



DT9399

**SYSTÈME NERVEUX CENTRAL  
BIOMARQUEURS**  
Version 1.0.0.0

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 4
--	---

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.

<b>+ RÉSULTATS</b>
<b>+ GLIOMES</b>
<b>+ MUTATION de <i>IDH1/2</i></b>
+ <input type="checkbox"/> Présente (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Absente
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____
<b>+ Marquage immunohistochimique de <i>IDH1 R123H</i></b>
+ <input type="checkbox"/> Positif
+ <input type="checkbox"/> Négatif
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminé (expliquer) : _____
<b>+ Délétion de <i>1p/19q</i></b>
+ <input type="checkbox"/> <i>1p/19q</i> co-délétion
+ <input type="checkbox"/> délétion <i>1p</i> seulement
+ <input type="checkbox"/> délétion <i>19q</i> seulement
+ <input type="checkbox"/> Polysomie (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Monosomie (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Aucune détectée
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____
<b>+ Mutation de <i>TP53</i></b>
+ <input type="checkbox"/> Présente (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Absente
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____
<b>+ Mutation de <i>ATRX</i></b>
+ <input type="checkbox"/> Présente (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Absente
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

N° de rapport

N° de dossier

**+ Marquage immunohistochimique de *ATRX***

- +  Perte d'expression nucléaire
- +  Expression nucléaire intacte
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Amplification de *EGFR***

- +  Présente
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Délétion de 10q23 (Locus *PTEN*)**

- +  Délétion présente
- +  Polysomie (préciser) : \_\_\_\_\_
- +  Monosomie (préciser) : \_\_\_\_\_
- +  Aucune détectée
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Mutation de *PTEN***

- +  Présente (préciser) : \_\_\_\_\_
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Méthylation du promoteur *MGMT***

- +  Présente  
Si le laboratoire rapporte le niveau de méthylation :
  - +  Niveau de méthylation faible
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Mutation de *BRAF***

- +  Mutation *BRAF* V600E (c.1799T>A) présente
- +  Autre mutation *BRAF* présente (préciser) : \_\_\_\_\_
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de V600E de *BRAF***

- +  Positif
- +  Négatif
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Réarrangement de *BRAF***

- +  Présent
- +  Absent
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Ki-67**

- + Pourcentage de noyaux positifs : \_\_\_\_\_%

N° de rapport

N° de dossier

**+ TUMEUR EMBRYONNAIRE**

**+ Marquage immunohistochimique de la Beta-Caténine (nucléaire)**

- +  Positif (marquage nucléaire dans au moins 50 % des cellules tumorales)
- +  Négatif (absence de marquage ou marquage nucléaire dans moins de 50 % des cellules tumorales)
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Monosomie 6**

- +  Présente
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de GAB1**

- +  Positif
- +  Négatif
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Amplification de MYC**

- +  Présente
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Amplification de MYCN**

- +  Présente
- +  Absente
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Isochromosome 17 (i17q)**

- +  Présent
- +  Absent
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de INI1 (BAF47)**

- +  Perte d'expression nucléaire
- +  Expression nucléaire intacte
- +  Ne peut être déterminé (expliquer) : \_\_\_\_\_

**+ Mutation de SMARCB1/INI1/HNSF5**

- +  Présente (préciser) : \_\_\_\_\_
- +  Absente (*SMARCB1/INI1/HNSF5*)
- +  Ne peut être déterminée (expliquer) : \_\_\_\_\_

N° de rapport

N° de dossier

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.

<b>+ MÉTHODES</b>
<b>+ GLIOMES</b>
<b>+ Analyse mutationnelle de IDH1/2</b>
<p><b>+ Méthodologie</b> (sélectionner tous les éléments applicables)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage direct par la méthode de Sanger</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Pyroséquençage</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Réaction en chaîne par polymérase (PCR), hybridation allèle-spécifique</p> <p>+ <input type="checkbox"/> PCR en temps réel</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage à haut débit de nouvelle génération</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____</p>
<b>+ Marquage immunohistochimique de IDH1 R123H</b>
<p><b>+ Anticorps primaire</b></p> <p>+ <input type="checkbox"/> H09</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____</p>
<b>+ Analyse de la délétion 1p/19q</b>
<p><b>+ Méthodologie</b> (sélectionner tous les éléments applicables)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Hybridation in situ</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Perte d'hétérozygotie</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____</p>
<b>+ Analyse mutationnelle de TP53</b>
<p><b>+ Méthodologie</b> (sélectionner tous les éléments applicables)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage direct par la méthode de Sanger</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Pyroséquençage</p> <p>+ <input type="checkbox"/> PCR, hybridation allèle-spécifique</p> <p>+ <input type="checkbox"/> PCR en temps réel</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage à haut débit de nouvelle génération</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____</p>
<b>+ Analyse mutationnelle de ATRX</b>
<p><b>+ Méthodologie</b> (sélectionner tous les éléments applicables)</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage direct par la méthode de Sanger</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Pyroséquençage</p> <p>+ <input type="checkbox"/> PCR, hybridation allèle-spécifique</p> <p>+ <input type="checkbox"/> PCR en temps réel</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Séquençage à haut débit de nouvelle génération</p> <p>+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____</p>
<b>+ Marquage immunohistochimique de ATRX</b>
<p><b>+ Anticorps primaire</b></p> <p>+ Préciser : _____</p>

N° de rapport

N° de dossier

**+ Analyse de l'amplification de EGFR**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse de la délétion chromosomale 10q23 (locus PTEN)**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Perte d'hétérozygotie

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse mutationnelle de PTEN**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Séquençage direct par la méthode de Sanger

+  Pyroséquençage

+  PCR, hybridation allèle-spécifique

+  PCR en temps réel

+  Séquençage à haut débit de nouvelle génération

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Méthylation du promoteur de MGMT**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  PCR méthylation-spécifique

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse mutationnelle de BRAF V600E**

**+ Mutations évaluées** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  V600E

+  Toute mutation dans l'exon 15

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Séquençage direct par la méthode de Sanger

+  Pyroséquençage

+  PCR, hybridation allèle-spécifique

+  PCR en temps réel

+  Séquençage à haut débit de nouvelle génération

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de BRAF V600E**

**+ Anticorps primaire**

+  VE1

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

N° de rapport

N° de dossier

**+ Analyse du réarrangement de *BRAF***

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  PCR en temps réel

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de Ki-67**

**+ Anticorps primaire**

+  MIB1

+  SP6

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ TUMEURS EMBRYONNAIRES**

**+ Marquage immunohistochimique de la Beta-Caténine**

**+ Anticorps primaire**

+  E-5

+  14

+  Beta-caténine-1

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse de la monosomie 6**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Marquage immunohistochimique de GAB1**

**+ Anticorps primaire**

+ Préciser : \_\_\_\_\_

**+ Analyse de l'amplification de *MYC***

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse de l'amplification de *MYCN***

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

**+ Analyse de l'isochromosome 17 (i17q)**

**+ Méthodologie** (sélectionner tous les éléments applicables)

+  Hybridation in situ

+  Puce (microarray) à ADN cytogénomique (CMA)

+  Autre (préciser) : \_\_\_\_\_

