|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **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 |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Prescription ID (cf. SPICE) :** | | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | |
| **Parcours de rattachement à l’établissement du GCS SeqOIA** | | | |
| **Institut Curie** | **Gustave Roussy** | | **AP-HP** |

|  |  |
| --- | --- |
| **COORDONNEES DU LABORATOIRE EXPEDITEUR** | |
| **Identité du correspondant** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Nom et adresse du laboratoire** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Téléphone** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Mail** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |

Joindre ce document et le compte rendu d’anatomopathologie avec le(s) prélèvement(s)

|  |  |
| --- | --- |
| **RENSEIGNEMENTS PRELEVEMENT TUMORAL** | |
| **Nature** | **congelé**  **FFPE** (prélèvement <1an et selon localisations autorisées, site PFMG) |
| **Numéro du compte-rendu (CR) anatomopathologie du prélèvement transmis** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Numéro d’identification du prélèvement transmis (si différent du N° du CR)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Date de prélèvement** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Date d’envoi** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Quantité de tissu envoyée (si évaluable, minimum 20mg ) : 100mg** | **Nombre de tubes envoyés :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Qualification du prélèvement transmis**  **A compléter en local ou par le centre Qex selon circuit** | |
| **en local** | **au centre qualifieur/extracteur (Qex)** |
| **Identité du pathologiste qualifiant le prélèvement / établissement expéditeur** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Date de qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Evaluation du % de cellules tumorales sur le prélèvement transmis pour extraction** | |  |  | | --- | --- | | **Minimum attendu** | **Obtenu** | | **≥ 30 %** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | |
| **Présence de nécrose** | Oui  Non  Si oui, % de la surface : Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Infiltrat lymphocytaire** | Oui  Non  Non évalué  Si oui, % de la surface : Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |

**☐** **Envoi pour transcriptome 1ère ligne 🡺 Extraire uniquement l’ARN**

|  |  |
| --- | --- |
| **Transmission au centre Qualifieur/Extracteur (Qex)** | |
| **Date de réception au centre Qex** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. |
| **Identité du réceptionneur** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Nombre de tubes reçus** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. |
| **Statut à réception** | conforme  non conforme |

Si qualification effectuée au centre Qex, compléter les champs dédiés en page 1,

Si prélèvement non conforme prévenir prescripteur et SeqOIA-GEN, de l’impossibilité de l’analyse par absence de prélèvement tumoral adéquat et tracer dans SPICE.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **EXTRACTION ADN TUMORAL**  **Intégrer dans SPICE les rapports obtenus (Fragment Analyzer, BioAnalyzer, TapeStation)** | | | |
| **Date d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | | |
| **Date de quantification / qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | | |
| **ADN TUMORAL**  **Quantification et Qualification** | | | |
|  | **ADN transmis** | **Minimum attendu**  **Tumeur congelée** | **Minimum attendu**  **Tumeur FFPE** |
| **Concentration (ng/μL)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥ 25 ng/µL** | **≥ 10 ng/µL** |
| **Volume (µL)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥ 50µL** | **≥ 20µL** |
| **Quantité (ng)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥1250 ng**  **(quantité minimum pour 1 WGS et 1 WES)** | **≥200ng**  **(quantité minimum pour 1 WES)** |
| **Qualité** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **DQN ˃ 6** | **DV900 ˃ 50%** |
| **Identification du tube de transfert FluidXTM** | **Code 2D ADN :**Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **FluidXTM 0,7 mL** | |

Si l’ADN n’atteint pas les critères minimaux attendus, prévenir le prescripteur et SeqOIA-GEN, de l’impossibilité de l’analyse prévue par absence d’ADN tumoral de qualité/quantité suffisante. Une demande de dérogation est possible avec ajustement de la configuration d’analyse en tout exome. Tracer toute particularité « en commentaire » dans SPICE.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **EXTRACTION ARN TUMORAL**  **Intégrer dans SPICE les rapports obtenus (Fragment Analyzer, BioAnalyzer, TapeStation)** | | | |
| **Date d’extraction** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | | |
| **Date de quantification et qualification** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer une date. | | |
| **ARN TUMORAL**  **Quantification & Qualification** | | | |
|  | **ARN transmis** | **Minimum attendu**  **Tumeur congelée**  **(RIN ≥7)** | **Minimum attendu**  **Tumeur FFPE ou congelé RIN<7** |
| **Concentration (ng/μL)**  **en sélectionnant les fragments d’ARN ≥ 200 nucléotides** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥ 10 ng/µL** | **≥ 30 ng/µL** |
| **Volume (µL)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥ 20µL** | **≥ 25µL** |
| **Quantité (ng)** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **≥ 200 ng**  **(quantité minimum pour 1 WTS)** | **≥ 750 ng**  **(quantité minimum pour 1 WTS** |
| **Qualité** | Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **RIN ≥ 7** | **DV200 ≥ 50%** |
| **Identification du tube de transfert FluidXTM** | **Code 2D ARN :** Cliquez ou appuyez ici pour entrer du texte. | **FluidXTM 0,7 mL** | |

Si l’ARN n’atteint pas les critères minimaux attendus, prévenir prescripteur et SeqOIA-GEN, de l’impossibilité de l’analyse du transcriptome par absence d’ARN tumoral de qualité/quantité suffisante. Une demande de dérogation est possible avec ajustement de la configuration d’analyse la plus adaptée au matériel disponible. Tracer toute particularité « en commentaire » dans SPICE.

Les *minima*s 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

Pour les prélèvements congelés, en cas de qualité ou quantité ADN tumoral insuffisante, le génome tumoral et le génome constitutionnel ne pourront pas être réalisés. L’analyse sera remplacée par un exome tumoral et un exome constitutionnel.

En cas de valeurs à la limite des prérequis, 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 de l’e-mail « Dérogation envoi acides nucléiques ») : [seqoia@aphp.fr](mailto:seqoia@aphp.fr)