



DT9407

**MÉLANOME
BIOMARQUEURS**
Version 1.0.0.1

Date de naissance	N° chambre	N° de dossier	
Nom			
Prénom			
N° d'assurance maladie			
Adresse			
Code postal	Ind. rég.	Téléphone	Sexe <input type="checkbox"/> M <input type="checkbox"/> F

N° de rapport	
---------------	--

<input type="checkbox"/> + Résultats Page 1	<input type="checkbox"/> + Méthodes Page 3
--	---

Les éléments de données précédés de ce symbole « + » ne sont pas obligatoires. Toutefois, ils peuvent être cliniquement importants quoique non encore validés ou utilisés régulièrement dans la prise en charge des usagers.

Sélectionner un seul élément, sauf indication contraire.

Note : L'utilisation de cette fiche synoptique est optionnelle.

+ RÉSULTATS

Note : Si un marqueur est testé par plus d'une méthode (par exemple, PCR et immunohistochimie), rapporter le(s) résultat(s) et méthode(s) supplémentaire(s) dans la section "Commentaire(s)" du rapport.

<p>+ Analyse de mutation du gène BRAF (Note A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Aucune mutation décelée</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation BRAF V600E (c.1799T>A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation BRAF V600K (c.1798_1799GT>AA)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation BRAF V600R (c.1798_1799GT>AG) mutation</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation BRAF V600D (c.1799_1800TG>AT) mutation</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre mutation BRAF (préciser) : _____</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____</p>
<p>+ Analyse de mutation du gène NRAS (Note B)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Aucune mutation décelée</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS Q61R (c.182A>G)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS Q61K (c.181C>A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS Q61L (c.182A>T)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS Q61H (c.183A>T)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G12R (c.34G>C)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G12S (c.34G>A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G12D (c.35G>A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G12V (c.35G>T)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G13R (c.37G>C)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Mutation NRAS G13S (c.37G>A)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre mutation NRAS (préciser) : _____</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____</p>

N° de rapport

N° de dossier

+ Analyse de mutation du gène KIT (Note C)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation KIT L576P (c.1727T>C)
- + Mutation KIT K642E (c.1942A>G)
- + Mutation KIT V559A (c.1676T>C)
- + Mutation KIT W557R (c.1669T>A)
- + Autre mutation KIT (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Autres marqueurs examinés

- + Marqueurs (préciser) : _____
- + Résultats (préciser) : _____

N° de rapport

N° de dossier

MÉTHODE

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène BRAF

- + Cobas 4800 BRAF V600 mutation test
- + Test THxID-BRAF
- + Allèle-spécifique / amplification en chaîne par polymérase (PCR) en temps réel
- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Pyroséquençage
- + SnapShot
- + Génotypage par spectrométrie de masse (Sequenom)
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
 - + Amplicon
 - + Capture d'hybrides
- + Autre (préciser) : _____
- + Sensibilité du test pour BRAF (préciser) : _____

Note : La sensibilité du test doit être définie comme le plus faible pourcentage acceptable de cellules tumorales dans un échantillon selon une estimation d'un pathologiste.

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène NRAS

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Pyroséquençage
- + SnapShot
- + Génotypage par spectrométrie de masse (Sequenom)
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
 - + Amplicon
 - + Capture d'hybrides
- + Autre (préciser) : _____
- + Sensibilité du test pour NRAS (préciser) : _____

Note : La sensibilité du test doit être définie comme le plus faible pourcentage acceptable de cellules tumorales dans un échantillon selon une estimation d'un pathologiste.

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène KIT

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + SnapShot
- + Génotypage par spectrométrie de masse (Sequenom)
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
 - + Amplicon
 - + Capture d'hybrides
- + Autre (préciser) : _____
- + Sensibilité de détection KIT (préciser) : _____

Note : La sensibilité du test doit être définie comme le plus faible pourcentage acceptable de cellules tumorales dans un échantillon selon une estimation d'un pathologiste.

