

Analyses du laboratoire de DIAGNOSTIC MOLÉCULAIRE - Oncologie moléculaire
Analyses du laboratoire de DIAGNOSTIC MOLÉCULAIRE - Oncologie moléculaire

3175, Côte Sainte-Catherine, Montréal, QC, H3T 1C5, 514-345-4642

Prélèvement demandé: Date: _____ Heure _____ ou Heure de tournée: 7h 11h 14h 17h 20h 00h

Unité de Soins/Clinique : _____ MD/Requérant : _____ # Licence : _____ Prélèvement fait: Date: _____ Heure: _____ Prélevé par: _____ Cocher obligatoirement la nature de l'échantillon, l'analyse et la priorité	Identification du patient Nom, Prénom : _____ Sexe : F <input type="checkbox"/> M <input type="checkbox"/> Adresse : _____ Code postal : _____ # Dossier ou # Ass. maladie : _____ Date de naissance : _____ ou Plaquer carte
--	--

Renseignements cliniques: _____

En demandant cette analyse, le médecin confirme avoir expliqué au (à la) patient(e) la nature du test demandé sur cette requête et ses bénéfices, limites et risques potentiels pour le (la) patient(e) et pour sa famille. Il (elle) confirme aussi avoir obtenu un consentement autorisant le test, de la part du (de la) patient(e) ou de son (sa) gardien(ne) légal(e).

NATURE DE L'ÉCHANTILLON	BUT DU TEST DEMANDÉ
<input type="checkbox"/> Sang : 5 mL EDTA, # tubes : _____ <input type="checkbox"/> Biopsie tissu # spécimen _____ <input type="checkbox"/> ADN : origine _____ <input type="checkbox"/> Bloc paraffine # bloc _____ <input type="checkbox"/> ARN : origine _____ <input type="checkbox"/> Moelle osseuse (EDTA) <input type="checkbox"/> Fibroblastes	<input type="checkbox"/> Nouveau diagnostic <input type="checkbox"/> Pour analyse ultérieure <small>Patient symptomatique Justification obligatoire :</small> <input type="checkbox"/> Rechute _____ <input type="checkbox"/> Suivi maladie résiduelle _____
ANALYSES GÉNOMIQUES SUR MATERIEL TUMORAL (SNG)	
<p>Important : Pour procéder aux analyses génomiques, la feuille d'information clinique et le consentement doivent être inclus avec la requête (www.chusj.org/fr/Labotest). Joindre une requête séparée pour matériel non-tumoral (voir ci-dessous).</p> <p>Hémopathie maligne (leucémie, SMD) ou tumeur solide</p> <input type="checkbox"/> Exome onco (moelle ou tissu) <small>EXTUM</small> <input type="checkbox"/> Transcriptome onco (moelle ou tissu) <small>TRATU</small> <small>Toujours cocher ensemble Exome onco et Transcriptome onco pour matériel tumoral (diagnostic ou rechute)</small>	
ANALYSES GÉNOMIQUES SUR MATERIEL NON-TUMORAL (SNG)	
<p>Important : Pour procéder aux analyses génomiques, la feuille d'information clinique et le consentement doivent être inclus avec la requête (www.chusj.org/fr/Labotest).</p> <input type="checkbox"/> Prédilection aux hémopathies malignes (leucémies, SMD) et insuffisances médullaires par exome (fibroblastes, sang ou moelle; pour les leucémies; prélèvement post-traitement) <small>TUHEM</small> <input type="checkbox"/> Prédilection aux tumeurs solides par exome (sang) <small>TUPED</small>	
CHIMÉRISME	
<input type="checkbox"/> Receveur pré-greffe <small>CHIMA</small> <input type="checkbox"/> Receveur post-greffe <small>CHIMP</small> <input type="checkbox"/> Donneur <small>ADNX2</small> Information du patient à greffer : _____	
SÉQUENÇAGE D'EXONS CODANTS DE GÈNES (SANGER)	
<input type="checkbox"/> TP53 <small>TP53</small> <input type="checkbox"/> GATA2 <small>GATA2</small> <input type="checkbox"/> RUNX1 <small>RUNX1</small> <input type="checkbox"/> PAX5 <small>PAX5</small>	
HISTONES - MUTATIONS TUMEURS CÉRÉBRALES	
<input type="checkbox"/> H3F3A: p.K27M et p.G34V/R et HIST1H3B: p.K27M	
AUTRES ANALYSES	
<input type="checkbox"/> Analyse de variation familiale (Sanger) <small>Cas-index testé au CHUSJ uniquement <small>BMSSA</small></small> <p>Important : Joindre une copie du rapport du cas index. Un contrôle familial positif est souhaitable. Variation détaillée (HGVS) : _____</p> <p>Extraction d'acides nucléiques</p> <input type="checkbox"/> ADN <small>ADNEX</small> <input type="checkbox"/> ARN <small>ARNEX</small> <input type="checkbox"/> ADN + ARN, justification obligatoire : _____	
TRANSLOCATIONS / FUSIONS (RT-PCR CIBLÉE)	
<input type="checkbox"/> Fibrosarcome congénital t(12;15) ETV6::NTRK3 <small>RTTUM</small> <input type="checkbox"/> Rhabdomyosarcome alvéolaire t(1;13) PAX7::FOXO1; t(2;13) PAX3::FOXO1 <small>RTTUM</small> <input type="checkbox"/> Sarcome d'Ewing t(11;12) EWSR1::FL1 ; t(21;22) EWSR1::ERG <small>RTTUM</small> <input type="checkbox"/> Tumeur desmoplastique à petites cellules rondes t(11;22) EWSR1::WT1 <small>RTTUM</small> <input type="checkbox"/> Lymphome à grandes cellules t(2;5) NPM1::ALK <small>RTTUM</small> <input type="checkbox"/> Leucémies lymphoblastiques <small>RTLA2</small> <input type="checkbox"/> t(9;22) BCR::ABL1 <input type="checkbox"/> t(1;19) TCF3::PBX1 <input type="checkbox"/> t(12;21) ETV6::RUNX1 <input type="checkbox"/> t(4;11) KMT2A::AFF1 <input type="checkbox"/> Leucémies myéloïdes aiguës <small>RTLAN</small> <input type="checkbox"/> Inv(16) CBFβ::MYH11 <input type="checkbox"/> t(15;17) PML::RARA <input type="checkbox"/> t(9;11) KMT2A::MLLT3 <input type="checkbox"/> t(8;21) RUNX1::RUNX1T1 <input type="checkbox"/> Leucémies MLL (KMT2A) <small>RTMLL</small> <input type="checkbox"/> t(1;11) KMT2A::MLLT11 <input type="checkbox"/> t(10;11) KMT2A::MLLT10 <input type="checkbox"/> t(6;11) KMT2A::AFDN <input type="checkbox"/> t(4;11) KMT2A::AFF1 <input type="checkbox"/> t(11;19) KMT2::ELL <input type="checkbox"/> t(9;11) KMT2A::MLLT3 <input type="checkbox"/> t(11;19) KMT2A::MLLT1(ENL) <input type="checkbox"/> Leucémies aiguës mégacaryoblastiques <small>RTM7</small> <input type="checkbox"/> t(1;22) RBM15::MRTFA <input type="checkbox"/> t(11;12) NUP98::KDM5A <input type="checkbox"/> Inv(16) CBFA2T3::GLIS2 <input type="checkbox"/> t(11;17) NUP98::BPTF <input type="checkbox"/> Translocations / fusions autres (RT-PCR ciblée) <small>RTAUT</small> Variation détaillée : _____	
ARBRE GÉNÉALOGIQUE	
Inclure un pedigree de la famille et les informations cliniques pertinentes à l'analyse demandée.	
<p>Attention :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Les requêtes incomplètes et les échantillons inappropriés (ex. hémolysés, mal identifiés) seront jugés non-conformes et seront rejetés. - Pour les conditions d'envoi, veuillez vous référer au site web www.chusj.org/fr/Labotest 	