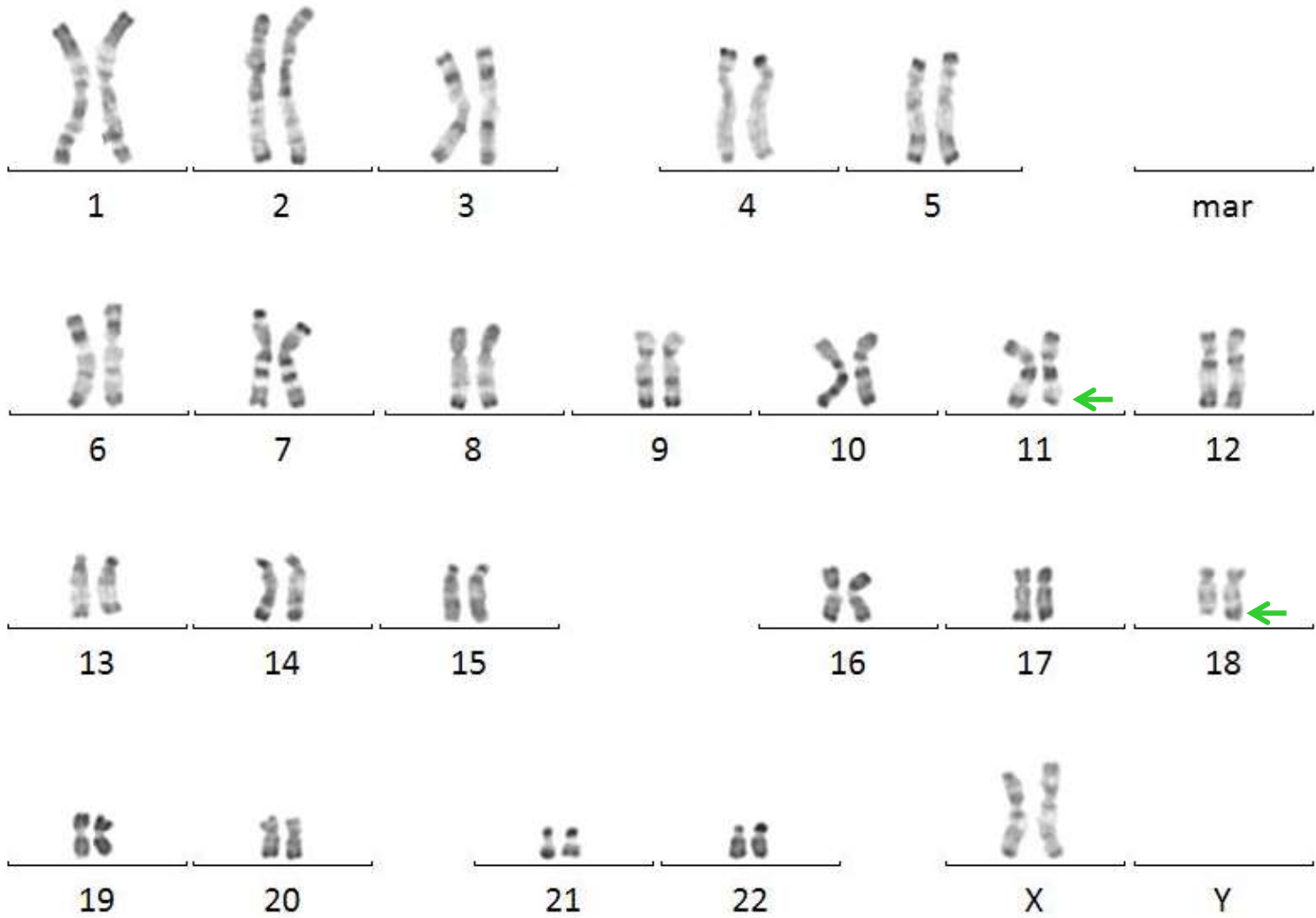


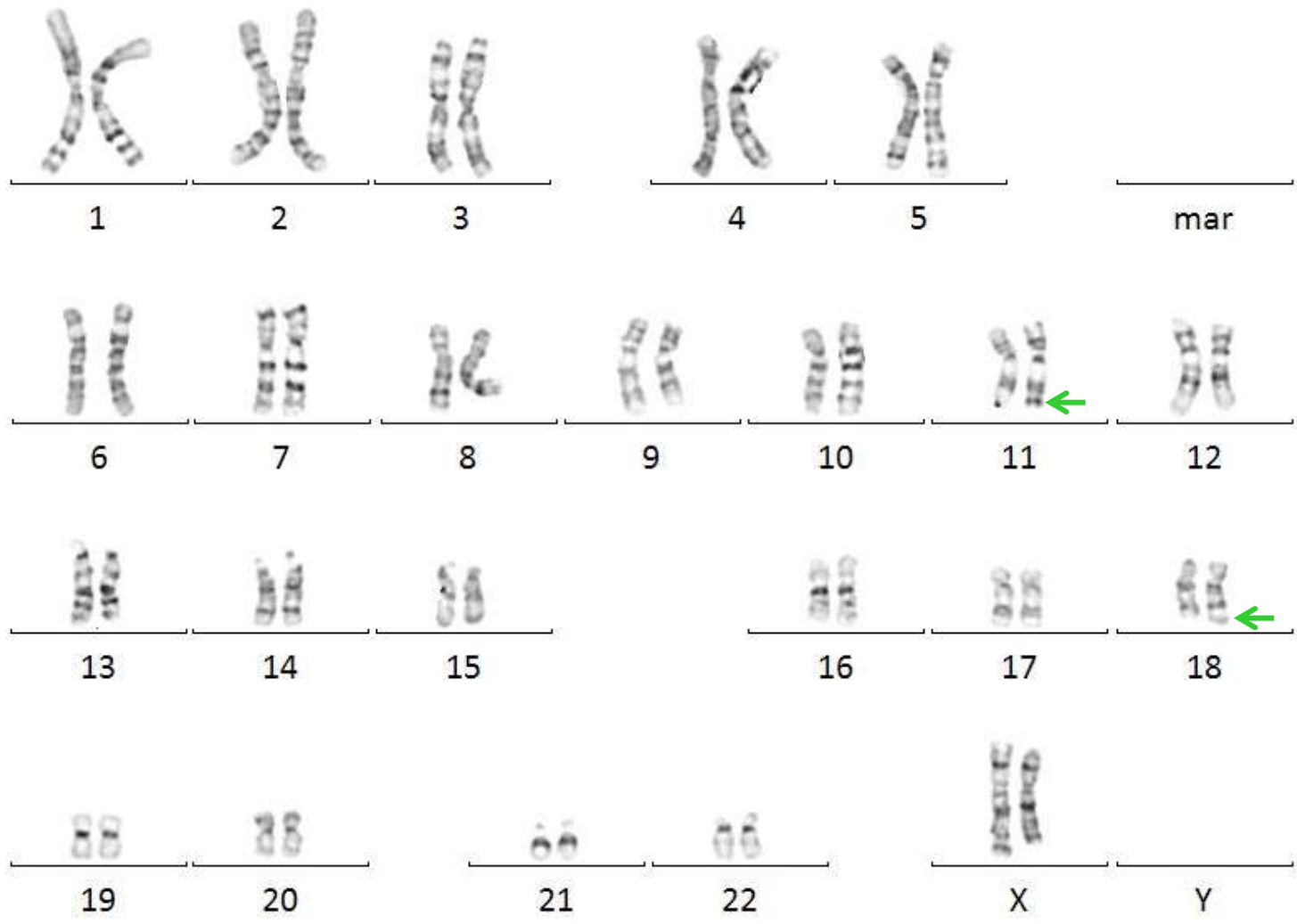
# EEQ Hématologie 2015

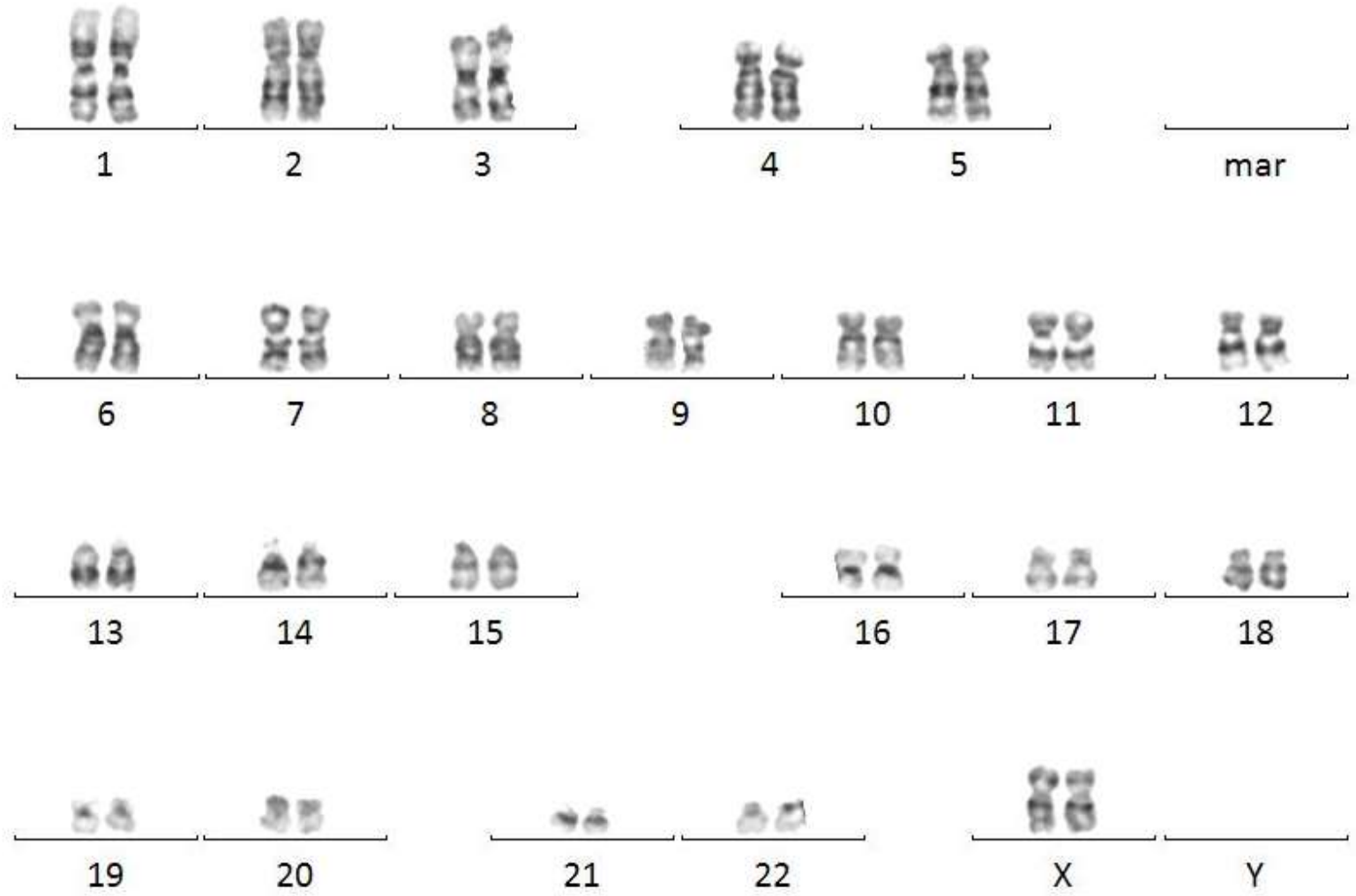
43 inscriptions  
41 participants (*40 en 2014*)  
sur 51 labos francophones (80,4%)

Notation sur 20

*Audrey Bidet*  
*Agnès Daudignon*  
*Catherine Henry*  
*Marie-Joëlle Mozziconacci*







# Grille de notation

- **Partie FISH (2 points)**  
malus si choix sonde inapproprié
- **Partie descriptive (6,25 points)**  
formule juste et bien écrite (ISCN 2013) 4pts  
description (conclusion) 2,25 pts
- **Partie analytique (5 points)**  
détection des anomalies
- **Interprétation (3,75 points)**
- **Classement (3 points)**  
malus si non respect des consignes
- **Notation sur 20**

# Questionnaire :

Informations générales (non notées)

- Type de logiciel utilisé

Laboratoire 38/41

Fourni 3/41

- Difficulté à importer les images:

3/40 labos (1 sans réponse) ( 3 leur logiciel/0 logiciel fourni)

- Difficultés à exporter les images :

**3 labos** ( 2 leur logiciel / 1 logiciel fourni)

- Nombre mitoses analysées :

**10 pour tous les centres**

- Nombre de caryotypes établis :

**10 pour 40 labos**

**5 pour 1 labo**

## Partie FISH (2 points)

- **FISH nécessaire (non noté)**

Oui 30 labos

Non 11 labos

- **Choix de la sonde** (1 point) (*malus*)

**MALT1 40 labos;** 1 centre n'a pas répondu de FISH

Peinture 18: 1 labo

Peinture 4: 1 labo (?add (4) au caryotype)

Peinture X: 1 labo

TP53 : 2 labos

Aucun n'a été pénalisé mais penser à justifier toute ouverture de sonde autre que la sonde d'intérêt dans la conclusion.

## •Justification FISH cohérente (1point)

Cohérence pour 39/41

### OUI (30 labos)

- Préciser l'anomalie: 23/30
- Discordance: 4/30
- Préciser l'anomalie + discordance: 2/30
- Préciser + valeur pronostique : 1/30

(5 labos ont aussi justifié le non)

### NON (11 labos)

- Anomalie spécifique: 6/11
- Qualité suffisante: 2/11
- Anomalie spécifique et qualité suffisante: 3/11

(2 labos ont aussi justifié le oui)

## Partie analytique (5 points)

Anomalie critique détectée (5 points) : **41/41**  
t(11;18) vue par tous les centres mais un centre  
pas de conclusion (uniquement dans la formule)

Autre anomalie détectée (0 point) : **1/41**

**Un ?add(4q) sur une mitose pour un centre**

**→ pénalité** (les anomalies non clonales ne doivent pas être signalées  
dans la formule ISCN)

# Formule attendue

46,XX,t(11;18)(q21;q21)[8]/46,XX[2].ish t(11;18)  
(3'MALT1+;5'MALT1+)[2].nuc ish(MALT1x2)  
(5'MALT1 sep 3'MALT1x1)[17/20]

Relocalisation de BIRC3 (API2) en 11q22 : les 2  
points de cassure ont été acceptés

Attention: le sens de la fusion MALT1-BIRC3  
est erroné dans l'Atlas

## Partie descriptive (6,25 points)

Anomalies détectées: **Caryotype** + FISH

juste (3 points)

bien écrite (1point), selon les règles de l' ISCN 2013

Conclusion: partie descriptive (2,25 points)

# Partie descriptive ISCN 2013 (4/6 points)

Avec formule FISH

**Formule juste** (3 points) : **35/41**

Erreur principalement sur le nombre de mitoses  
et/ou de noyaux analysés en FISH

Un ?add(4q)

**Formule bien écrite (1 point) : 24/41**

**Erreurs ISCN seulement sur la FISH**

**les + fréquentes :**

.ish t(11;18)(5'MALT1+;3'MALT1+)[2].nuc ish(MALT1x2)  
(5'MALT1 sep 3'MALT1x1)[17/20]

Erreurs d'espace

Oubli de „ +“ après MALT1

FISH intercalée entre le clone pathologique et le clone normal

Mélange de BACs et 5'-3' MALT1

# Conclusion

Partie descriptive selon les principes notation CQE (2,25 points)

La conclusion devait comporter

Pour le caryotype :

Nombre de mitoses analysées (0,25)	: 39/40
Nombre de mitoses anormales par clone (0,25)	: 39/40
Nombre modal de chaque clone (0,25)	: 34/40
Description en toutes lettres des anomalies avec points de cassure et bras courts ou longs (0,5)	: 37/40

Pour la FISH :

Type de sonde utilisée (0,5)	: 36/40
Nombre de métaphases analysées (0,25)	: 37/40
Nombre de noyaux analysés (0,25)	: 37/40

# Partie interprétation (3,75 points)

✓ **Conclusion claire** (1 point) : **37/40**

faire passer les informations importantes  
pas d'incohérence  
pas de dissertation

✓ **Gènes impliqués** (1 point) : **39/40**

Si 1 seul (-0,5)

✓ **Diagnostic et compatibilité** (1 point) : **39/40**

✓ **Pronostic** (0,75 point) : **21/40**

- 0,25 si caractère habituellement indolent des MALT non signalé

- 0,25 si résistance au ttt par ATB des MALT gastriques avec  
t(11;18) non signalé

Rmq: 2 conclusions identiques mot pour mot avec la même ref en japonais !

# Exemple de conclusion

L'analyse de 10 métaphases a montré 8 métaphases à 46 chromosomes avec une translocation réciproque entre le bras long d'un chromosome 11 et le bras long d'un chromosome 18, sans autre anomalie associée. Les points de cassure de cette translocation impliquent probablement le gène BIRC3 en 11q22 et le gène MALT1 en 18q21. 2 métaphases n'ont pas d'anomalie.

Une hybridation in situ avec la sonde de séparation MALT1 localisée en 18q21 a été réalisée et confirme l'implication du gène dans la translocation dans 2 métaphases et 17 des 20 noyaux observés .

Cette anomalie chromosomique est récurrente dans le lymphome de la zone marginale dans sa forme extranodale, appelé aussi lymphome de MALT (Mucosa-Associated Lymphoid Tissue). Dans ce type de lymphome plutôt indolent, la translocation t(11;18) ne confère pas de pronostic particulier. A noter que dans les lymphomes du MALT gastriques, la translocation t(11;18) est associée à la résistance au traitement antibiotique ciblant *Helicobacter pylori*.

# Classement de caryotypes (3 points)

## Consignes :

- ✓ 2 caryotypes de chaque clone anormal
- ✓ 1 caryotype sans anomalie (s' il y en a)

**Ici :** t(11;18): 2 caryotypes  
2 mitoses normales: 1 caryotype  
**total : 3 caryotypes soit 1 point/caryotype**

# Classement de caryotypes (3 points)

Non respect consignes : **4/41** (malus -0,5)

- nb de caryotypes envoyés  $\neq$  3 (4 caryo (1), 5 caryo (2))

Si  $>3$ , seuls 3 1ers regardés (risque non respect des consignes)

- 3 caryotypes avec translocation (1)

Classement juste (1 point/caryo) 3 caryos **36/41**

✓ erreurs mineures : 5 centres

✓ erreurs majeures : 1 labo

# Synthèse Globale

Appréciation Intervalle des Notes variable selon le cas (décidé par les experts)

**Très bon dossier** 19-20 (23)

**Bon dossier** 17-18 (15)

**Insuffisant** 14-16 (2)

**Très insuffisant** <10 (1)

Commentaire: précision si absence de conclusion, analyse FISH non faite ou non respect des consignes EEQ.

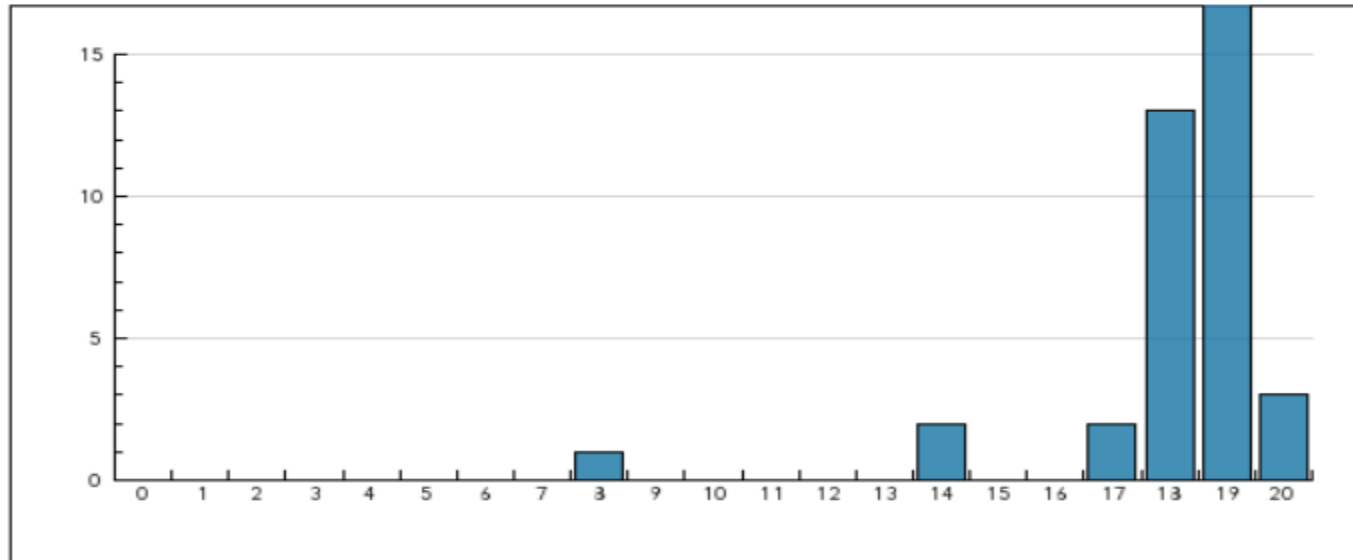
# Notes

✓ Moyenne globale : **18,42/20**

Groupe 1 : 18,25      Groupe 2 : 18,74

✓ Médiane : **19/20**

✓ Min : **8,25/20**      Max : **20/20** (3 labos)



## Alerte de performance

1 note à 8,25 (labo 203) liée à une absence de conclusion (11 pts non évaluables)

1 note à 14,75 (labo 327) liée à l'absence d'interprétation de la FISH (5 pts non attribuables) : non respect des consignes de l'EEQ

1 note à 14,5 (labo 364) avec nombreuses erreurs ISCN et conclusion sans respect des consignes de l'EEQ

2 labos se sont inscrits mais n'ont pas participé

Ces 5 labos sur l'EEQ 2015 auraient eu une alerte de performance.

[Mise en application sur l'EEQ 2016](#)

## Rappel : Critères de mauvaise performance

- Inscription mais non soumission
- alerte de performance

Les critères d'alerte de performance sont déterminés pour chaque EEQ.

Mauvaise performance = 2 alertes sur 3 années consécutives => mail du COPIL

# Droits de réponse

**7 droits de réponse ont été examinés par la commission qualité : pas de réévaluation des notes**

**utiliser uniquement le site pour le droit de réponse (pas de mail perso: anonymat)**

# BILAN

- **Bon résultats dans l'ensemble**
- **A partir de l'année prochaine : alerte de performance**
- **Il n'y aura pas de mail envoyé à la 1<sup>ère</sup> alerte ni sur le certificat de performance : soyez vigilants sur le CR de l'EEQ lors de la réunion du GFCH**

**Rappel: EEQ Onco-Hématologie = Caryotype + FISH**