

DEMANDE D'ANALYSE ONCOGENOMIQUE

 Centre hospitalier universitaire vaudois 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			PATIENT Nom : Prénom : Adresse : Date de naissance : Sexe : ☐ Masculin ☐ Féminin		Date de prélèvement : FACTURATION ☐ Patient ☐ Demandeur
PROVENANCE Médecin : Tél./BIP : Hôpital : Service :			COPIE(S) de résultats souhaitée(s) :		
CONSENTEMENT POUR ANALYSES BIOLOGIQUES					
Suite à toute analyse biologique effectuée dans notre laboratoire, tout échantillon ou produit d'analyse : ☐ Peut être stocké au laboratoire afin de pouvoir répondre à une demande de rajout d'analyses par le médecin demandeur (par défaut) ☐ Peut être utilisé pour le développement et la recherche (par défaut) ☐ Doit être détruit			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. Signature du médecin demandeur obligatoire :		
MATERIEL Héparinate de lithium, conserver à température ambiante Si < 2ml justifier pourquoi peu de matériel svp : ☐ Moelle ☐ Biopsie ☐ Sang périphérique, proportion de blastes (%) : ☐ Autre :		STATUT ☐ Présentation ☐ Suivi : ☐ Rémission ☐ Récidive/Progression ☐ Transformation Date diagnostic initial :		THERAPIE / AUTRE PATHOLOGIE ☐ Non ☐ Oui Remarques :	
		GREFFE ☐ Non ☐ Oui ☐ Autologue ☐ Allogénique Date :		Sexe donneur : ☐ Masculin ☐ Féminin	
DIAGNOSTIC ☐ Préliminaire ☐ Définitif ☐ LMA ☐ SMD ☐ LMMC ☐ SMD-NMP ☐ NMP ☐ PV ☐ TE ☐ MFP ☐ Eosinophilie ☐ AA/AAS ☐ Mastocytose ☐ LMC ☐ LLA-B ☐ LLA-T ☐ Myélome ☐ MGUS ☐ LLC ☐ Waldenström ☐ Lymphome (Type :) ☐ Syndr. VEXAS ☐ Autres :					
Remarques :					
METHODES ☐ Analyses standards selon diagnostic ☐ Analyses standards sans NGS/ddPCR selon diagnostic (Si aucune méthode n'est spécifiée, le laboratoire va effectuer les analyses oncogénomiques les plus appropriées en fonction du diagnostic)					
En dehors des analyses standards, les analyses suivantes peuvent être effectuées :					
☐ Cytogénétique conventionnelle (CC) ☐ SNP array (PUCE) ☐ Hybridation in situ fluorescente (FISH): ☐ Séquençage à haut débit (NGS ADN, analyse de mutations) ☐ Panel Myéloïde standard (voir détail des gènes ci-dessous*) ☐ Autres Gènes à dispositions (voir détail des gènes ci-dessous**) : ☐ Panel Myélome (TP53, BRAF, NRAS, KRAS) ☐ TP53 seul			☐ Digital PCR (ddPCR) ☐ KIT c.2447A>T p.D816V ☐ MYD88 c.794T>C p.L265P ☐ BRAF c.1799T>C p.V600E ☐ NOTCH1 c.7541_7542delCT p.P2514Rfs*4 ☐ Séquençage à haut débit (NGS ARN, 687 Fusions) ☐ UBA1 (Syndr. VEXAS) séquençage gène entier		
Analyses standards selon diagnostic					
• Panel LMA (CC, SNP array, FISH KMT2A, MECOM, RUNX1, NGS panel myéloïde standard*) • Panel SMD/AA (SNP array, NGS panel myéloïde standard*) • Panel éosinophilie (CC, FISH FIP1L1::PDGFRA, PDGFRB, FGFR1, JAK2) • Panel SMD-NMP/LMMC (CC, SNP array, NGS panel myéloïde standard*) • Panel LMC (CC) • Panel NMP (CC, NGS panel myéloïde standard* y compris JAK2 ex12+14, MPL, CALR)					
• Panel LLA (CC, SNP array, recherche des réarrangements KMT2A, TCF3, ETV6::RUNX1, BCR::ABL1) • 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)					
* Gènes NGS panel myéloïde standard : ASXL1, BCOR, BCORL1, BRAF, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CUX1, DDX41, DNMT3A, ETNK1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, GNB1, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NF1, NRAS, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, UBA1, U2AF1, WT1, ZRSR2 + Analyse de fragments FLT3-ITD, ASXL1 ** Gènes NGS supplémentaires à disposition : CXCR4, ARID1A, SMC3, RAD21, GATA1, SETD1B, KMT2D, XPO1, CSF3R (gène entier)					
Remarques :					