**FORMULAIRE DE QUALIFICATION TUMORALE/ NON TUMORALE - ONCO HEMATOLOGIE**

|  |
| --- |
| **CENTRES QUALIFIEURS / EXTRACTEURS (CQEx) DU LBM SeqOIA** |
| [ ]  **Hôpital Saint-Louis :****Leucémies aiguës adultes** | [ ]  **CHU Lille :****Leucémies aiguës adultes** | [ ]  **Hôpital Robert-Debré :****Leucémies aiguës lymphoblastiques pédiatriques** | [ ]  **Hôpital Trousseau :****Leucémies aiguës myéloblastiques pédiatriques** |

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

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

|  |
| --- |
| **RENSEIGNEMENTS PATIENT / CARACTERISTIQUES DE LA MALADIE** |
| **Type de leucémie** | [ ]  LAL-B [ ]  LAL-T [ ]  LAM [ ]  LA biphénotypique  |
| **Principales caractéristiques génétiques / cytogénétiques** | ***Intégrer dans SPICE les pdf des comptes rendus disponibles*** |
| **Date du diagnostic initial** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Date de la rémission** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Date de la rechute** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Localisation de la rechute** | [ ]  Médullaire [ ]  Extra-médullaire isolée, à préciser : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Patient allogreffé** | [ ]  Non [ ]  Oui Si oui, date d’allogreffe : Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |

|  |
| --- |
| **QUALIFICATION PRELEVEMENT TUMORAL** |
| ***Intégrer dans SPICE les pdf des comptes rendus de myélogramme, NFS (et anatomopathologie le cas échéant)*** |
| **Expéditeur** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date de réception** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Conditions d’acheminement** | [ ]  Conformes [ ]  Non conformes, préciser : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date du prélèvement** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Type de prélèvement** | [ ]  Moelle [ ]  Sang [ ]  Autre\* : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Identification de l’échantillon** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Echantillon transmis** | [ ]  Prélèvement frais  [ ]  DMSO  nb d’aliquots : Cliquez ici pour taper du texte.  nb de cellules/aliquot : Cliquez ici pour taper du texte.[ ]  Culot sec  nb d’aliquots : Cliquez ici pour taper du texte.  nb de cellules/aliquot : Cliquez ici pour taper du texte.[ ]  Autre\* : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Taux de blastes**[ ]  cytologie [ ]  CMF | Cliquez ici pour taper du texte. %[ ]  sur prélèvement totalCliquez ici pour taper du texte. % [ ]  sur cellules isolées pour congélation/extraction (labo expéditeur)Cliquez ici pour taper du texte. %[ ]  sur cellules décongelées (labo qualifieur)   |
| **En cas d’allogreffe :** | Taux de chimérisme hématopoïétique : (mesuré sur le même prélèvement que celui transmis)Cliquez ici pour taper du texte. % donneur Si mesuré sur un prélèvement différent, préciser la date et la nature:Cliquez ici pour taper du texte. |

|  |
| --- |
| **QUALIFICATION PRELEVEMENT NON TUMORAL** |
| ***Intégrer dans SPICE les pdf des comptes-rendus de myélogramme, NFS et maladie résiduelle le cas échéant*** |
| **Expéditeur** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date de réception** |  Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Conditions d’acheminement** | [ ]  Conformes [ ]  Non conformes, préciser : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date du prélèvement** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Type de prélèvement** | [ ]  Moelle [ ]  Sang [ ]  Autre\* : Cliquez ici pour taper du texte.  |
| **Identification de l’échantillon** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Echantillons transmis** | [ ]  DMSO  nb d’aliquots : Cliquez ici pour taper du texte. nb de cellules/aliquot : Cliquez ici pour taper du texte.[ ]  Culot sec  nb d’aliquots : Cliquez ici pour taper du texte. nb de cellules/aliquot : Cliquez ici pour taper du texte.[ ]  ADN (si cellules non disponibles)   |
| **Myélogramme ou NFS** | Taux de blastes : Cliquez ici pour taper du texte. %Dysplasie[ ]  Non [ ]  Oui |
| **Maladie résiduelle (le cas échéant)** | Technique/marqueur : Cliquez ici pour taper du texte.Résultat : Cliquez ici pour taper du texte. |

**\*Préciser**

**FORMULAIRE DE QUALIFICATION TUMORALE/ NON TUMORALE - ONCO HEMATOLOGIE**

***Intégrer dans SPICE tous les rapports obtenus et les fichiers bruts (TapeStation******ou Fragment Analyzer)***

|  |
| --- |
| **CENTRES QUALIFIEURS / EXTRACTEURS (CQEx) DU LBM SeqOIA** |
| [ ]  **Hôpital Saint-Louis :****Leucémies aiguës adultes** | [ ]  **CHU Lille :****Leucémies aiguës adultes** | [ ]  **Hôpital Robert-Debré :****Leucémies aiguës lymphoblastiques pédiatriques** | [ ]  **Hôpital Trousseau :****Leucémies aiguës myéloblastiques pédiatriques** |

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

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

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **ADN TUMORAL** | **Identifiant interne ADN tumoral :** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Opérateur**  | **Extraction** :Cliquez ici pour taper du texte.**Qualification** : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode de quantification** (fluorimétrie) | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode de qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
|  | **Minimum attendu** | **Obtenu** |
| **Concentration (ng/μL)** | **≥ 25 ng/µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Quantité (ng)** | **≥ 1 000 ng****(quantité minimum pour 1 WGS et 1 WES)** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Volume (µL)** | **˃ 20µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Qualification : Valeur du GQN (DIN)** | **˃ 6** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Identification du tube de transfert FluidX** | **FluidX 0,7 mL** | **Code 2D ADN tumoral :** Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Température de stockage avant expédition** | *A ne renseigner que si stockage avant expédition* | Cliquez ici pour taper du texte. |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **ARN TUMORAL** | **Identifiant interne ARN tumoral :** |  |
| **Opérateur**  | **Extraction** :Cliquez ici pour taper du texte.**Qualification** : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode de quantification**  | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode de qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
|  | **Minimum attendu** | **Obtenu** |
| **Concentration (ng/μL) obtenu via le fragment Analyzer ou TapeStation****en sélectionnant les fragments d’ARN ≥ 200 nucléotides** | **≥ 10 ng/µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Quantité (ng)** | **≥ 200 ng****(quantité minimum pour 1 WTS)** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Volume (µL)** | **˃ 20µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Qualification**  | **Valeur du RQN (RIN)** | **≥ 5** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Valeur DV200** | **≥ 60%** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Identification du tube de transfert FluidX** | **FluidX 0,7 mL** | **Code 2D ARN tumoral :** Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Température de stockage avant expédition** | *A ne renseigner que si stockage avant expédition* | Cliquez ici pour taper du texte. |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **ADN NON TUMORAL** | **Identifiant interne ADN non tumoral :** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Opérateur**  | **Extraction** :Cliquez ici pour taper du texte.**Qualification** : Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Date et méthode de quantification** (fluorimétrie) | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date.Cliquez ici pour taper du texte.  |
| **Date et méthode de qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. Cliquez ici pour taper du texte. |
|  | **Minimum attendu** | **Obtenu** |
| **Concentration (ng/μL)** | **≥ 25 ng/µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Quantité (ng)** | **≥ 1 000 ng****(quantité minimum pour 1 WGS)** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Volume (µL)** | **˃ 20µL** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Qualification (DIN)** | **˃ 6** | Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Identification du tube de transfert FluidX** | **FluidX 0,7 mL** | **Code 2D ADN non tumoral :** Cliquez ici pour taper du texte. |
| **Température de stockage avant expédition** | *A ne renseigner que si stockage avant expédition* | Cliquez ici pour taper 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 400 ng 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**