



DT9413

**THYROÏDE
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"/> + Qualité du prélèvement Page 1	<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.

+ QUALITÉ DU PRÉLÈVEMENT
+ Evaluation de la qualité de la cytoponction à l'aiguille fine de la thyroïde (note A)
+ <input type="checkbox"/> Adéquate
+ <input type="checkbox"/> Inadéquate
+ <input type="checkbox"/> Sous-optimale (préciser) : _____
+ Evaluation de la qualité des spécimens de résection ou inclus en cytobloc (note A)
+ <input type="checkbox"/> Adéquate
+ <input type="checkbox"/> Cellularité tumorale estimée (superficie utilisée pour l'analyse) : _____ %
+ <input type="checkbox"/> Sous-optimale (préciser) : _____
Note : Si "Adéquate" n'est pas sélectionné, se référer au rapport du laboratoire d'origine pour connaître l'explication.

+ RÉSULTATS
+ Analyse de mutation du gène BRAF (Note B)
+ <input type="checkbox"/> Aucune mutation décelée
+ <input type="checkbox"/> Mutation identifiée
+ <input type="checkbox"/> p.V600E, c.1799T>A
+ <input type="checkbox"/> p.K601E, c.1801A>G
+ <input type="checkbox"/> Autre mutation BRAF (préciser) : _____
+ Indiquer la fréquence de l'allèle muté : _____ %
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____
+ Analyse de mutation du gène TERT (Note B)
+ <input type="checkbox"/> Aucune mutation décelée
+ <input type="checkbox"/> Mutation identifiée
+ <input type="checkbox"/> c.1-124 (C228T)
+ <input type="checkbox"/> c.1-146 (C250T)
+ <input type="checkbox"/> Autre mutation TERT (préciser) : _____
+ <input type="checkbox"/> Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

N° de rapport

N° de dossier

+ Analyse de mutation du gène NRAS (Note C)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.Q61R, c.182A>G
 - + p.Q61K, c.181C>A
 - + Autre mutation NRAS (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène HRAS (Note C)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.Q61R, c.182A>G
 - + p.G12V, c.35G>T
 - + Autre mutation HRAS (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène KRAS (Note C)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.G12D, c.35G>A
 - + Autre mutation KRAS (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène AKT1 (Note D)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.E17K, c.49G>A
 - + Autre mutation AKT1 (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène TP53 (Note D)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène PIK3CA (Note D)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.H1047R, c.3140A>G
 - + Autre mutation PIK3CA (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Analyse de mutation du gène CTNNB1 (β-caténine) (Note E)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.S33A, c.97T>G
 - + Autre mutation CTNNB1 (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

N° de rapport

N° de dossier

+ Analyse de mutation du gène RET (Note F)

- + Aucune mutation décelée
- + Mutation identifiée
 - + p.M918T, c.2753T>C
 - + Autre mutation RET (préciser) : _____
- + Type de mutation :
 - + Germinale (héréditaire)
 - + Somatique (sporadique)
 - + Inconnue
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Réarrangement du gène ALK (note G)

- + Aucun réarrangement décelé
- + Réarrangement identifié :
 - + *STRN/ALK*
 - + *EML4/ALK*
 - + Autre réarrangement du gène ALK (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Réarrangement du gène NTRK1 (note H)

- + Aucun réarrangement décelé
- + Réarrangement identifié :
 - + *NTRK1/TPM3*
 - + *NTRK1/TFG*
 - + Autre réarrangement du gène NTRK1 (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Réarrangement du gène NTRK3 (note H)

- + Aucun réarrangement décelé
- + Réarrangement identifié :
 - + *NTRK3/ETV6*
 - + Autre réarrangement du gène NTRK3 (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Réarrangement du gène RET (note F)

- + Aucun réarrangement décelé
- + Réarrangement identifié :
 - + *RET/PTC1*
 - + *RET/PTC3*
 - + Autre réarrangement du gène RET (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Réarrangement du gène PPAR gamma (note F)

- + Aucun réarrangement décelé
- + Réarrangement identifié :
 - + *PAX8/PPAR gamma*
 - + *CREB3L2/PPAR gamma*
 - + Autre réarrangement du gène PPAR gamma (préciser) : _____
- + Ne peut être déterminée (expliquer) : _____

+ Autres marqueurs examinés (si applicable)

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

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

+ Méthodes de dissection (sélectionner tous les éléments applicables)

- + Microdissection au laser
+ Préciser le nom du test* : _____
- + Microdissection manuelle dirigée sous microscope
+ Préciser le nom du test* : _____
- + Microdissection manuelle non dirigée sous microscope
+ Préciser le nom du test* : _____
- + Dissection à partir du bloc
+ Préciser le nom du test* : _____
- + Section de tissu entière (aucune procédure d'enrichissement de la tumeur employée)
+ Préciser le nom du test* : _____

* Si plus d'une méthode de dissection est utilisée, préciser quel test a été associé à chaque méthode de dissection sélectionnée.

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène BRAF (sélectionner tous les éléments applicables)

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Analyse des courbes de fusion en haute résolution
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
- + Analyse immunohistochimique
 - + Clone VE1
 - + Autre (préciser) : _____
- + Autre (préciser) : _____

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène TERT

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
- + Autre (préciser) : _____

+ Méthode d'analyse de mutation pour les gènes NRAS, HRAS, KRAS, AKT1, TP53 et PIK3CA (sélectionner tous les éléments applicables)

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Analyse des courbes de fusion en haute résolution
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
- + Analyse immunohistochimique
 - + Clone (préciser) : _____
- + Autre (préciser) : _____

+ Codons du gène NRAS évalués (sélectionner tous les éléments applicables) :

- + Codon 12
- + Codon 13
- + Codon 61
- + Autre (préciser) : _____

N° de rapport

N° de dossier

+ Codons du gène HRAS évalués (sélectionner tous les éléments applicables) :

- + Codon 12
- + Codon 13
- + Codon 61
- + Autre (préciser) : _____

+ Codons du gène KRAS évalués (sélectionner tous les éléments applicables) :

- + Codon 12
- + Codon 13
- + Codon 61
- + Autre (préciser) : _____

+ Réarrangement du gène ALK

- + Hybridation *in situ*
- + Amplification en chaîne par polymérase après transcription inverse (RT-PCR)
- + Analyse immunohistochimique
 - + Clone 5A4
 - + Clone D5F3
 - + Autre (préciser) : _____
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)

+ Réarrangement du gène PPAR gamma

- + Hybridation *in situ*
- + Amplification en chaîne par polymérase après transcription inverse (RT-PCR)
- + Immunohistochimie
 - + Clone (préciser) : _____
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)

+ Réarrangement des gènes RET/PTC1, RET/PTC3, NTRK1 et NTRK3

- + Hybridation *in situ*
- + Amplification en chaîne par polymérase après transcription inverse (RT-PCR)
- + Analyse immunohistochimique
 - + Clone (préciser) : _____
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)

+ Méthode d'analyse de mutation pour le gène CTNNB1

- + Séquençage par méthode de SANGER
- + Séquençage de « nouvelle génération » (haut débit)
- + Analyse immunohistochimique
 - + Clone (préciser) : _____

+ Sensibilité/limite de la détection de la mutation (note A)

- + ≥20%
- + ≥10%
- + ≥5%
- + Autre (préciser) : _____ %

