

# DEMANDE D'ANALYSE ONCOGENOMIQUE



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

Date diagnostic initial:

- Présentation  Suivi .....

remarques:

## THERAPIE / AUTRE PATHOLOGIE

Non

Oui

Remarques :

## GREFFE

Date : .....

- Non  Oui  Autologue  Allogénique

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)  Digital PCR (ddPCR)
- SNP array (PUCE)  *KIT* c.2447A>T p.D816V
- Séquençage à haut débit (NGS ADN, analyse de mutations)  *MYD88* c.794T>C p.L265P
- Panel Myéloïde (voir détail des gènes ci-dessous\*)  *BRAF* c.1799T>A p.V600E (leuc. à tricholeucocytes)
- Panel Myélome (*BRAF, GPRC5D, KRAS, NRAS, TNFRSF17, TP53*)  Hybridation in situ fluorescente (FISH): .....
- TP53* seul
- UBA1* (Syndr. VEXAS) séquençage gène entier

### Analyses standards selon diagnostic

- 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*)
- Panel Neuroblastome (SNP array, NGS *ALK* ou panel NB (27 gènes *ALK* inclus, détails sur demande)

- Panel LLA (CC, SNP array, OGM\*\*\*)
- Panel LLC (SNP array, NGS *TP53*)
- Panel Myélome (SNP array, Panel Myélome NGS, FISH /GH)  
Si *IGH* positif : Recherche *IGH::CCND1, IGH::FGFR3, IGH::MAF*
- Panel Mastocytose (CC, ddPCR *KIT*)
- Panel Waldenström (CC, ddPCR *MYD88*)

\* NGS - gènes panel myéloïde : *ABL1, ANKRD26, ARID1A, ASXL1, ASXL2, ATRX, BCOR, BCORL1, BRAF, BRCC3, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CUX1, CXCR4, DDX41, DNMT3A, EP300, ETKN1, 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, PTPN11, RB1, RAD21, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SMC3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, UBA1, WAS, WT1, ZBTB7A, ZRSR2*. + Analyse de fragments *FLT3-ITD, ASXL1*

\*\*gènes en gras, \*\*\*analyse effectuée hors périmètre accréditation

Remarques :

