

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 et les analyses requises	Identification du patient Nom, Prénom: _____ Sexe : F <input type="checkbox"/> M <input type="checkbox"/> # Dossier ou # Ass. maladie : _____ Date de naissance : _____ ou Plaquer carte d'identification : _____
---	---

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

POST-NATAL

- Sang : 2-5 ml EDTA _____ (nbre) tube(s)
- Liquide biologique (source/mL): _____
- Tissu musculaire (30-50 mg) : _____
- Autre tissu (source / mg) : _____
- Fibroblaste en culture (1-2 x T23, 80% confluence)
- ADN purifié ($\geq 3 \mu\text{g}$) : _____
(quantité, source, no labo)

PRE-NATAL (Nombre de semaines:)

- ADN ($\geq 1 \mu\text{g}$) : _____
(quantité, source, no labo)
- Liquide amniotique (minimum 10 mL): _____
- Amniocytes (2 X T25 - 80% confluence)
- Villosités chorales (CVS) en culture (2 X T25 - 80% confluence)
- Villosités chorales (CVS, minimum 10 mg)

* Une analyse de contamination foeto-maternelle est fortement recommandée pour tout analyse prénatale.

BUT DU TEST DEMANDÉ

- Diagnostic (patient symptomatique)
- Confirmation de dépistage néonatal (PQDNS)
- Recherche de l'état de porteur
- Dépistage populationnelle
- Test prédictif
- Diagnostic prénatal (veuillez aviser le laboratoire à l'avance). Notez que le diagnostic prénatal et l'exclusion de la contamination foeto-maternelle requièrent un échantillon de sang de la mère.
- Pour analyse ultérieure

INFORMATIONS FAMILIALES

- Nom du cas index : _____
- Relation avec le cas index : _____
- Autre échantillon envoyé pour cette famille : _____
- Numéro de famille : _____

ARBRE GÉNÉALOGIQUE

Inclure un pedigree de la famille et les informations cliniques pertinentes

RÉCEPTION DES ÉCHANTILLONS

Laboratoire Central
 CHU Sainte-Justine
 Étage 2, bloc 9
 3175, Côte Sainte-Catherine
 Montréal (Québec) H3T 1C5
 Téléphone : 514-345-4642 Fax : 514-345-2339

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 et les analyses requises

Identification du patient

Nom, Prénom: _____

Sexe : F M

Dossier ou # Ass. maladie : _____

Date de naissance : _____

ou

Plaquer carte d'identification : _____

ANALYSES
 Achondroplasie-Hypochondroplasie (FGFR3) ACHH
 (Panel de mutation fréquente)¹
 ADN mitochondrial : ADN M1
 Séquençage et détection des délétions
 Variation spécifique : _____
 (nomenclature HGVS)

 Amyotrophie spinale (dél/dup exon7-SMN1)² ASQT
 Nombre de copies SMN2³
 Ataxie de Friedreich (Expansion GAA intron 1 FXN) FRIE2

 Cirrhose infantile amérindienne (UTP4) RMCNA
 (CIRH1A): p.R565W

 Craniosténoses:
 Syndrome d'Apert (FGFR2:p.P253R et p.S252W) RMFG2
 Syndrome de Muenke (FGFR3:p.P250R) RMFG3

 Dysplasie thanatophore de type I et II (FGFR3) TD12
 (Panel de mutation fréquente)¹
 Dystrophie musculaire de Duchenne/Becker (DMD)² DMD
 (délétion/duplication)

 Expansion CGG dans FMR1 FRAG1
 Syndrome de X fragile (FRAXA)
 Insuffisance ovarienne précoce (IOP)
 Syndrome de tremblement/ataxie associé à l'X fragile (FXTAS)

 Hypercholestérolémie familiale, LDLR :
 Délétions de 15Kb et de 5Kb HFDEL
 Panel de mutations fréquentes¹ HFMUT
 Variation spécifique LDLR : _____ BMSSA
 (nomenclature HGVS)

 Lipoprotéine lipase (LPL): p.P234L et p.G215E) RMLPL
 (historiquement : p.P207L et p.G188E)

 Mucopolidose II (GNPTAB: c.3503_3504delTC) GNPTA

 Analyse variation familiale BMSSA
 Veuillez joindre le rapport d'analyse d'un membre de la famille atteint/porteur pour toute recherche de mutation familiale non préalablement testée au laboratoire et inclure un échantillon d'un membre de la famille chez qui la variation a été identifiée (un contrôle familial positif)

Nom du cas index : _____

Lien de parenté avec le cas index : _____

Gène (nomenclature HGVS) : _____

Variation (nomenclature HGVS) : _____

 Contamination foeto maternelle : _____ VCFM5
 (préciser l'indication)

 Autre(s) analyse(s) : _____

 Syndrome HHH (SLC25A15: p.Phe188del) RMHHH

 Syndrome de Rett (MECP2) : RETT
 Séquençage des exons codants
 Délétion/Duplication²
 Variation spécifique : _____
 (nomenclature HGVS)

 Tyrosinémie type I : FAH
 Séquençage du gène FAH
 Variation spécifique (FAH) : _____
 (nomenclature HGVS)
Dépistage populationnel
 Pathologies Cries:

 Encéphalite Crie (TREX1: p.R164X) CREE2

 Leucoencéphalopathie Crie (ELF2B5: p.R195H) CREL2

 Trouble de la glycosylation CDG1b (MPI:p.R295H) RMMPI

 Quatre maladies récessives (Saguenay-Lac-Saint-Jean)

 COX-SLSJ (LRPPRC): c.1061C>A (p.A345V)

 Tyrosinémie 1 (FAH): c.1062+5G>A (IVS12+5G>A)

 NSM/ACC (SLS12A6): c.2436delG (p.T813Pfs)

 ARSACS (SACS):

 c.8844delT (p.I2949fs) (historiquement : 6594delT)

 c.7504C>T (p.R2502Ter) (historiquement : 5254C>T)
Panels séquençage nouvelle génération (SNG) - RQDM*
 Panel Noonan/Rasopathies NOONA

 Panel maladies mitochondriales (nucléaire) MINUC

 Maladies musculaires (myopathies)

 Panel myopathies (maladie musculaire global) MANUS

 Panel dystrophie musculaire DYMUS

 Panel hyperthermie maligne HYPMA

 Panel myasthémies congénitales MYAST

 Panel Rhabdomyolyse BMRHA

 Panel déficience intellectuelle (DI)/RGD DINTE

Trio (proband/mère/père)

Commentaire(s) : _____

 Autres analyses SNG : _____
Liste de contrôle pour les prescripteurs et centres de prélèvement
 Sont incluses les informations en lien avec l'indication de l'analyse et la présentation clinique.

 Formulaire d'informations cliniques complémentaires pour les séquençages SNG*.

 Formulaire de consentement pour les séquençages SNG*
 (disponible au www.chusj.org/fr/Labotest).

- Les requêtes incomplètes, provenant de prescripteurs non autorisés et les échantillons inadéquats (ex. hémolysés, mal identifiés) seront jugés non-conformes et seront rejetés.

 - Pour les conditions d'envoi, veuillez vous référer au site web pour les détails de chaque test://www.chusj.org/fr/Labotest

* Il est de la responsabilité du prescripteur de vérifier préalablement la disponibilité de l'analyse.

1. Veuillez vous référer au site web pour le détail des mutations testées: <https://www.chusj.org/fr/Labotest>.

2. Cette analyse nécessite un échantillon de sang frais.

3. Le nombre de copies d'exon-7 de SMN2 est fourni seulement pour les individus atteints.