

Génétique cardiaque, panel de gènes : Arythmies

Inclus dans le groupe de Schemes EMQN parmi lesquels le PEEQ finance 2 choix par installation - voir la section Spécifications.

Génétique et Maladies héréditaires Année 2025

CARDIAC(ARR)-25

EMQN ISO/IEC 17043:2010

Our EQA Schemes - EMQN

Fréquence :	1 X par an
Type d'entités et volume :	2 Tubes, environ 2 µg 3 Ensemble de données virtuelles
Analyses demandées :	Recherche et interprétation des variants de gènes associés aux arythmies cardiaques. Préparation d'un rapport clinique complet.
Matrices :	ADN génomique (tampon TE)
Analytes évalués :	Précision du génotypage - CARDIAC(ARR) Qualité de l'interprétation clinique - CARDIAC(ARR) Précision cléricalle rapport - CARDIAC(ARR)
Type de résultats évalués :	Qualitatifs
Objectifs du sous-programme :	Évaluer la performance des participants lorsqu'ils effectuent la détection et l'interprétation clinique des variants de gènes associés aux arythmies cardiaques. Évaluer la précision cléricalle (contenu et format) des rapports cliniques émis par les participants lors d'une recherche des variants de gènes associés aux arythmies cardiaques.
Spécifications :	<p>Il est possible de participer à ce programme en français et en anglais.</p> <p>Les participants recevront trois cas cliniques fictifs : deux cas avec des échantillons d'ADN correspondants et un cas « virtuel » avec un génotype fourni dans les instructions, pour interprétation et rapport.</p> <p>Le programme CARDIAC(ARR) couvre les paramètres analytiques pour la reclassification (75025, 75026) et la réinterprétation (75027, 75028, 75029 et 75030) dans le cas éventuel où les données utilisées visent des gènes associés à des arythmies cardiaques.</p> <p>Applicable aux laboratoires qui effectuent des tests de panel génétique pour ce groupe de désordres héréditaires (y compris les tests ciblés par panel / exome clinique / WES / WGS / Sanger).</p> <p>ATTENTION : Chaque installation doit choisir UNIQUEMENT 2 programmes qui seront financés par le PEEQ parmi la liste suivante de Schemes de génomique et désordres héréditaires d'EMQN, les programmes supplémentaires devront être commandés sur la plateforme EMQN au frais de l'installation :</p> <ul style="list-style-type: none"> ▪ Cancer héréditaire colorectal sans polypose (Syndrome de Lynch) :

LYNCH

- Cancer héréditaire du sein et de l’ovaire (BCRA seulement) : **HBOC(BRCA)**
- Cancer héréditaire du sein et de l’ovaire : **HBOC(PANEL)**
- Cancer héréditaire du sein, de l’ovaire, de la prostate et du pancréas (PARPi) : **PARP(G)**
- Génétique cardiaque (arythmie) : **CARDIAC(ARR)**
- Génétique cardiaque (Cardiomyopathie hypertrophique) : **CARDIAC(HCM)**
- Hypercholestérolémie familiale : **FH**
- Néoplasie endocrinienne multiple de type II : **MEN2**
- Phénylcétonurie : **PKU**
- Syndrome de polypose (FAP, MAP) : **POLYPOSIS**
- Syndromes Prader-Willi et Angelman : **PWAS**

Détermination des valeurs assignées :

Valeurs connues, avec des résultats déterminés par une formulation spécifique de l'entité soumise à l'essai d'aptitude.

Paramètres et principes analytiques potentiellement couverts :

Paramètres analytiques	Principes analytiques
75025 - Reclassification de variations de signification incertaine pour un panel donné (virtuel ou non) (1-2 variations)	Séquençage à haut débit - Classification
75026 - Reclassification de variations de signification incertaine pour un panel donné (virtuel ou non) (>2 variations)	Séquençage à haut débit - Classification
75027 - Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (2-20 gènes)	Séquençage à haut débit - Interprétation
75028 - Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (21-100 gènes)	Séquençage à haut débit - Interprétation
75029 - Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (101-500 gènes)	Séquençage à haut débit - Interprétation
75030 - Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (>500 gènes)	Séquençage à haut débit - Interprétation
55039 - Séquençage ciblé de gènes associés aux cardiomyopathies/arythmies/aortopathies héréditaires (cardiogénétique) (core panel) (SNG) (technique seulement)	Séquençage à haut débit
55067 - Panel virtuel de gènes associées aux arythmies héréditaires (cardiogénétique) (interprétation seulement)	Séquençage à haut débit - Interprétation
55069 - Recherche de variant nucléotidiques (SNV) familiale ou confirmation de SNV (cardiogénétique)	Séquençage conventionnel Séquençage à haut débit

Campagne	Ouverture	Fermeture
A	2025-01-01	2025-03-31
Info. supp.	Dates à confirmer par le fournisseur au début de 2025.	

Date d'approbation : 2024-09-14