

# Cancer héréditaire colorectal sans polypose (Syndrome de Lynch)

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

LYNCH-25

EMQN ISO/IEC 17043:2010

Our EQA Schemes - EMQN

---

<b>Fréquence :</b>	1 X par an
<b>Type d'entités et volume :</b>	3 Tubes, environ 2 µg 3 Ensemble de données virtuelles
<b>Analyses demandées :</b>	Identification et interprétation des variants pour le syndrome Lynch. Préparation d'un rapport clinique complet (incluant la méthodologie et les limites de l'analyse).
<b>Matrices :</b>	ADN génomique (tampon TE)
<b>Analytes évalués :</b>	Précision du génotypage - LYNCH   Qualité de l'interprétation clinique - LYNCH   Précision cléricale rapport - LYNCH
<b>Type de résultats évalués :</b>	Qualitatifs
<b>Objectifs du sous-programme :</b>	Évaluer la performance des participants lorsqu'ils effectuent la détection et l'interprétation clinique des variants pour le cancer héréditaire colorectal sans polypose (syndrome de Lynch). Évaluer la précision cléricale (contenu et format) des rapports cliniques émis par les participants lors d'une recherche des variants pour le cancer héréditaire colorectal sans polypose (syndrome de Lynch).
<b>Spécifications :</b>	<p><b>Il est possible de participer à ce programme en français et en anglais.</b></p> <p>Les participants recevront trois cas cliniques fictifs avec des échantillons d'ADN correspondants pour interprétation et rapport.</p> <p>Gènes ciblés : MSH2, MLH1, MSH6, EPCAM et PMS2 Applicable aux laboratoires qui effectuent des analyses de génétique moléculaire pour le diagnostique du cancer héréditaire colorectal sans polypose (Syndrome de Lynch).</p> <p>Le programme LYNCH 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 cancers héréditaires colorectaux sans polypose (Syndrome de Lynch).</p> <p><b>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</b></p>

plateforme EMQN au frais de l'installation :

- 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
55154 - Cancer du côlon; MLH1; régions codantes complètes (séquençage)	Séquençage à haut débit Séquençage conventionnel
55158 - Cancer du côlon; MSH2; régions codantes complètes (séquençage)	Séquençage conventionnel Séquençage à haut débit
55374 - Panel global de gènes de prédisposition aux tumeurs solides de l'adulte (SNG) (technique et interprétation)	Séquençage à haut débit Séquençage à haut débit - Interprétation

55386 - Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer du côlon analysé à partir des données du panel global (compilation de l'indication seulement)	Séquençage à haut débit - Interprétation
55148 - Cancer du côlon; MLH1, MSH2, MSH6, PMS2; (séquençage, mutation individuelle)	Détection d'acides nucléiques Séquençage conventionnel
55160 - Cancer du côlon; MSH6; régions codantes complètes (séquençage)	Séquençage à haut débit

## Calendrier 2025

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

Date d'approbation : 2024-09-14