



DEMANDE D'ANALYSE ONCOGENOMIQUE

 <p>Centre hospitalier universitaire vaudois</p> <p>Service d'hématologie Laboratoire d'oncogénomique Réception des laboratoires BH18-100 1011 Lausanne http://www.chuv.ch/log Tél. : 021 314 33 93 e-mail : log@chuv.ch Ouverture du laboratoire : lundi-vendredi 08h00-17h00</p>		<p>PATIENT</p> <p>Nom : _____</p> <p>Prénom : _____</p> <p>Adresse : _____</p> <p>Date de naissance : _____</p> <p>Sexe : <input type="checkbox"/> Masculin <input type="checkbox"/> Féminin</p>	<p>Date de prélèvement : _____</p> <hr/> <p>FACTURATION</p> <p><input type="checkbox"/> Patient</p> <p><input type="checkbox"/> Demandeur</p>
<p>PROVENANCE</p> <p>Médecin : _____</p> <p>Tél./BIP : _____</p> <p>Hôpital : _____</p> <p>Service : _____</p>		<p>COPIE(S) de résultats souhaitée(s) :</p>	
<p>CONSENTEMENT POUR ANALYSES BIOLOGIQUES</p>			
<p>Suite à toute analyse biologique effectuée dans notre laboratoire, tout échantillon ou produit d'analyse :</p> <p><input type="checkbox"/> Peut être stocké au laboratoire afin de pouvoir répondre à une demande de rajout d'analyses par le médecin demandeur (par défaut)</p> <p><input type="checkbox"/> Peut être utilisé pour le développement et la recherche (par défaut)</p> <p><input type="checkbox"/> Doit être détruit</p>		<p>Chaque test de génétique constitutionnelle doit s'accompagner d'un conseil génétique (Loi sur l'analyse génétique humaine - LAGH). Par sa signature le médecin demandeur atteste avoir informé la personne concernée selon les obligations légales en vigueur pour la génétique constitutionnelle et avoir reçu son consentement pour les analyses génétiques et toutes les autres analyses biologiques.</p> <p>Signature du médecin demandeur obligatoire :</p> <p>_____</p>	
<p>MATERIEL</p> <p>Héparinate de lithium, conserver à température ambiante</p> <p>Si < 2ml justifier pourquoi peu de matériel svp :</p> <p><input type="checkbox"/> Moelle</p> <p><input type="checkbox"/> Biopsie</p> <p><input type="checkbox"/> Sang périphérique, proportion de blastes (%) :</p> <p><input type="checkbox"/> Autre :</p>	<p>STATUT</p> <p>Date diagnostic initial: _____</p> <p><input type="checkbox"/> Présentation <input type="checkbox"/> Suivi</p> <p>remarques: _____</p>	<p>THERAPIE / AUTRE PATHOLOGIE</p> <p><input type="checkbox"/> Non</p> <p><input type="checkbox"/> Oui</p> <p>Remarques : _____</p>	
<p>DIAGNOSTIC</p> <p><input type="checkbox"/> Préliminaire <input type="checkbox"/> Définitif</p> <p><input type="checkbox"/> LMA <input type="checkbox"/> SMD <input type="checkbox"/> LMMC <input type="checkbox"/> SMD-NMP <input type="checkbox"/> NMP <input type="checkbox"/> PV <input type="checkbox"/> TE <input type="checkbox"/> MFP</p> <p><input type="checkbox"/> Eosinophilie <input type="checkbox"/> AA/AAS <input type="checkbox"/> Mastocytose <input type="checkbox"/> LMC <input type="checkbox"/> LLA-B <input type="checkbox"/> LLA-T <input type="checkbox"/> Myélome <input type="checkbox"/> MGUS</p> <p><input type="checkbox"/> LLC <input type="checkbox"/> Waldenström <input type="checkbox"/> Lymphome (Type :) <input type="checkbox"/> Syndr. VEXAS <input type="checkbox"/> Autres :</p> <p>Remarques : _____</p>		<p>GREFFE</p> <p>Date :</p> <p><input type="checkbox"/> Non <input type="checkbox"/> Oui</p> <p><input type="checkbox"/> Autologue <input type="checkbox"/> Allogénique</p> <p>Sexe donneur : <input type="radio"/> Masculin <input type="radio"/> Féminin</p>	
<p>METHODES</p> <p><input type="checkbox"/> Analyses standards selon diagnostic <input type="checkbox"/> Analyses standards sans NGS/ddPCR selon diagnostic</p> <p>(Si aucune méthode n'est spécifiée, le laboratoire va effectuer les analyses oncogénomiques les plus appropriées en fonction du diagnostic)</p> <p>En dehors des analyses standards, les analyses suivantes peuvent être effectuées :</p> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 48%;"> <p><input type="checkbox"/> Cytogénétique conventionnelle (CC)</p> <p><input type="checkbox"/> SNP array (PUCE)</p> <p><input type="checkbox"/> Séquençage à haut débit (NGS ADN, analyse de mutations)</p> <p><input type="checkbox"/> Panel Myéloïde (voir détail des gènes ci-dessous*)</p> <p><input type="checkbox"/> Panel Myélome (BRAF, GPRC5D, KRAS, NRAS, TNFRSF17, TP53)</p> <p><input type="checkbox"/> TP53 seul</p> <p><input type="checkbox"/> UBA1 (Syndr. VEXAS) séquençage gène entier</p> </div> <div style="width: 48%;"> <p><input type="checkbox"/> Digital PCR (ddPCR)</p> <p><input type="checkbox"/> KIT c.2447A>T p.D816V</p> <p><input type="checkbox"/> MYD88 c.794T>C p.L265P</p> <p><input type="checkbox"/> BRAF c.1799T>A p.V600E</p> <p><input type="checkbox"/> Hybridation in situ fluorescente (FISH):</p> </div> </div>			
<p>Analyses standards selon diagnostic</p> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 48%;"> <ul style="list-style-type: none"> • Panel LMA (CC, SNP array, OGM***, NGS panel myéloïde *) • Panel SMD/AA (SNP array, NGS panel myéloïde *) • Panel éosinophilie (CC, OGM***) • Panel SMD-NMP/LMMC (CC, SNP array, NGS panel myéloïde *) • Panel LMC (CC, NGS/Analyse de fragment ASXL1) • Panel NMP (CC, NGS panel myéloïde * réduit ** y compris JAK2 ex12+14, MPL, CALR) </div> <div style="width: 48%;"> <ul style="list-style-type: none"> • Panel LLA (CC, SNP array, OGM***) • Panel LLC (SNP array, NGS TP53) • Panel Myélome (SNP array, Panel Myélome NGS, FISH/IGH) Si IGH positif : Recherche IGH::CCND1, IGH::FGFR3, IGH::MAF • Panel Mastocytose (CC, ddPCR KIT) • Panel Waldenström (CC, ddPCR MYD88) </div> </div> <p>* NGS - gènes panel myéloïde : ABL1, ANKRD26, ARID1A, ASXL1, ASXL2, ATRX, BCOR, BCORL1, BRAF, BRCC3, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CUX1, CXCR4, DDX41, DNMT3A, EP300, ETV6, EZH2, FBXW7, FLT3, GATA1, GATA2, GNAS, GNB1, HRAS, IDH1, IDH2, IKZF1, JAK2, JAK3, KDM6A, KIT, KRAS, MPL, MYD88, NF1, NOTCH1, NPM1, NRAS, PDGFRA, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTEN, PTPN11, RB1, RAD21, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SMC1A, SMC3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, UBA1, WAS, WT1, ZBTB7A, ZRSR2. + Analyse de fragments FLT3-ITD, ASXL1</p> <p>**gènes en gras, ***analyse effectuée hors périmètre accréditation</p>			
<p>Remarques :</p> <p>_____</p>			