



Erreurs ISCN FISH

- FISH commentée en texte mais non rapportée ISCN
- nombre de cellules analysées [x] non indiqué
- nombre de cellules analysées sous forme [100-200]
- Nombre de cellules sous forme [100/100]
- 2 symboles pour un même gène: HRX et ALL (HRXx2)(ALL sep HRXx1)
- Nombres de cellules normales et anormales mal placés
(MLLx2)[2] (5'MLLsep3'MLL)[10]
- nuc ish (MLL)(5'MLL sep 3'MLLx1) = manquex2 dans (MLLx2)



Module 3
Partie **Descriptive** (note 6,25/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

description en clair/texte (note 2,25/6,25)

Le texte doit traduire en termes compréhensibles par un non cytogénéticien les informations contenues dans la formule ISCN

Le texte devra contenir toutes les informations suivantes

Caryotype

- Nombre de mitoses analysées (0,25)
- Nombre de mitoses anormales par clone (et non le pourcentage) (0,25)
- Nombre modal de chaque clone (0,25)
- La description en toutes lettres des anomalies est exigée (Exemple : translocation et non « *t* ») avec points de cassure sur les bras longs ou courts des chromosomes (0,5)



Module 3
Partie Descriptive (note 6,25/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

description en clair/texte (note 2,25/6,25)
(suite)

Le texte devra contenir toutes les informations suivantes

FISH

- Le type de sonde utilisée pour la FISH (0,5)
sonde « peinture, break-apart/séparation, gène de fusion, monocouleur, extrasignal...etc »)
- Le nombre de métaphases analysées en FISH (0,25)
- Le nombre de cellules interphasiques (ou le pourcentage) (0,25)

Ne sont pas indispensables

- Le tissu analysé
- Le type de culture
- Le nombre de mitoses normales

Exemple

46,XX,t(4;11)(q21;q23)[15]/47,idem,+X[3].nuc ish(MLLx2)(5'MLL sep 3'MLLx1)[100]

L'analyse de 18 métaphases a montré un clone anormal à 46 chromosomes dans 15 métaphases incluant une translocation entre les bras longs d'un chromosome 4 et les bras long d'un chromosome 11 avec points de cassure respectifs en 4q21 et 11q23. Une évolution clonale est observée dans 3 métaphases à 47 chromosomes avec un chromosome X surnuméraire. L'hybridation in situ sur cellules interphasiques avec la sonde MLL (sonde bicouleur/séparation) a confirmé le réarrangement MLL lié à la translocation dans les 100 noyaux analysés.



Module 4
Partie Interprétation (note 3,75/20)

Groupe
Francophone de
Cytogénétique
Hématologique

- **Clarté du compte-rendu (valeur 1)**
 - respect du plan : d'abord la description des anomalies, ensuite l'interprétation
 - concision : pénalité pour les CR trop longs qui ressemblent à des dissertations sur la question
- **Gènes impliqués (valeur 1)**
 - si FISH faite, rapporter les gènes critiques des FISH analysées
 - si FISH non faite, mentionner les gènes habituellement impliqués
- **Diagnostic (valeur 1)**
 - compatibilité avec les données clinico-biologiques fournies
 - orientation diagnostique si l'ensemble des données le permet
- **Pronostic (valeur 0,75) possibilité de malus**
 - notation pronostic sera modulée si pronostic incertain (litterature)

Exemple

**46,XX,t(4;11)(q21;q23)[15]/47,idem,+X[3]
.nuc ish(MLLx2)(5'MLL sep 3'MLLx1)[100]**

L'analyse de 18 métaphases a montré un clone anormal à 46 chromosomes dans 15 métaphases incluant une translocation entre les bras longs d'un chromosome 4 et les bras long d'un chromosome 11 avec points de cassure respectifs en 4q21 et 11q23. Une évolution clonale est observée dans 3 métaphases à 47 chromosomes avec un chromosome X surnuméraire.

L'hybridation in situ sur cellules interphasiques avec la sonde MLL (sonde bicouleur/séparation) a confirmé le réarrangement MLL lié à la translocation.

La translocation t(4;11) est une anomalie fréquente des leucémies aiguës lymphoblastiques, générant habituellement la fusion des gènes AF4 (sur le chromosome 4) et MLL (sur le chromosome 11). Le résultat cytogénétique est compatible avec les données cliniques du patient, cette anomalie étant habituellement associée à un immunophénotype B précoce. Cette anomalie est associée à un mauvais pronostic. La présence d'un sous-clone avec trisomie X ne modifie pas l'impact pronostique.



Module 5

Partie **Classement**/Analyse images (3/20)

- **Respect de la consigne** (nombre de mitoses exigées/clone): **malus**
- **Caryotype (noté sur 3)**: chaque caryotype = 3/n



Respect de la consigne

Envoyer caryotypes de chaque clone + 1 caryotype sans anomalie

pour toute anomalie de structure ou de nombre : **2 caryotypes**

Exemple :

1 clone avec trisomie et des cellules normales : 3 caryotypes à envoyer

Non respect de la consigne

si trop de caryotypes sont envoyés, les experts ne regarderont que les 3 premiers et si ce sont 3 caryotypes anormaux, 1 caryotype sera noté 0 car non adapté (3 trisomies et pas de normal).

La perte de points du non respect de la consigne est donc variable, amputant la notation caryotype



Module 5

Partie **Classement**/Analyse images (3/20)

Exemple

1 clone avec trisomie et des cellules normales

→ 3 mitoses à envoyer

1 point par caryotype demandé et bien classé

Autre exemple

1 clone avec trisomie, un sous clone et cellules normales

→ 5 mitoses à envoyer

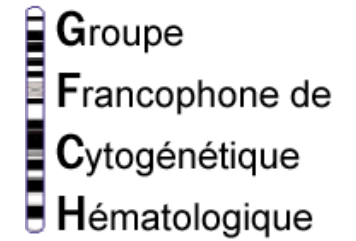
0,6 points par caryotype demandé et bien classé

En fonction du type et du nombre d'erreurs, les experts moduleront la note de 0 à 1.

Au niveau de chacun des items notés, les experts pourront mettre un commentaire expliquant ce qui ne va pas et ce qui était attendu.



Formulaire de réponses



La structure de l'ancien formulaire est conservée et paramétrée dans un EEQ « étalon »

Des modifications pourront si nécessaire être apportées après validation par la commission qualité

La notation des parties variables (points anomalies primaires/secondaires, point/caryotype) est ajustée chaque année après validation du cas par les experts



Réponses à la question FISH limitation du site WEB

Si plusieurs sondes choisies

Justification de chaque sonde ne pourra pas être rattachée au nom de la sonde

Il faudra cocher plusieurs items

Exemple: **ATM** et **p53**

Qualité insuffisante des métaphases

Absence d'anomalie spécifique

Nécessité de préciser l'anomalie observée

Vérifier la clonalité

Discordance avec la présentation clinico-biologique

Discordance avec le résultat de la biologie moléculaire

Valeur pronostique



Notion de mauvaise performance

Définition

Mauvais score à un EEQ n'est pas une mauvaise performance en soit mais le centre est « tagué »

Echecs répétés ou 1 échec + inscription sans soumission = mauvaise performance (par cycle de 3 ans)

→ Mail de l'ACLF (via le webmaster en raison du respect de l'anonymisation des centres) pour signifier la mauvaise performance

Où en sommes-nous?

ACLF-GFCH: pas de valeur juridique/pas de sanction possible

ACLF-GFCH: attestation de participation (et non une attestation de réussite)

Systèmes utilisés par GFCH-ACLF permettent traçabilité

Où allons-nous?

Accréditation du système en cours ce qui rendra la participation (et le succès) aux EEQ obligatoire