

## Requête génétique oncogénétique

\* Champs OBLIGATOIRES. Caractères d'imprimerie seulement. Toute requête mal identifiée, illisible ou non signée sera refusée.

**PRESCRIPTEUR** (Responsable du suivi)

**USAGER**

double identité vérifiée

\*NOM de la clinique \_\_\_\_\_  
 \*Adresse : \_\_\_\_\_  
 \*Ville : \_\_\_\_\_ Code postal : \_\_\_\_\_  
 \*Tél : \_\_\_\_\_ \*Fax : \_\_\_\_\_  
 \*NOM, Prénom : \_\_\_\_\_ \*# Pratique : \_\_\_\_\_

\*No assurance maladie (RAMQ) \_\_\_\_\_ \*Expiration  
 AAAA-MM-JJ No de dossier (hôpital) \_\_\_\_\_  
 \*Nom et prénom (naissance) \_\_\_\_\_  
 \*Date de naissance \_\_\_\_\_ \*Sexe  F  M  
 AAAA-MM-JJ  
 Adresse \_\_\_\_\_  
 Ville \_\_\_\_\_ Code postal \_\_\_\_\_  
 Téléphone \_\_\_\_\_ Nom et prénom de la mère \_\_\_\_\_

Professionnel à informer (cc) – À remplir par le prescripteur

\*NOM, Prénom, # pratique : \_\_\_\_\_  
 \*Coordonnées (nom clinique et fax) : \_\_\_\_\_

**Renseignements  
cliniques**

\*INFORMATION PRÉLEVEUR  Public  Privé

\*NOM, Prénom : \_\_\_\_\_ \*Lieu de prélèvement \_\_\_\_\_  
 Tél. : \_\_\_\_\_ \*Date : \_\_\_\_\_ \*Heure : \_\_\_\_\_

**Apposer  
étiquette de  
prélèvement ici**

**Spécimen** (Les spécimens acceptables sont décrits pour chacun des tests décrits au verso)

- Sang héparine de sodium (**SH**) 4 ml minimum pour les adultes. 1 ml acceptable pour nouveau-né.
- Sang EDTA (**SE**) 1 tube, 4 ml minimum pour les adultes. 1 ml acceptable pour nouveau-né.  
 Décompte des blancs (leucocytes) \_\_\_\_\_
- Moelle héparine de sodium (**MH**) 1 tube, 3 ml minimum  
 Décompte des blancs (leucocytes) \_\_\_\_\_
- Moelle EDTA (**ME**) 1 tube, 2 ml minimum  
 Décompte des blancs (leucocytes) \_\_\_\_\_
- ADN (**ADN**) 10 µg minimum
- Tissu paraffiné moléculaire (**TPM**)
  - 1 lame H&E + 3 lames blanches 10 microns. Fournir 6 lames blanches pour les très petits spécimens et les biopsies.
  - Zones tumorale et saine doivent être délimitées sur la lame H&E et le % de cellules tumorales dans la zone sélectionnée doit être indiqué.
  - JOINDRE LE RAPPORT DE PATHOLOGIE AVEC LE SPÉCIMEN.
- Tissu paraffiné Her2 (**TPHer2**)
  - Lame IHC correspondante avec la zone définie
  - Deux soupes de 4 microns sur lames chargées identifiées avec :
    - Nom, Prénom
    - RAMQ
    - Numéro de pathologie
    - Numéro de bloc
  - Joindre le rapport de pathologie
- Tissu paraffiné Lymphome (**TPL**)
  - Lame H&E correspondante avec la zone définie
  - Trois coupes de 2 microns sur lames chargées identifiées avec :
    - Nom, Prénom
    - RAMQ
    - Numéro de pathologie
    - Numéro de bloc
  - Joindre le rapport de pathologie

**\*SIGNATURE DU MÉDECIN PRESCRIPTEUR**

Je certifie avoir obtenu le consentement éclairé du patient après avoir discuté des risques reliés au test (incluant une non-paternité et une non-assurabilité si applicable), des résultats possibles du test génétique ainsi que leurs implications pour le patient et sa famille.

Initiale \_\_\_\_\_

Signature : \_\_\_\_\_ Date : \_\_\_\_\_

**Pour trouver une ressource qui offre un service de prélèvements, consultez notre site Web :**

<http://sante.gouv.qc.ca/repertoire-ressources/prelevements/>

## Hémopathie maligne (sang/moelle)

### Syndrome Myélodysplasique (SMD): 2 spécimens requis

- Cartographie optique du génome - OGM (Moelle EDTA - ME)  
Caryotype et FISH (seront effectués au besoin)  
(Moelle héparine - MH)

### Leucémie Myéloïde Aigüe (LMA) : 2 spécimens requis

- Cartographie optique du génome - OGM (Moelle EDTA - ME)  
FISH PML-RARA t(15;17), Caryotype sera fait au besoin  
(Moelle héparine - MH)
- PCR BCR-ABL1 diagnostic (Sang EDTA – SE)

### Leucémie Lymphoïde Aigüe (LLA) : 2 spécimens requis

- Cartographie optique du génome - OGM  
ET  
Micropuce oncologique (hybridation génomique comparative –CGH)  
(Moelle EDTA – ME)
- Panel FISH: BCR-ABL1 / CRLF2. Caryotype sera fait au besoin  
(Moelle héparine - MH)

### Leucémie Lymphoïde Chronique (LLC) :

- Micropuce oncologique (hybridation génomique comparative – CGH)  
(Sang EDTA – SE ou Moelle EDTA – ME)  
Inclus les réarrangements suivants : TP53 / ATM / 13q- / Trisomie 12

### Myélome Multiple (sur plasmocytes CD138+ isolés) :

- FISH (analyse séquentielle: TP53, IGH, IGH-MAF, etc. selon matériel disponible) (Moelle héparine - MH)

### Leucémie Myéloïde chronique (LMC) et autres néoplasies myéloprolifératives :

- Caryotype (Moelle héparine - MH)
- Cartographie optique du génome pour Hyperéosinophilie (PDGFRA / PDGFRB / FGFR1 / JAK2)  
(Moelle EDTA - ME ou Sang EDTA – SE)
- JAK2 V617F quantitatif (Sang EDTA – SE)
- PCR BCR-ABL1 diagnostic (Sang EDTA – SE)
- PCR-BCR-ABL1 quantitatif suivi réarrangement MAJEUR (Sang EDTA – SE)
- PCR-BCR-ABL1 quantitatif suivi réarrangement AUTRE (Sang EDTA – SE) :  
Envoyer au labo de Maisonneuve-Rosemont

### Lymphome sur moelle osseuse :

- FISH (consultation avec le cytogénéticien :  
819-346-1110 poste 12564 (Moelle héparine - MH)  
Spécifiez le typage : \_\_\_\_\_

**NOTE : LE SPÉCIMEN DOIT ÊTRE REÇU PAR LE LABORATOIRE DANS LES 24 H SUIVANT LE PRÉLÈVEMENT**

## Oncologie (Tissu/pathologie)

### Cancer du sein et de l'estomac

- FISH Her2 (TPHer2) Conditions techniques : Ischémie froide (minutes) \_\_\_\_\_  
Durée de fixation \_\_\_\_\_

### Syndrome de Lynch (tests de 2e ligne, joindre le rapport d'immunohistochimie) :

- Méthylation promoteur MLH1 (TPM)

**Note :** En plus du spécimen tumoral, un spécimen normal est recommandé pour cette analyse. En l'absence d'un spécimen pathologique normal, merci de nous faire parvenir spécimen de sang EDTA (SE).

### Lymphome sur tissu paraffiné :

- FISH « Double Hit » (MYC; si positif: BCL2 et BCL6) (TPL)
- Autre FISH (disponible : BCL2, BCL6, MYC, CCND1, MALT1) (TPL)

Spécifiez le typage : \_\_\_\_\_

## Pharmacogénétique

- Mutations DPYD (traitement fluoropyrimidines - 5-FU) (SE)  
Antécédents connus de toxicité :  Oui  Non