|  |
| --- |
| **CENTRES QUALIFIEURS / EXTRACTEURS (CQEx) DU LBM SeqOIA** |
| [ ]  **Institut Curie** | [ ]  **Gustave Roussy** | [ ]  **HEGP** |

|  |
| --- |
|  **IDENTIFICATION DU PATIENT**  |
| **Nom :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **Nom de naissance :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | ***Espace réservé au LBM SeqOIA*** |
| **Prénom :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **Né(e) le :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Sexe :** [ ]  M [ ]  F |

|  |
| --- |
| [ ]  **Envoi uniquement de l’ARN pour transcriptome première ligne*** Compléter uniquement la partie qualification ARN
 |

|  |  |
| --- | --- |
| **Prescription ID (cf. SPICE) :** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |

|  |
| --- |
| **EXTRACTION ADN TUMORAL*****Intégrer dans SPICE les rapports obtenus et les fichiers brutes (Fragment Analyzer,*** ***BioAnalyzer, TapeStation)*** |
| **Date et méthode d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Date et méthode de quantification (fluorimétrie)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Date et méthode de qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Choisissez un élément. |
| **RESULTATS EXTRACTION ADN TUMORAL****Quantification et Qualification** |
|  | **Minimum attendu**  | **Obtenu** |
| **Concentration (ng/μL)** | **≥ 25 ng/µL** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Quantité (ng)** | **≥ 1 000 ng****(quantité minimum pour 1 WGS et 1 WES)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Volume (µL)** | **˃ 20µL** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Valeur du DQN (DIN)**  | **˃ 6**  | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Identification du tube de transfert FluidXTM** | **FluidXTM 0,7 mL** | **Code 2D ADN :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **TEMPÉRATURE DE CONSERVATION DE L’ADN TUMORAL AVANT ENVOI** |
| **Température (°C)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |

|  |
| --- |
| **EXTRACTION ARN TUMORAL****Intégrer dans SPICE les rapports obtenus et les fichiers bruts (Fragment Analyzer, BioAnalyzer, TapeStation)** |
| **Date et méthode d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Date et méthode de quantification et qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Choisissez un élément. |
| **RESULTATS EXTRACTION ARN TUMORAL****Quantification & Qualification** |
|  | **Minimum attendu** | **Obtenu** |
| **Concentration (ng/μL) obtenue****en sélectionnant les fragments d’ARN ≥ 200 nucléotides** | **≥ 10 ng/µL** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Quantité (ng)**  | **≥ 200 ng****(quantité minimum pour 1 WTS)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Volume (µL)** | **˃ 20µL** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Valeur du RQN (RIN)** | **≥ 5** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Valeur de la DV200** | **≥ 60%** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Identification du tube de transfert FluidXTM** | **FluidXTM 0,7 mL** | **Code 2D ARN WTS :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **TEMPÉRATURE DE CONSERVATION DE L’ARN TUMORAL AVANT ENVOI** |
| **Température (°C)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |

**IMPORTANT**

**Les *minima* attendus correspondent à la réalisation d’une seule expérience (WGS, WES ou WTS). Dans la mesure du possible, il est demandé d’envoyer le double des quantités minimales attendues (*i.e.* 2000 ng d’ADN pour réaliser deux fois les WGS et WES et 400ng d’ARN pour réaliser deux fois le WTS).**

**En cas de valeurs à la limite des pré-requis, il est possible de contacter par mail le LBM SeqOIA afin d’évaluer la pertinence d’une dérogation pour réaliser le séquençage à très haut débit (indiquer dans l’objet « Dérogation envoi acides nucléiques ») :** **seqoia@aphp.fr**