



DT9371

**NÉOPLASIE MYÉLOPROLIFÉRATIVE
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"/> + Type de spécimen Page 1	<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.

+ TYPE DE SPÉCIMEN
<input type="checkbox"/> Sang périphérique <input type="checkbox"/> Moelle osseuse <input type="checkbox"/> Granulocytes isolés du sang périphérique <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____
+ RÉSULTATS
Note : Si un marqueur est testé par plus d'un procédé (par exemple, PCR et immunohistochimie), merci de préciser le(s) résultat(s) et méthode(s) supplémentaire(s) dans la section "Commentaire(s)" du rapport.
+ Résultats des tests de cytogénétique (caryotype)
<input type="checkbox"/> Aucune anomalie détectée <input type="checkbox"/> Caryotype anormal détecté (préciser) : _____
+ Hybridation in situ par fluorescence (FISH)
<input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL1</i> <input type="checkbox"/> Aucune fusion de <i>BCR-ABL1</i> détectée <input type="checkbox"/> Fusion <i>BCR-ABL1</i> détectée (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ % <input type="checkbox"/> <i>PDGFRA</i> <input type="checkbox"/> Aucune fusion de <i>PDGFRA</i> détectée <input type="checkbox"/> Fusion <i>FIP1L1-PDGFRA</i> détectée (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ % <input type="checkbox"/> Autre fusion <i>PDGFRA</i> détectée (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ % <input type="checkbox"/> <i>PDGFRB</i> <input type="checkbox"/> Aucune fusion de <i>PDGFRB</i> détectée <input type="checkbox"/> Fusion <i>ETV6-PDGFRB</i> détectée (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ % <input type="checkbox"/> Autre fusion <i>PDGFRB</i> détectée (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ % <input type="checkbox"/> <i>FGFR1</i> <input type="checkbox"/> Aucun réarrangement de <i>FGFR1</i> détecté <input type="checkbox"/> Réarrangement <i>FGFR1</i> détecté (préciser le pourcentage de cellules positives) : _____ %

N° de rapport

N° de dossier

+ Analyse de transcrit BCR-ABL1 par réaction en chaîne de la polymérase par transcription inverse (RT-PCR)

+ Aucune fusion de *BCR-ABL1* détectée

+ Fusion *BCR-ABL1* détectée

Si analyse quantitative effectuée :

+ Nombre de copies *BCR-ABL1* normalisées (*BCR-ABL1*/gène de référence) : _____

+ Pourcentage de *BCR-ABL1* sur l'échelle internationale (fusions e13/14a2 (p210) seulement) : _____ %

+ Analyse de la mutation *JAK2* p.V617F (c. 1849G>T)

+ Aucune mutation détectée

+ Mutation détectée

+ Pour *JAK2* p.V617F, si analyse quantitative, préciser la valeur quantitative : _____

Rapporté comme :

+ Pourcentage du fardeau de l'allèle muté

+ Pourcentage du niveau de transcrit

+ Nombre normalisé de copies (transcrit V617F/gène de référence)

+ Autres analyses de mutations (sélectionner tous les éléments applicables)

+ Exon 12 de *JAK2*

+ Aucune mutation sur l'exon 12 de *JAK2* détectée

+ Mutation sur l'exon 12 de *JAK2* détectée (préciser la mutation) : _____

MPL

+ Aucune mutation *MPL* détectée

+ Mutation *MPL* détectée (préciser la mutation) : _____

CALR (calreticuline)

+ Aucune mutation *CALR* détectée

+ Mutation *CALR* détectée (préciser la mutation) : _____

KIT

+ Aucune mutation *KIT* détectée

+ Mutation *KIT* détectée (préciser la mutation) : _____

Autre (préciser le gène) : _____

+ Aucune mutation détectée

+ Mutation détectée (préciser la mutation) : _____

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.

+ MÉTHODES				
+ Analyse RT-PCR du transcrit <i>BCR-ABL1</i>				
+ Sensibilité du test RT-PCR de <i>BCR-ABL1</i> : _____				
+ Analyse de la mutation <i>JAK2 p.V617F (c. 1849G>T)</i>				
+ Sensibilité : _____				
+ Méthode :				
+ <input type="checkbox"/> PCR propre à l'allèle				
+ <input type="checkbox"/> Séquençage par la méthode de Sanger				
+ <input type="checkbox"/> Pyroséquençage				
+ <input type="checkbox"/> Séquençage de nouvelle génération				
+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____				
+ Autre mutation analysée (préciser le gène) : _____				
+ Sensibilité : _____				
+ Méthode :				
+ <input type="checkbox"/> PCR propre à l'allèle				
+ <input type="checkbox"/> Séquençage par la méthode de Sanger				
+ <input type="checkbox"/> Pyroséquençage				
+ <input type="checkbox"/> Séquençage de nouvelle génération				
+ <input type="checkbox"/> Autre (préciser) : _____				
+ Exon(s)/codon(s) couvert(s) : _____				
+ Commentaire(s) :				

Signature du pathologiste		N° de permis	Date	Année	Mois	Jour
---------------------------	--	--------------	------	-------	------	------