

ANNEXES

# RÉPERTOIRE QUÉBÉCOIS ET SYSTÈME DE MESURES DES PROCÉDURES DE BIOLOGIE MÉDICALE

ÉDITION 2026-2027

## **ÉDITION**

**La Direction des communications du ministère de la Santé et des Services sociaux**

Le présent document s'adresse spécifiquement aux intervenants du réseau québécois de la santé et des services sociaux et n'est accessible qu'en version électronique à l'adresse :

**[msss.gouv.qc.ca](http://msss.gouv.qc.ca)**, section **Publications**.

Dépôt légal

Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2026

ISBN 978-2-555-03769-4 (version PDF)

Tous droits réservés pour tous pays. La reproduction, par quelque procédé que ce soit, la traduction ou la diffusion de ce document, même partielles, sont interdites sans l'autorisation préalable des Publications du Québec. Cependant, la reproduction de ce document ou son utilisation à des fins personnelles, d'étude privée ou de recherche scientifique, mais non commerciales, sont permises à condition d'en mentionner la source.

© Gouvernement du Québec, 2026

## ANNEXES 2026-2027

Annexe A	Informations .....	1
Annexe B	Analyses de biologie médicale (ordre numérique).....	3
Annexe C	Liste des techniques de dosage des anticorps.....	83
Annexe E	Liste des codes retirés .....	91
Annexe F	Informations pour la banque de sang.....	97
Annexe G	Calendrier de transmission des données d'activité de laboratoire pour l'année financière débutant le 1 <sup>er</sup> avril 2026 .....	131
Annexe I	Liste des établissements désignés pour les analyses suprarégionales (consulter à cet effet le <a href="#">Répertoire Web des procédures suprarégionales de biologie médicale</a> )	
Annexe K	Analyses associées au dépistage néonatal sanguin .....	133
Annexe M	Distribution des allergènes.....	137
Annexe N	Phénotypes érythrocytaires particuliers pour Héma-Québec (code 19366).....	157
Annexe O	Liste des EBMD par grappe .....	165
Annexe R	Précisions s'appliquant au RQDM.....	167

## INFORMATIONS

Veillez prendre note que toute information inscrite en rouge au *Répertoire 2026-2027* constitue une mise à jour par rapport à l'année précédente.

Toute information supplémentaire relative au *Répertoire québécois et système de mesure des procédures de biologie médicale*, édition 2026-2027 doit être acheminée au ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS) par courrier électronique à l'adresse suivante : [dlim@msss.gouv.qc.ca](mailto:dlim@msss.gouv.qc.ca).

**Chaque demande d'ajout d'analyse au Répertoire, dans le cadre d'une évaluation de la pertinence par l'Institut national d'excellence en santé et en services sociaux (INESSS), doit inclure :**

- le formulaire de demande d'évaluation de la pertinence d'une nouvelle analyse (fichier original et copie PDF signée) ; Le formulaire est disponible sur demande à l'adresse suivante : [dlim@msss.gouv.qc.ca](mailto:dlim@msss.gouv.qc.ca) ;
- le calcul de la valeur pondérée théorique (fichier Excel détaillé du calcul et copie PDF signée). Le formulaire est disponible sur demande à l'adresse suivante : [dlim@msss.gouv.qc.ca](mailto:dlim@msss.gouv.qc.ca) ;
- les études d'intérêt ou les articles publiés concernant l'analyse proposée (minimum suggéré de deux études ou articles) ;
- toute référence économique pertinente à l'évaluation de cet aspect (si disponible) ;
- les lignes directrices d'organisation (si disponibles) ;
- la monographie de la trousse (s'il y a lieu) ;
- la procédure opératoire normalisée (PON) ou le protocole.



Il importe que les demandes soient préalablement documentées et signées et que les coordonnées du requérant (nom, téléphone et titre d'emploi) y soient fournies.

Pour toute information supplémentaire relative au processus d'introduction d'analyses au *Répertoire*, consultez la section 16 « Mécanisme d'introduction des nouvelles analyses » de la partie texte du *Répertoire*.

**Pour toute information concernant le Répertoire :**



Direction des laboratoires et de l'imagerie médicale  
Direction générale de la pertinence et des services spécialisés  
Sous-ministériat de la santé physique et pharmaceutique (SMSPP)  
Ministère de la Santé et des Services sociaux du Québec  
✓ Adresse courriel : [dlim@msss.gouv.qc.ca](mailto:dlim@msss.gouv.qc.ca)



La version électronique du *Répertoire québécois et système de mesure des procédures de biologie médicale*, édition 2026-2027, se trouve sur le site Web du MSSS à l'adresse suivante : <https://publications.msss.gouv.qc.ca/msss/>.

## ANNEXE A

### Centre de services de la VPTI Santé Québec

Toute demande d'information relative à l'application GESTLAB et à la base de données Centralab doit être adressée au Centre de services de la VPTI Santé Québec. Vous pouvez consulter leur site Internet à l'adresse suivante :

<https://msss365.sharepoint.com/sites/MSSS-Technologiesdelinformation>

### Win Info

Toute demande d'information relative à l'application MedSip doit être adressée au service de soutien de Win Info. Le site Web Win Info communique également de l'information sur cette application :

[www.wininfo.qc.ca/WininfoWP/](http://www.wininfo.qc.ca/WininfoWP/)

Adresse courriel : [techsupport@wininfo.qc.ca](mailto:techsupport@wininfo.qc.ca)

---

 **Directives ministérielles et Manuel de gestion financière**  
Nous joindre

**MGF** Répertoire des directives ministérielles Abonnement 

G26, Version 1.0.2.1784

Les directives ministérielles peuvent être consultées en ligne à l'adresse suivante : <https://g26.pub.msss.rtss.qc.ca/Formulaires/Circulaire/ListeCirculaire.aspx>.

**Description des colonnes et légende des modifications**

Toute modification par rapport à l'édition 2025-2026 est en rouge dans le texte.

**Colonne « Réf. texte » (référence au texte)**

- \* Indique que des indications spécifiques pour l'interprétation et la compilation de ce code se trouvent dans la partie texte du *Répertoire*. L'ajout d'une lettre dans cette colonne réfère à l'annexe correspondante dans le *Répertoire*.

**Colonne « Modif. » (modification)**

- C Changement apporté à un ou plusieurs paramètres de la procédure
- N Nouvelle procédure
- N\* Nouvelle procédure ajoutée lors de la mise à jour de mi-année en 2025-2026

**Colonne « Type modif. » (type de modification apportée au code)**

- D Modification dans la description
- VP Révision de la valeur pondérée (ajustement des paramètres de calcul)
- VP<sub>r</sub> Révision de la valeur pondérée (nouveaux calculs de VP)
- S Modification de la sous-section
- H Modification de la hiérarchie
- EC Modification de l'élément de compte
- Réf Modification à la référence au code numérique

**Colonne « INESSS » et « RQDM »**

- I Ajout de l'analyse suivant une évaluation de la pertinence à l'INESSS
- R Analyse faisant partie de la portée du Réseau québécois de diagnostic moléculaire (RQDM)

**Colonne « Test compagnon »**

- TC Analyse identifiée comme test compagnon à un médicament inscrit sur la Liste des médicaments couverts par la Régie de l'assurance maladie du Québec (RAMQ).

**Colonne « Sous-section »**

Indique la classification des analyses présentée dans le **Tableau 3 – Centre d'activité 6600 – Laboratoires de biologie médicale et sous-sections associées** de la partie texte du *Répertoire*. Pour la définition des abréviations utilisées dans le tableau, se référer à la section 3.4 de la partie texte du *Répertoire*.

Veuillez noter que le laboratoire peut modifier l'association entre la sous-section et l'analyse dans son système de compilation des statistiques afin que les coûts de réalisation de cette analyse soient imputés dans le bon centre d'activité, comme apparaissant au rapport financier de l'établissement (AS-471).

**Colonne « Description »**

Correspond au nom de la procédure de laboratoire.

**Colonne « Réf. code num. » (référence numérique)**

- 1 Analyse référée au Laboratoire national de microbiologie
- 3 Analyse référée au Laboratoire provincial de l'Ontario
- 4 Analyse référée au Bureau des dangers microbiens, Santé Canada
- 5 Analyse référée au Laboratoire national des services de référence du VIH
- 6 Analyse référée au Centre national de référence en parasitologie

**Colonne « Élément de compte »**

Indique la manière de compiler le code de procédure dans le système de mesure (se référer à la **section 12** de la partie texte du *Répertoire*).

**Colonne « Hiérarchie »**

Réfère à la hiérarchie de l'analyse et à l'organisation des services qui en découle au sein de la grappe de laboratoires (se référer à la **section 8** de la partie texte du *Répertoire*).

**Colonne « VP »**

Correspond à la valeur pondérée de l'analyse (se référer à la **section 3.2** de la partie texte du *Répertoire*).

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
10000	F	C	VP				B. S. générale	Agglutinines froides (dépistage) (qualitatif) autocontrôles inclus		Résultat	Local	5,1
10001	F	C	VP				B. S. générale	Agglutinines froides (titrage par amplitude thermique) autocontrôles inclus		Rapport	Local	68,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du *Répertoire* I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
10002	F	C	VP				B. S. générale	Agglutinines froides (titrage) (quantitatif) (autocontrôles inclus)		Rapport	Local	35,0
10007	* F	C	VPr				B. S. générale	Anticorps irréguliers (identification manuelle)		Panel	Local	45,0
10008	* F	C	VP				B. S. générale	Allo ou auto adsorption à chaud		Adsorption	Régional	73,0
10009	* F	C	VP				B. S. générale	Allo ou auto adsorption à froid		Adsorption	Régional	87,0
10018	*	C	VP				B. S. générale	Centrifugation d'un culot (contexte pédiatrique)		Produit	Régional	5,1
10020	* F	C	VP				B. S. générale	Cellules fœtales (agglutination) (dépistage) (qualitatif)		Rapport	Régional	27,0
10021		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Cellules fœtales (quantitatif) (Kleihauer)		Résultat	Régional	46,0
10024	* F	C	VP				B. S. générale	Compatibilité (manuelle ou automatisée)		Résultat	Local	10,4
10028	F	C	VPr				B. S. générale	Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (automatisée)		Résultat	Local	13,0
10032	F	C	VP				B. S. générale	Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (technique en tube) (manuelle)		Résultat	Local	11,6
10034	F	C	VP				B. S. générale	Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (technique en gel) (manuelle)		Résultat	Local	7,2
10040	* F	C	VP				Hémato-immunologie	Différenciation IgG-IgM (dithiothréitol-DTT)		Spécimen	Régional	19,3
10041		C	VP				B. S. générale	Division de produit sanguin labile		Produit final	Local	32,0
10042	*	C	VP				B. S. générale	Division de produit sanguin stable ou de lait maternel		Produit final	Local	16,4
10044	F	C	VP				B. S. générale	Donath Landsteiner		Résultat	Local	4,1
10045	*	C	VP				B. S. générale	Décongélation de produit sanguin ou de lait maternel		Produit	Local	4,6
10060	* F	C	D, VPr				B. S. générale	Élution		Rapport	Local	72,0
10085	* F	C	VP				B. S. générale	Groupe sanguin ABO-Rh (automatisé)		Rapport	Local	9,1
10086	* F	C	VP				B. S. générale	Groupe sanguin ABO-Rh (manuel)		Rapport	Local	9,9
10110		C	VPr				B. S. générale	Irradiation de produit sanguin dans l'établissement		Produit final	Supra	6,9
10111	* F	C	VPr				B. S. générale	Anticorps irréguliers (identification automatisée)		Panel	Local	35,0
10115	* F	C	VP				B. S. générale	Investigation RhD faible		Résultat	Local	41,0
10133	*	C	VPr				B. S. générale	Poolage produits sanguins labiles		Produit final	Local	31,0
10134	* F	C	VP				B. S. générale	Phénotype érythrocytaire commun ou rare (patient ou du produit / par antigène / incluant contrôles) (automatisé)		Résultat	Local	5,4
10135	*	C	VPr				B. S. générale	Poolage de produits sanguins stables		Produit final	Local	19,4

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
10136	* F	C	VP				B. S. générale	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D / incluant contrôles) (manuel)		Résultat	Local	14,1
10137	* F	C	VP				B. S. générale	Phénotype érythrocytaire rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (manuel)		Résultat	Local	12,9
10150	* F	C	VP				B. S. générale	Anticorps irréguliers (recherche manuelle)		Résultat	Local	10,6
10151	F	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Recherche d'hémoglobinurie paroxystique nocturne (PNH)		Rapport	Régional	158,0
10152	*	C	VPr				B. S. générale	Reconstitution de produit sanguin stable (ex. : facteur de coagulation, immunoglobulines, etc.)		Produit	Local	32,0
10153	F	C	VP				B. S. générale	Anticorps irréguliers (recherche automatisée) (carte de gel)		Résultat	Local	6,5
10154	F	C	VP				B. S. générale	Anticorps irréguliers (recherche automatisée) (phase solide)		Résultat	Local	15,1
10170	* F	C	VP				B. S. générale	Titration anticorps (par anticorps)		Résultat	Local	56,0
10173	* F	C	VP				B. S. générale	Traitement cellules (méthode EGA KIT)		Usager	Régional	56,0
10174	* F	C	VP				B. S. générale	Traitement enzymatique (ex. : ficine) pour identification d'anticorps		Usager	Régional	127,0
10177		C	VP				B. S. générale	Retrait de surnageant		Produit final	Local	26,0
10178	*	C	VPr				B. S. générale	Reconstitution d'un produit sanguin labile		Produit final	Local	29,0
10179							B. S. générale	Mise en seringue de produit sanguin labile		Produit final	Local	34,0
10181		C	VP				B. S. générale	Traitement enzymatique des cellules (ex. : DTT), neutralisation des anticorps monoclonaux anti-CD38		Usager	Local	122,0
10504		C	VP				B. S. gestion	Gestion des plaquettes HLA (fait par un technologiste)		Produit	Local	52,0
10505	*	C	VP				B. S. gestion	Gestion de la confirmation de l'administration ou de la transfusion		Résultat	Local	3,2
10510	* F	C	VPr				B. S. gestion	Réception et manipulation d'un échantillon non analysé à la réception (à l'usage exclusif de la banque de sang)		Usager	Local	5,3
10511	*	C	VP				B. S. gestion	Émission produit sanguin labile ou stable, de tissu ou de lait maternel		Produit	Local	8,5
10512	F	C	VP				B. S. gestion	Étude de don antérieur (par cas) (fait par un technologiste)		Usager	Local	12,5
10513	* F	C	VP				B. S. gestion	Étude de réaction transfusionnelle (fait par un technologiste)		Rapport	Local	49,0
10515	*	C	VP				B. S. gestion	Vigie des demandes en produits sanguins (fait par un technologiste)		Résultat	Local	10,7
10531	*	C	VP				B. S. gestion	Rejet produit sanguin, tissu ou lait maternel (fait par un technologiste)		Produit final	Local	3,6
10532	*	C	VP				B. S. gestion	Emballage de produit (labile ou stable) pour usage de produit sans transfert d'inventaire		Produit	Local	15,7
10533	*	C	VP				B. S. gestion	Emballage pour expédition de produit sanguin (labile ou stable) OU retour au fournisseur		Produit	Local	10,1
10534	*	C	VP				B. S. gestion	Emballage de produits pour administration à domicile et cueillette par l'usager au CH		Usager	Local	18,1

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
10535		C	VP				B. S. gestion	Préparation et gestion des envois à Héma-Québec		Usager	Local	36,0
10700	*	C	VP				B. S. gestion	Réception de produit sanguin labile		Produit	Local	3,5
10701	*	C	VP				B. S. gestion	Réception de produit sanguin stable, tissu ou lait maternel		Produit	Local	3,5
10702	*	C	VP				B. S. gestion	Mise en quarantaine et investigation (incluant chaîne de froid et retrait)		Produit	Local	9,8
10704		C	VP				B. S. gestion	Réception don autologue		Produit	Local	18,7
10730	* T1	C	VPr				B. S. générale	Confirmation du groupe sanguin (culots globulaires)		Produit	Local	6,1
19010		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-HPA et HLA (dépistage et identification d'anticorps par Luminex)		Rapport	Supra	421,0
19030							Héma-Québec	Congélation de cellules souches autologues		Sac	Supra	1,0
19044							H-Q imm. érythrocytaire	Analyses REF envoyées à l'externe		Rapport	Supra	1,0
19045		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage érythrocytaire complet (SSO)		Rapport	Supra	387,0
19050		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-2 par SSP		Rapport	Supra	563,0
19051		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-3 par SSP		Rapport	Supra	561,0
19052		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-4 par SSP		Rapport	Supra	563,0
19053		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-5 par SSP		Rapport	Supra	563,0
19054		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-15 par SSP		Rapport	Supra	562,0
19065		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage du RhD faible type 1,2,3 et 42		Rapport	Supra	384,0
19073		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA: Locus A basse résolution (SSO Luminex)		Rapport	Supra	307,0
19075		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA: Locus B basse résolution (SSO Luminex)		Rapport	Supra	307,0
19077		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA: Locus C basse résolution (SSO Luminex)		Rapport	Supra	149,0
19080		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA: Locus DRB1 basse résolution (SSO Luminex) incluant DRB3/4/5		Rapport	Supra	298,0
19082		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage HPA-1 par SSP		Rapport	Supra	563,0
19085		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage Rh(D), Rh(D) pseudogène par SSP		Rapport	Supra	557,0
19092		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA: Locus DQA1/B1 basse résolution (SSO Luminex)		Rapport	Supra	149,0
19095		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DPA1/B1 basse résolution (SSO Luminex)		Rapport	Supra	149,0
19099							H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage R&D		Rapport	Supra	1,0
19110		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Séquençage HLA A, B, C, DRB1, DRB3/4/5, DQB1, DQA1, DPB1, DPA1 (SNG)		Rapport	Supra	451,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
19111							H-Q imm. leucocytaire	Analyses HLA envoyées à l'externe		Rapport	Supra	1,0
19302							Héma-Québec	Transport du greffon CSP au CH sur demande (par greffon retourné)		Greffon	Supra	1,0
19303		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Dosage semi-quantitatif des IgA (test R&D)		Rapport	Supra	630,0
19304		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Groupe ABO		Rapport	Supra	31,0
19305		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Groupe Rh(D)		Rapport	Supra	24,0
19306		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	ABO globulaire		Rapport	Supra	24,0
19307		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Groupe RhD 37		Rapport	Supra	38,0
19308		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Groupe RhD AGH		Rapport	Supra	39,0
19309		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO 22		Rapport	Supra	46,0
19310		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO 4		Rapport	Supra	46,0
19311		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO sérique préchauffé		Rapport	Supra	46,0
19312		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO glob Hématies lavées à chaud		Rapport	Supra	48,0
19313		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO glob hématies enzymées		Rapport	Supra	129,0
19314		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO sérique sédimentation		Rapport	Supra	29,0
19315		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO sérique préchauffé sédim		Rapport	Supra	46,0
19316		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO globulaire EGA		Rapport	Supra	113,0
19317		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO globulaire 22		Rapport	Supra	38,0
19318		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO globulaire 4		Rapport	Supra	38,0
19319		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance ABO sérum AB		Rapport	Supra	23,0
19320		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype ABO lectine A1		Rapport	Supra	24,0
19321		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype ABO lectine H		Rapport	Supra	26,0
19322		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance RhD Hématies lavées à chaud		Rapport	Supra	48,0
19323		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance RhD EGA		Rapport	Supra	137,0
19324		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance RhD 2 <sup>e</sup> source		Rapport	Supra	24,0
19325		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Discordance RhD 3 <sup>e</sup> source		Rapport	Supra	25,0
19326		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	TDA (test direct à l'antiglobuline)		Rapport	Supra	62,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
19327		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	TDA tube détaillé		Rapport	Supra	106,0
19328		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	TDA lavé à chaud		Rapport	Supra	65,0
19329		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	TDA détaillé lavé à chaud		Rapport	Supra	118,0
19330		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	676,0
19331		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire Éluat		Rapport	Supra	199,0
19332		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Test de compatibilité érythrocytaire		Rapport	Supra	150,0
19333		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Inactivation/Inhibition		Rapport	Supra	94,0
19334		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration 1 anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	184,0
19335		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration 2 anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	287,0
19336		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration 3 anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	391,0
19337		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration 4 anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	506,0
19338		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration 5 anticorps érythrocytaire		Rapport	Supra	634,0
19339		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration anticorps érythrocytaire parallèle 1 Ac (grossesse)		Rapport	Supra	427,0
19340		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration anticorps érythrocytaire parallèle 2 Ac (grossesse)		Rapport	Supra	400,0
19341		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration anticorps érythrocytaire parallèle 3 Ac (grossesse)		Rapport	Supra	526,0
19342		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Titration anticorps érythrocytaire parallèle 4 et plus Ac (grossesse)		Rapport	Supra	656,0
19343		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : C		Rapport	Supra	24,0
19344		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : E		Rapport	Supra	23,0
19345		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : c		Rapport	Supra	23,0
19346		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : e		Rapport	Supra	24,0
19347		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : K		Rapport	Supra	23,0
19348		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : S		Rapport	Supra	28,0
19349		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : s		Rapport	Supra	26,0
19350		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : Fya		Rapport	Supra	24,0
19351		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : Fyb		Rapport	Supra	25,0
19352		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : Jka		Rapport	Supra	25,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
19353		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier : Jkb		Rapport	Supra	24,0
19354		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Cw		Rapport	Supra	25,0
19355		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	phénotype régulier autres : M		Rapport	Supra	24,0
19356		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : N		Rapport	Supra	23,0
19357		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : P1		Rapport	Supra	27,0
19358		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Lea		Rapport	Supra	26,0
19359		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Leb		Rapport	Supra	26,0
19360		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : k		Rapport	Supra	28,0
19361		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Kpa		Rapport	Supra	31,0
19362		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Kpb		Rapport	Supra	39,0
19363		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Lua		Rapport	Supra	34,0
19364		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Lub		Rapport	Supra	28,0
19365		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype régulier autres : Wra		Rapport	Supra	47,0
19366	* N	C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Phénotype érythrocytaire particulier		Rapport	Supra	42,0
19367		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Traitement des hématies EGA		Rapport	Supra	162,0
19368		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire de haute fréquence		Rapport	Supra	124,0
19369		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaires différents enzyme		Rapport	Supra	333,0
19370		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire phase solide		Rapport	Supra	248,0
19371		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire technique tube		Rapport	Supra	78,0
19372		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Identification d'anticorps érythrocytaire cellules de collections		Rapport	Supra	103,0
19373		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Auto adsorption (érythrocytaire)		Rapport	Supra	326,0
19374		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Allo adsorption différentielle (érythrocytaire)		Rapport	Supra	308,0
19375		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Adsorption Rest/HPC		Rapport	Supra	415,0
19376		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Adsorption/élution (érythrocytaire)		Rapport	Supra	215,0
19377		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Test de Donath-Landsteiner		Rapport	Supra	125,0
19378		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Test d'amplitude thermique (érythrocytaire)		Rapport	Supra	195,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
19379		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-GPIIb/IIIa par MAIPA (méthode régulière)		Rapport	Supra	292,0
19380		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-GPIa/IIa par MAIPA (méthode régulière)		Rapport	Supra	292,0
19381		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-GPIb/IX par MAIPA (méthode régulière)		Rapport	Supra	298,0
19382		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-Gov par MAIPA (méthode régulière)		Rapport	Supra	298,0
19383		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-GPIIb/IIIa par MAIPA (méthode optimisée)		Rapport	Supra	187,0
19384		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Anti-GPIa/IIa par MAIPA (méthode optimisée)		Rapport	Supra	192,0
19385		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	MAIPA avec traitement du sérum		Rapport	Supra	17,0
19386							H-Q imm. plaquettaire	Analyses PLT envoyées à l'externe		Rapport	Supra	1,0
19387		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement DTT)		Rapport	Supra	168,0
19388		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement EDTA)		Rapport	Supra	168,0
19389		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement dilution)		Rapport	Supra	164,0
19391		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement DTT)		Rapport	Supra	168,0
19392		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement EDTA)		Rapport	Supra	168,0
19393		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement dilution)		Rapport	Supra	164,0
19394		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement DTT)		Rapport	Supra	450,0
19395		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement EDTA)		Rapport	Supra	449,0
19396		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe I par Luminex, pré-traitement dilution)		Rapport	Supra	435,0
19398		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement DTT)		Rapport	Supra	355,0
19399		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement EDTA)		Rapport	Supra	355,0
19400		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe II par Luminex, pré-traitement dilution)		Rapport	Supra	430,0
19402		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus A haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19403		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus B haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19404		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus C haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19405		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DRB1 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19406		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DRB3 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	358,0
19407		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DRB4 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	358,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
19408		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DRB5 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	358,0
19409		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DQA1 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	358,0
19410		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DQB1 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19411		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DPA1 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	358,0
19412		C	VPr				H-Q imm. leucocytaire	Génotypage HLA : Locus DPB1 haute résolution (SNG)		Rapport	Supra	366,0
19424		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Dépistage des anti-IgA (Test R&D)		Rapport	Supra	810,0
19425		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage CEAG par RFLP		Rapport	Supra	522,0
19426		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage Knops par RFLP		Rapport	Supra	532,0
19427		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage Yka Par SSP		Rapport	Supra	509,0
19428		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage RhD Position 48 par RFLP		Rapport	Supra	197,0
19429		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	MMA (Test R&D)		Rapport	Supra	806,0
19431		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage érythrocytaire RHD eMAP BeadChip		Rapport	Supra	263,0
19432		C	VPr				H-Q imm. plaquettaire	Génotypage plaquettaire HPA eMAP BeadChip		Rapport	Supra	423,0
19434		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage érythrocytaire RHCE eMAP BeadChip		Rapport	Supra	263,0
19436		C	VPr				H-Q imm. érythrocytaire	Génotypage érythrocytaire HEA eMAP BeadChip		Rapport	Supra	656,0
20000		C	VP				Hémato-hémostase	Agrégation plaquettaire (par agent)		Résultat	Régional	51,0
20001		C	VP				Hémato- immunologie	Alpha-2 macroglobuline (antigène)		Résultat	Supra	13,2
20003		C	VP				Hémato- immunologie	Anticardiolipine (IgG ou IgM)		Résultat	Régional	11,9
20005							Hémato- immunologie	Anticardiolipine anticorps (total)		Résultat	Régional	30,0
20006		C	VP				Hémato-hémostase	Dépistage de lupus anticoagulant avec réactif APTT sensible aux antiphospholipides (incluant correction avec pool de plasmas normaux)		Rapport	Régional	30,0
20007		C	VP				Hémato-hémostase	Anticorps anti-héparine (méthode agrégation plaquettaire)		Résultat	Supra	210,0
20008		C	VP				Hémato- immunologie	Anti Bêta-2 glycoprotéine 1 IgG ou IgM		Résultat	Régional	13,4
20009		C	VP				Hémato-hémostase	Anticorps anti-facteur Von Willebrand (anti-FVW)		Résultat	Supra	79,0
20011		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-héparine-FP4 (ELISA)		Résultat	Régional	63,0
20013		C	VP				Hémato-hémostase	Antiplasmine (activité)		Résultat	Supra	32,0
20014		C	VP				Hémato-hémostase	Antithrombine (activité)		Résultat	Régional	16,3

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20019		C	VP				Hémo- immunologie	Anti-saccharomyces IgA ou IgG (ASCA)		Rapport	Supra	23,0
20020		C	VP				Hémo- immunologie	Anti-centromere Protein B (CENP-B)		Rapport	Supra	15,4
20022		C	VP		I		Hémo-hémostase	Anticorps anti-C1 inhibiteur (ELISA)		Rapport	Supra	152,0
20040		C	VP				Hémo-hémostase	Agrégation plaquettaire induite par la ristocétine (RIPA)		Résultat	Régional	47,0
20044		C	VP				Hémo-hémostase	Cryofibrinogène		Résultat	Régional	9,9
20060		C	VP				Hémo-hémostase	D-Dimère (semi-quantitatif ou qualitatif ou sur lame)		Résultat	Local	24,0
20061		C	VPr				Hémo-hémostase	D-Dimère (ELISA)		Résultat	Local	29,0
20062		C	VPr				Hémo-hémostase	D-Dimère (automatisé)		Résultat	Local	10,1
20064		C	VP				D. mol. hémo- greffe	HLA-B27		Rapport	Supra	43,0
20080		C	VP				Hémo-hémostase	Facteur de coagulation (II, V, VII, VIII, IX, X, XI et XII) (activité)		Résultat	Régional	14,3
20086							Hémo-hémostase	Facteur VII (antigène)		Résultat	Supra	27,0
20088		C	VPr				Hémo-hémostase	Facteur Von Willebrand (activité) (VWF:GPIbM ou VWF:GPIbR ou VWF:Rco ou VWF:Ab)		Résultat	Régional désigné	16,0
20089		C	VP				Hémo-hémostase	Facteur Von Willebrand (antigène)		Résultat	Régional	12,4
20090		C	VP				Hémo-hémostase	Facteur Von Willebrand (multimères)		Rapport	Supra	212,0
20092							Hémo-hémostase	Facteur X (antigène)		Résultat	Supra	30,0
20098		C	VP				Hémo-hémostase	Facteur XIII (activité) (quantitatif)		Résultat	Supra	69,0
20101		C	VP				Hémo-hémostase	Fibrinogène (antigène)		Résultat	Supra	158,0
20102		C	VP				Hémo-hémostase	Fibrinogène (activité)		Résultat	Local	4,2
20103		C	VP				Hémo-hémostase	Fonction plaquettaire à la luminescence (par agent)		Résultat	Régional	76,0
20106		C	VP				Hémo-hémostase	Facteur XIII (test de solubilité)		Résultat	Régional	16,9
20107		C	VP				Hémo-hémostase	ADAMTS-13 - activité (dosage quantitatif)		Résultat	Supra	251,0
20108							Hémo-hémostase	Anti-IIa-activité (dosage quantitatif) (Dabigatran)		Résultat	Régional	27,0
20109							Hémo-hémostase	Anti-Xa-activité (dosage quantitatif) (Rivaroxaban)		Résultat	Régional	55,0
20110		C	VP				Hémo-hémostase	Anticorps anti-facteur XIII (ELISA)		Résultat	Supra	152,0
20111							Hémo-hémostase	Facteur XIII (sous-unité A) (dosage quantitatif) (ELISA)		Résultat	Supra	35,0
20113		C	VP		I		Hémo-hémostase	Anti-Xa-activité (dosage quantitatif) (Édoxaban)		Résultat	Régional	227,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20114					I		Héмато-hémostase	Facteur I antigénique (ELISA) (quantitatif)		Résultat	Supra	90,0
20115					I		Hémato-hémostase	Anti-Xa-activité (dosage quantitatif) (Apixaban)		Résultat	Régional	30,0
20116		C	VP		I		Hémato-hémostase	Anticorps anti-facteur H (ELISA)		Résultat	Supra	69,0
20118		C	VP		I		Hémato-hémostase	Facteur IX (détermination de la concentration) (méthode chromogène)		Rapport	Supra	133,0
20122		C	VP		I		Hémato-hémostase	Facteur VIII (détermination de la concentration) (méthode chromogène)		Rapport	Supra	50,0
20130							Hémato-hémostase	Héparine anti-Xa		Résultat	Local	22,0
20140		C	VP				Hémato-hémostase	Inhibiteur de facteur de la coagulation (dépistage)		Résultat	Supra	88,0
20141		C	VP				Hémato-hémostase	Inhibiteur de facteur de la coagulation quantitatif (dosage Bethesda)		Résultat	Supra	134,0
20142		C	VP				Hémato-hémostase	Inhibiteur de facteur VIII porcine quantitatif (dosage Bethesda)		Résultat	Supra	204,0
20143		C	VP				Hémato-hémostase	Anticorps anti-facteur VIII (ELISA)		Rapport	Supra	14,0
20144		C	VP				Hémato-hémostase	Anticorps anti-facteur IX (ELISA)		Rapport	Supra	14,0
20145		C	VP				Hémato-hémostase	Anticorps anti-glucocerebrosidase (ELISA)		Rapport	Supra	152,0
20146		C	VP				Hémato-hémostase	ADAMTS-13 - antigène (dosage quantitatif) (ELISA)		Rapport	Supra	139,0
20147		C	VP		I		Hémato-hémostase	Anticorps anti-ADAMTS-13 (ELISA)		Rapport	Supra	71,0
20160		C	VP				Hémato-hémostase	Kaolin clotting time (KCT)		Rapport	Régional	47,0
20170		C	VP				Hémato-hémostase	Lyse des euglobulines		Rapport	Supra	122,0
20189							Hémato-hémostase	Inhibiteur de l'activateur du plasminogène (PAI-1) (antigène)		Rapport	Supra	55,0
20190		C	VP				Hémato-hémostase	Inhibiteur de l'activateur du plasminogène (PAI-1) (activité)		Résultat	Supra	53,0
20191		C	VP				Hémato-hémostase	Plasminogène (activité)		Résultat	Supra	44,0
20194		C	VP				Hémato-hémostase	Prékallicréine (activité)		Résultat	Supra	18,7
20196		C	VP				Hémato-hémostase	Protéine C (activité)		Résultat	Régional	13,2
20197							Hémato-hémostase	Protéine C (antigène)		Résultat	Régional	21,0
20198		C	VP				Hémato-hémostase	Protéine S (activité)		Résultat	Régional	10,2
20199		C	VP				Hémato-hémostase	Protéine S libre (antigène)		Résultat	Régional	55,0
20202		C	D		I		Hémato-hémostase	Dosage du sC5b-9		Rapport	Supra	72,0
20220		C	VP				Hémato-hémostase	Résistance à la protéine C activée		Résultat	Régional	19,3

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20221		C	VP				Héмато-hémostase	Résistance à la protéine C activée (avec calcul de 3 ratios)		Résultat	Régional	40,0
20238		C	VP				Hémato-hémostase	Thromboélastographie ( <i>platelet mapping</i> )		Rapport	Supra	371,0
20240							Hémato-hémostase	Temps de céphaline activé (TCA) ou temps de thrombine (TT) ou temps de prothrombine (temps de Quick) (INR) sur mélange 50/50		Rapport	Local	3,4
20241		C	VP				Hémato-hémostase	Temps de céphaline activé ou temps de céphaline + activateur (TCA)		Résultat	Local	2,5
20242		C	D, VP				Hémato-hémostase	Temps de céphaline ou temps de thrombine ou temps de prothrombine après neutralisation de l'héparine		Résultat	Local	12,6
20243		C	VP				Hémato-hémostase	Temps de prothrombine (temps de Quick) (INR) incluant fibrinogène dérivé		Résultat	Local	2,4
20244		C	VP				Hémato-hémostase	Temps de reptilase		Résultat	Supra	11,3
20245		C	D, VP				Hémato-hémostase	Temps de saignement in vitro (par agent) (PFA-100, PFA-200)		Résultat	Local	30,0
20246		C	VP				Hémato-hémostase	Temps de saignement in vivo		Résultat	Local	87,0
20247		C	VP <sub>r</sub>				Hémato-hémostase	Temps de Stypven dilué (DRVVT ou temps de Russell) (incluant confirmation)		Rapport	Régional	12,8
20248		C	VP				Hémato-hémostase	Temps de thrombine (TT)		Résultat	Local	3,7
20249							Hémato-hémostase	Test de liaison du FVW au collagène		Résultat	Supra	92,0
20250		C	VP				Hémato-hémostase	Test de liaison du FVIII au FVW		Résultat	Supra	21,0
20251		C	VP				Hémato-hémostase	Test de neutralisation par les phospholipides (PNP)		Rapport	Régional	9,8
20254		C	VP				Hémato-hémostase	Thromboélastographie		Rapport	Régional	65,0
20255		C	D, VP				Hémato-hémostase	Activateur tissulaire du plasminogène ( <i>antigène</i> ) (tPA)		Résultat	Supra	302,0
20259		C	VP, H				Hémato-hémostase	Confirmation de lupus anticoagulant par mesure de l'APTT après neutralisation par des phospholipides en phase hexagonale		Résultat	Régional désigné	39,0
20300		C	VP				Prélèvements	Assistance à l'infusion de CPH/DLI (excluant déplacement)		Sac	Supra	13,1
20303		C	VP		I		Hémato-hémostase	Ecarin clotting test (ECT)		Rapport	Régional désigné	213,0
20304		C	D, VP		I		Hémato-hémostase	Dosage des anticorps thérapeutiques anti-complément C5		Rapport	Supra	355,0
20320		C	VP				Hémato-cytologie	Décompte manuel des liquides		Rapport	Local	47,0
20321		C	D, VP <sub>r</sub>				Hémato-cytologie	Différentielle manuelle avec cytopsin		Rapport	Local	32,0
20342		C	VP				Hémato-cytologie	Éosinophiles (sécrétions nasales ou urine)		Résultat	Local	20,0
20358		C	VP				Hémato-cytologie	Décompte automatisé (liquides biologiques autres que le sang)		Rapport	Local	11,8
20360		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Falciformation (test de) Thiosulfite		Résultat	Régional	57,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20361	*	C	VP				Hémato-cytologie	Formule sanguine complète (FSC) ou Hb-Ht-Plaq. automatisée		Rapport	Local	2,2
20362	*	C	VPr				Hémato-cytologie	Formule différentielle (manuelle) (incluant coloration)		Rapport	Local	13,5
20363	*	C	VP				Hémato-cytologie	Évaluation globules rouges et plaquettes (frottis d'orientation) (incluant coloration)		Rapport	Local	7,2
20364	*	C	VP				Hémato-cytologie	Formule sanguine complète (FSC) ou Hb-Ht-plaq. micro-méthode (automatisé)		Rapport	Local	2,9
20380	*	C	VP				Hémato-cytologie	Leucocytes (sang) (manuel)		Résultat	Local	8,3
20381		C	VP				Hémato-cytologie	Sédimentation automatisée		Résultat	Local	3,3
20390		C	VP				Hémato-immunologie	Haptoglobine		Résultat	Régional	5,1
20391		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine plasmatique (excluant bandelette)		Résultat	Régional	14,8
20430		C	VP				Hémato-cytologie	Moelle osseuse (différentielle manuelle faite par un technologiste médical incluant la lecture de 2 lames)		Rapport	Régional	89,0
20450		C	VP				Hémato-cytologie	Plaquettes (sang) (manuel)		Résultat	Local	33,0
20470		C	VP				Hémato-cytologie	Réticulocytes (automatisé)		Résultat	Local	2,6
20471		C	VP				Hémato-cytologie	Réticulocytes (manuel)		Résultat	Local	7,0
20472		C	VP				Hémato-cytologie	Réticulocytes (semi-automatisé incluant prétraitement)		Résultat	Local	11,4
20490		C	VP				Hémato-cytologie	Sédimentation manuelle		Résultat	Local	3,7
20494		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Falciformation (test de) métabisulfite		Résultat	Régional	15,6
20574		C	VPr				Hémato-greffe	Réception des unités de CPH ou DLI fraîches		Greffon	Supra	308,0
20575		C	H, VPr				Hémato-greffe	Réception des unités de CPH ou DLI cryo		Greffon	Régional désigné	416,0
20580		C	VPr				Hémato-greffe	Évaluation des greffons de CPH (ou CT) frais (de l'interne ou de l'externe)		Greffon	Supra	331,0
20582		C	VPr				Hémato-greffe	Cryopréservation de CPH (auto ou allo) 1 <sup>er</sup> sac		sac	Supra	1156,0
20583		C	VPr				Hémato-greffe	Cryopréservation de CPH apherèse (auto et allo) sac supplémentaire		sac	Supra	114,0
20585		C	VPr				Hémato-greffe	Décongélation d'un greffon		sac	Régional désigné	1021,0
20588		C	VPr				Hémato-greffe	Ajustement de la concentration du greffon par dilution		Greffon	Régional désigné	497,0
20590		C	VPr				Hémato-greffe	Filtration du greffon		Greffon	Régional désigné	211,0
20592		C	VPr				Hémato-greffe	Distribution des greffons de CPH à l'unité de soin		Greffon	Régional désigné	247,0
20593		C	VPr				Hémato-greffe	Distribution et assistance à l'infusion d'un greffon cryopréservé à l'unité de soin (1 <sup>er</sup> sac)		sac	Régional désigné	590,0
20594		C	VPr				Hémato-greffe	Distribution et assistance à l'infusion d'un greffon cryopréservé à l'unité de soin (sac supplémentaire)		sac	Régional désigné	154,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20598		C	VPr				Hémato-greffe	Envoi de greffons frais ou cryopreservés à l'extérieur du centre hospitalier (1 <sup>er</sup> sac)		sac	Régional désigné	308,0
20599		C	VPr				Hémato-greffe	Envoi de greffons frais ou cryopreservés à l'extérieur du centre hospitalier (sac supplémentaire)		sac	Régional désigné	64,0
20603		C	VP				Hémato-greffe	Réduction plasmatique, volume ou érythrocytaire d'un greffon avec Sepax		Rapport	Supra	2108,0
20615		C	VPr				Hémato-greffe	Habillage avec un équipement de protection individuelle (EPI) pour salle blanche et niveau grade B		Greffon	Supra	108,0
20620		C	VP				Hémato-greffe	Cryopréservation de CD3 ou CD34 ou MNC (aliquot)		Spécimen	Supra	192,0
20622		C	VP				Hémato-greffe	Culture cellulaire complète de progéniteurs hématopoïétiques : aspiration de moelle osseuse ou sang		Spécimen	Supra	824,0
20628		C	VP				Hémato-greffe	Culture cellulaire de progéniteurs hématopoïétiques : unités de CPH (aphérèse, moelle osseuse, sang de cordon)		Spécimen	Supra	192,0
20629		C	VP				Hémato-greffe	Culture cellulaire de BFU-E avec et sans érythropoïétine		Spécimen	Supra	513,0
20640		C	VP				Hémato-greffe	Centrifugation de CPH		Centrifugation	Supra	79,0
20641		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Inactivation du complément à 56°C		Spécimen	Supra	4,2
20647	*	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Isolement de cellules mononucléées par centrifugation sur gradient de densité		Spécimen	Supra	68,0
20649		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Énumération de cellules progénitrices hématopoïétiques (CD34)		Rapport	Supra	120,0
20651		C	VP				Hémato-greffe	Préparation de gouttes ophtalmiques autologues pour sécheresse oculaire		Usager	Régional désigné	290,0
20663		C	VPr				Hémato-greffe	Sélection négative des cellules TCRab+ et CD19+ avec billes magnétiques sur CliniMacs		Rapport	Supra	32 226
20664		C	VP				Hémato-immunologie	Anti-cytoplasme des neutrophiles ANCA		Rapport	Supra	42,0
20665	*	C	VP				Hémato-greffe	Sélection + ou - de cellules du sang ou de la moelle osseuse avec microbilles		Spécimen	Supra	222,0
20667		C	VPr				Hémato-greffe	Sélection positive simple des cellules CD34+ avec billes magnétiques sur CliniMacs		Rapport	Supra	17 166,0
20668		C	VPr				Hémato-greffe	Sélection positive double des cellules CD34+ avec billes magnétiques sur CliniMacs		Rapport	Supra	30 475,0
20669		C	VP		I		Micro-imm-séro.	Hépatite B (HBsAg); dosage immunologique microparticulaire par chimiluminescence (CMIA) (quantitatif)		Résultat	Supra	38,0
20670		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite A (VHA) IgM spécifique		Résultat	Régional	16,7
20671		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite A (VHA) IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	11,1
20672		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (anticorps antigène de surface) (anti-HBs) IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	7,8
20673		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (anti-HBc) IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	7,8
20674		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (anti-HBc) IgM spécifique		Résultat	Régional	11,9
20675		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (anti-HBe) IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	9,4

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20676		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (antigène de surface) (HbsAg)		Résultat	Local	8,3
20677		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite B (HbeAg) (antigène)		Résultat	Régional	8,5
20678		C	VP				Micro-imm-séro.	Hépatite C (anti-VHC) IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	9,8
20680		C	VP				Hémato- immunocytométrie	Activation des neutrophiles		Rapport	Supra	199,0
20682		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-ADN (ELISA)		Résultat	Régional	6,5
20683		C	VPr				Hémato- immunologie	Anti-ADN (immunofluorescence) ( <i>Critidia luciliae</i> )		Résultat	Régional	26,0
20684		C	D, VPr				Hémato- immunologie	Anti-cellules pariétales, anti-mitochondries et anti-muscle lisse		Rapport	Régional	17,9
20686		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-cochlée		Rapport	Supra	66,0
20691		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-facteur intrinsèque		Rapport	Régional	8,9
20694		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-histone (ELISA)		Résultat	Supra	6,6
20696		C	VPr				Hémato- immunologie	Anti-îlots de Langherans		Rapport	Supra	18,4
20698		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-Jo-1		Résultat	Régional	14,3
20699		C	H, VPr				Hémato- immunologie	Anti-LKM (anti-liver kidney microsomes)		Rapport	Régional désigné	14,1
20701		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-membrane basale glomérulaire		Résultat	Régional	13,2
20704		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-muscle strié		Rapport	Supra	41,0
20705		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-myélopéroxydase (anti-MPO)		Résultat	Régional	6,5
20709		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-protéinase 3 (anti-PR3)		Résultat	Régional	6,6
20710		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-ribonucléoprotéines (RNP)		Résultat	Régional	6,9
20711		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-Scl 70 (topoisomérase)		Résultat	Régional	7,9
20712		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-Sm		Résultat	Régional	6,5
20713		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-SSA (Ro)		Résultat	Régional	7,5
20714		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-SSB (La)		Résultat	Régional	6,7
20716		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-surrénaux		Rapport	Supra	38,0
20717		C	D, VPr				Hémato- immunologie	Anti-nucléaires (ANA, par immunofluorescence)		Rapport	Régional	11,0
20718		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-peptides cycliques citrulinés (Anti-CCP)		Résultat	Régional	14,7
20719		C	VP				Hémato- immunologie	Anti-nucléaires (ENA) (dépistage par ELISA)		Résultat	Régional	9,3

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20720		C	VP				Hémato-immunologie	Anti-réticuline		Rapport	Régional	36,0
20721		C	VP				Hémato-immunologie	Anti-bordure en brosse		Rapport	Régional	36,0
20722		C	VP				Hémato-immunologie	Anti-canalicule biliaire		Rapport	Régional	36,0
20724		C	VP				Hémato-immunologie	Anti-endomysium		Rapport	Supra	33,0
20725		C	VPr				Hémato-immunologie	Anti-membrane basale cutanée et anti-substance intercellulaire		Rapport	Supra	46,0
20765		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine chromatographie		Rapport	Régional	13,8
20768		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Compatibilité cellulaire par cytométrie en flux (Flow x-match)		Résultat	Supra	343,0
20769		C	VP				Hémato-immunologie	Composantes du complément (activité)		Résultat	Supra	178,0
20771		C	VP				Hémato-immunologie	Complément sérique total (CH50) (activité)		Résultat	Régional désigné	11,7
20773		C	H, VP				Hémato-érythrocytaire	Corps de Heinz		Résultat	Supra	16,7
20774		C	VP				Hémato-immunologie	Cryoglobulines (qualitatif)		Rapport	Local	22,0
20775		C	VP				Hémato-immunologie	Cryoglobulines (quantitatif)		Rapport	Régional	134,0
20776		C	VP				Hémato-immunologie	Complément C3 (antigène)		Résultat	Local	7,2
20777		C	VP				Hémato-immunologie	Complément C4 (antigène)		Résultat	Local	7,2
20778		C	VP				Hémato-immunologie	Activation des TLR(2, 4) par clivage du CD62L		Rapport	Supra	450,0
20781		C	VP				Hémato-immunologie	Fas Ligand (dosage) (sérique)		Rapport	Supra	11,5
20800		C	VP				Hémato-greffe	Déplétion plasmatique ou érythrocytaire par centrifugation de CPH et évaluation		Centrifugation	Supra	79,0
20820	*	C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine électrophorèse (agarose ou capillaire)		Rapport	Régional	25,0
20825		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Enzymes érythrocytaires (par enzyme) (G6PD, 6PGD, PK, HX, GPI)		Résultat	Régional	50,0
20827							Hémato-érythrocytaire	Érythropoïétine (quantitatif)		Résultat	Supra	21,0
20828		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Estérasas non spécifiques		Rapport	Régional	31,0
20829		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Estérasas spécifiques		Rapport	Régional	44,0
20850		C	VP				Hémato-immunologie	Complément Facteur B (antigène)		Résultat	Supra	199,0
20852		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Fer médullaire (Bleu de Prusse)		Rapport	Régional	16,2
20899		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-A, -B, -C, -DR, -DQ, -DP (génotypage) (qPCR)		Rapport	Supra	360,0
20900		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine (électrophorèse des chaînes de globine)		Rapport	Régional	9,9

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20902		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine A2		Résultat	Régional	21,0
20918		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DRB1 (génotypage) (SSP-haute résolution)		Résultat	Supra	303,0
20928		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DQB1 (génotypage) (SSP-basse résolution)		Résultat	Supra	118,0
20929		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DQB1 (génotypage) (SSP-haute résolution)		Résultat	Supra	214,0
20932		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DRB1 (génotypage) (SSP-basse résolution)		Rapport	Supra	120,0
20935		C	VP				Hémato-immunocytométrie	HLA-B27, marqueur de surface		Résultat	Régional	28,0
20941		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-A ou -B ou -C (génotypage) (SSP-haute résolution)		Résultat	Supra	329,0
20942		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-A ou -B ou -C (génotypage) (SSP-basse résolution)		Résultat	Supra	118,0
20949		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DPB1 (génotypage) (SSP-haute résolution)		Résultat	Supra	165,0
20950						TC	D. mol. hémato-greffe	HLA-A ou -B ou -C (génotypage) (SSO haute résolution)		Résultat	Supra	112,0
20952		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DPA1/DPB1 (génotypage) (SSO basse résolution)		Rapport	Supra	57,0
20953							D. mol. hémato-greffe	HLA-DQA1/DQB1 (génotypage) (SSO basse résolution)		Rapport	Supra	79,0
20954		C	VP				D. mol. hémato-greffe	HLA-DRB1 (génotypage) (SSO haute résolution)		Résultat	Supra	57,0
20956							D. mol. hémato-greffe	HLA-DRB3/4/5 (génotypage) (SSO basse résolution)		Résultat	Supra	79,0
20958		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Marqueurs de surface lymphocytaire T (CD3/4/8/45)		Rapport	Régional	47,0
20959		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Marqueurs de surface lymphocytaire T-B-NK (CD3/4/8/19/16+56/45)		Rapport	Régional	120,0
20961		C	VP				Hémato-immunologie	Complément-Inhibiteur du C1 (antigène)		Résultat	Supra	14,3
20962		C	VP				Hémato-immunologie	Facteur C3 néphritique (activité) (C3NEF)		Résultat	Supra	430,0
20966		C	VP				Hémato-immunologie	Complément-Inhibiteur du C1 (activité)		Résultat	Supra	48,0
20968		C	VPr				D. mol. hémato-greffe	HLA-A ou -B ou -C ou -DRB1 ou -DQB1 (génotypage) (SNG) (haute résolution)		Rapport	Supra	905,0
20969	*	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des syndromes lymphoprolifératifs NK (panel complet NK-CLPD)		Rapport	Supra	276,0
20971		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Anti-HLA spécificité classe I		Rapport	Supra	201,0
20972		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Anti-HLA spécificité classe II		Rapport	Supra	174,0
20973	*	C	VP			TC	Hémato-immunocytométrie	Panel maladie résiduelle minimale de la LLA-B (panel MRD LLA-B)		Rapport	Supra	448,0
20974	*	C	H, VPr				Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des syndromes lymphoprolifératifs B (panel complet B-CLPD)		Rapport	Régional désigné	307,0
20975	*	C	H, VPr				Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des leucémies lymphoïdes aiguës B (panel complet LLA-B)		Rapport	Régional désigné	509,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
20976	*	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des leucémies lymphoïdes aiguës T (panel complet LLA-T)		Rapport	Supra	322,0
20977	*	C	H, VPr			TC	Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des leucémies myéloïdes aiguës/SMD (panel complet LMA/SMD)		Rapport	Régional désigné	391,0
20978	*	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Marquage de surface ou intracellulaire (par marqueur)		Résultat	Régional	11,5
20979	*	C	H, VPr				Hémato-immunocytométrie	Panel des dyscrasies plasmocytaires (myélome multiple) (panel PCD)		Rapport	Régional désigné	180,0
20983		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Moelle osseuse (coloration)		Usager	Local	4,4
20993		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Moelle osseuse (fixation sans coloration)		Usager	Local	3,1
20994		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Prolifération des lymphocytes T (PHA)		Rapport	Supra	227,0
20995							Hémato-immunologie	Activation du complément		Résultat	Régional	21,0
20996		C	VP				Hémato-immunologie	Complément C1q (antigène)		Résultat	Supra	43,0
20997		C	VP				Hémato-immunologie	Complément-Facteur H (antigène)		Résultat	Supra	135,0
20998		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Isolement lymphocytes T ou B du sang total par sélection négative		Rapport	Supra	89,0
20999		C	VP			TC	Hémato-immunologie	Maladie de Devic (neuromyélite optique) (anti-NMO) (immunofluorescence)		Résultat	Supra	107,0
21000		C	VP				Hémato-immunologie	Myosite détection anti antigène (Mi-2a, Mi-2b, Ku, Pm-Sc1-100, SRP, Pm-Sc1-75, Jo-1 (Myos), Pl-7, Pl-12, EJ, OJ, Ro-52, MDA-5, TIFgamma, NXP2, SAE1)		Rapport	Supra	72,0
21002		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Recherche d'hémoglobine fœtale (cytométrie de flux)		Rapport	Supra	24,0
21004		C	VP				Dépistage néonatal	Marqueurs de surface lymphocytaire T-B-NK (CD3/4/8/19/16+56/45RA/45RO, CD31) – analyse de confirmation du SCID		Rapport	Supra	92,0
21005		C	VP		I		Hémato-immunologie	Sclérodémie systémique (ScS); Détection d'IgG dirigés contre 7 antigènes (Scl-70, CENP-A, CENP-B, RP11, RP155, fibrillarine, Th/To) (Immunobuvardage)		Rapport	Supra	56,0
21020		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Periodic Acid Schiff (P.A.S.)		Rapport	Régional	18,9
21023		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Myéloperoxydase		Rapport	Régional	15,6
21026		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Phosphatase alcaline intra-leucocytaire		Rapport	Régional	30,0
21028		C	VP				D. mol. hémato-greffe	Analyse du chimérisme (STR) pré ou post greffe (TAAN)		Rapport	Supra	173,0
21030		C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Anti-HLA Dépistage (FLOW-PRA) (par classe)		Rapport	Supra	118,0
21033	*	C	H, VPr			TC	Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation des syndromes lymphoprolifératifs T (panel complet T-CLPD)		Rapport	Régional désigné	729,0
21034	*	C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Tube d'orientation des leucémies aiguës (tube ALOT)		Rapport	Régional désigné	132,0
21035	*	C	VPr				Hémato-immunocytométrie	Tube de dépistage des cellules lymphoïdes (syndromes lymphoprolifératifs) (tube LST)		Rapport	Régional désigné	129,0
21036	*	C	VP				Hémato-immunocytométrie	Tube pour spécimen pauvre en cellules (liquide céphalorachidien et liquide vitreux) (tube SST)		Rapport	Supra	185,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
21037		C	VP		I		Hémato-immunocytométrie	Lymphohistiocytose hémophagocytaire (LHH); Dégranulation des cellules NK (marqueur CD107a)		Rapport	Supra	840,0
21038	*						Hémato-immunocytométrie	Panel de caractérisation (Euroflow ou équivalent) (par tube)		Tube	Régional désigné	78,0
21060		C	VP		I		Hémato-immunocytométrie	Phosphorylation / déphosphorylation de STAT1		Rapport	Supra	349,0
21061		C	VP		I		Hémato-immunocytométrie	Phosphorylation / déphosphorylation de STAT3		Rapport	Supra	375,0
21062		C	VP		I		Hémato-immunocytométrie	Phosphorylation / déphosphorylation de STAT5		Rapport	Supra	426,0
21072		C	VP				Hémato-cyto-chimie	Soudan noir B		Rapport	Régional	16,9
21094		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Transformation lymphoblastique		Rapport	Supra	490,0
25002		C	VP				D. mol. hématologie	Alpha-thalassémie; <i>HBA1</i> , <i>HBA2</i> (- $\alpha$ 3.7/ $\alpha$ , - $\alpha$ 4.2/ $\alpha$ , - $\alpha$ 20.5/ $\alpha$ , --SEA/ $\alpha$ , --MED/ $\alpha$ , --FIL/ $\alpha$ , --THAI/ $\alpha$ )		Rapport	Supra	212,0
25004		C	VP			TC	D. mol. hématologie	Analyse mutationnelle du domaine kinase de la protéine de fusion BCR-ABL (séquençage)		Rapport	Supra	232,0
25007		C	VP				Hémato-immunocytométrie	Sphérocytose héréditaire; éosine-5'-maléimide (EMA) (cytométrie en flux)		Rapport	Supra	253,0
25009		C	VP				D. mol. hématologie	Facteur VII (séquençage)		Rapport	Supra	427,0
25011		C	VP, D				D. mol. hématologie	Recherche de mutations dans les gènes de l'hémoglobine associés à l'anémie falciforme et à la bêta-thalassémie ( <i>HBB</i> ) (séquençage)		Rapport	Supra	584,0
25017		C	VP				D. mol. hématologie	Désordre plaquettaire québécois; gène <i>PLAU</i> (duplication) (TAAN)		Rapport	Supra	63,0
25019		C	VP				D. mol. hématologie	Élément de réponse au fer (IRE) du gène L-Ferritine ( <i>FTL</i> ) (séquençage)		Rapport	Supra	218,0
25021		C	VP				D. mol. hématologie	Facteur V Leiden (TAAN)		Résultat	Supra	38,0
25024		C	VP				D. mol. hématologie	Hémoglobine S diag. porteuse et diag. prénatal (séquençage)		Rapport	Supra	468,0
25026		C	VP				D. mol. hématologie	Hémophilie A Facteur VIII; inversion intron 22 (IVS22 inv) (TAAN)		Rapport	Supra	642,0
25028		C	VP				D. mol. hématologie	Hémophilie A ou B (diagnostic de porteuses et prénatal, mutation connue) (séquençage)		Rapport	Supra	476,0
25037		C	VP	R	I		D. mol. hématologie	Diagnostic et stratification pronostique des hémopathies malignes (cartographie optique du génome (COG))		Rapport	Supra	1046,0
25040		C	VP				D. mol. hématologie	Mutation c.20210G>A de la prothrombine (TAAN)		Rapport	Supra	35,0
25044		C	VP				D. mol. hématologie	Mutation de la protéine C; 3363insC (commun aux Canadiens français) (TAAN)		Résultat	Supra	87,0
25046		C	VP				D. mol. hématologie	Mutation de la protéine C; mutations individuelles Arg178Gln ou Thr298Met (commun aux Canadiens français) (TAAN)		Résultat	Supra	87,0
25047		C	VP		I		D. mol. hématologie	Détection de la mutation D816V du gène <i>KIT</i> (TAAN)		Rapport	Supra	70,0
25054		C	VP				D. mol. hématologie	Angioedème (détection de 5 variations génétiques : APP g.2953-3127del et c.-2399C > A, ACE I/D, PAI-1 c.-817dupG, FXII c.1032C > A et c.1032C > G) (TAAN)		Rapport	Supra	539,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
25056		C	VP				D. mol. hématologie	Protéine C (séquençage)		Rapport	Supra	629,0
25060		C	VP				D. mol. oncologie	Thiopurine méthyltransférase (TPMT) enzyme (TPMT*2 (Gly238Cys), TPMT*3A (Gly460Ala et A719G), TPMT*3B (Gly460Ala), et TPMT*3C (Ala719Gly) (TAAN)		Résultat	Supra	70,0
25080		C	VP	R	I		D. mol. hématologie	Hémophilie A et maladie de von Willebrand (gènes <i>F8</i> et <i>VWF</i> ) (SNG)		Rapport	Supra	665,0
30005		C	VPr				Bio-clinique	Bêta-hydroxybutyrate (sang total)		Résultat	Local	8,9
30008		C	VP				Bio-clinique	Acide delta aminolévulinique (delta-ALA) (HPLC)		Résultat	Supra	483,0
30009		C	VP				Bio-clinique	Acide folique (folates)		Résultat	Régional	3,9
30010	*						Bio-clinique	Acide lactique (colorimétrique)		Résultat	Local	4,3
30011		C	VPr				Bio-médicament	Acide mycophénolique incluant glucuronides		Rapport	Supra	41,0
30012		C	VP				Bio-clinique	Acide pyruvique (dosage seulement)		Rapport	Supra	33,0
30013							Bio-clinique	Acide urique		Résultat	Local	0,6
30016							Bio-clinique	Alanine amino-transférase (ALT)		Résultat	Local	0,6
30017							Bio-clinique	Albumine		Résultat	Local	0,6
30018	*	C	VP				Bio-toxico.	Alcools (éthanol, méthanol, éthylène glycol, isopropanol, acétone, N-propanol, 1,2-butanediol) (quantitatif)		Résultat	Régional	75,0
30019		C	VP				Bio-clinique	Aldolase		Résultat	Supra	11,0
30020		C	H, VPr				Bio-hormone	Aldostérone (sérique)		Résultat	Régional désigné	15,7
30021		C	VP				Bio-hormone	Aldostérone (urinaire)		Résultat	Supra	61,0
30022	*	C	VPr				Bio-clinique	Alpha foetoprotéine (AFP)		Résultat	Régional	7,5
30028		C	VP				Bio-toxico.	Aluminium		Résultat	Supra	54,0
30029		C	VP				Bio-clinique	Ammoniac		Résultat	Local	5,4
30030							Bio-clinique	Amylase totale		Résultat	Local	0,6
30032		C	VP				Bio-clinique	Amylase pancréatique		Résultat	Local	2,2
30034		C	VP				Bio-hormone	Androstènedione		Résultat	Régional désigné	10,6
30035		C	VP				Bio-immuno.	Anti-21 hydroxylase		Résultat	Supra	58,0
30038							Bio-clinique	Antigène carcino-embryonnaire (CEA)		Résultat	Local	4,4
30039		C	VP				Bio-clinique	Antigène prostatique spécifique (PSA)		Résultat	Local	4,6

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30040		C	VP				Bio-immuno.	Anti-gliadines (IgA)		Rapport	Régional	13,2
30041		C	VP				Bio-immuno.	Anti-gliadines (IgG)		Résultat	Régional	13,2
30044		C	VP			TC	Bio-immuno.	Anti-récepteur acétylcholine (AChR)		Résultat	Supra	55,0
30045		C	VP				Bio-immuno.	Anti-récepteur de la thyrotropine (TSI)		Résultat	Régional désigné	44,0
30047		C	VP				Bio-immuno.	Anti-thyroglobuline		Résultat	Régional	11,4
30048							Bio-immuno.	Anti-thyropéroxydase (anti-TPO)		Résultat	Régional	5,7
30049		C	VP				Bio-immuno.	Anti-transglutaminase		Résultat	Régional	10,3
30052		C	VP				Bio-clinique	Apolipoprotéine AI		Résultat	Régional	8,1
30054		C	VP				Bio-clinique	Apolipoprotéine B		Résultat	Régional	4,2
30060							Bio-clinique	Aspartate amino-transférase (AST)		Résultat	Local	0,6
30065							Bio-clinique	Alpha-1-antitrypsine (sérique)		Résultat	Régional	7,0
30068		C	VP			TC	Bio-immuno.	Anti-acide glutamique décarboxylase (GAD) (sérique)		Résultat	Supra	11,8
30069	*	C	VP				Bio-EBMD	Gestion des EBMD		Résultat	Local	0,5
30070	*	C	VP				Bio-EBMD	Glucose par glucomètre		Résultat	Local	3,1
30072							Bio-EBMD	Entretien d'un appareil de gaz sanguin hors laboratoire (évaluation complète incluant nettoyage et contrôle)		Instrument	Local	31,0
30073		C	VP				Bio-médicament	Léflunomide (Arava®)		Résultat	Supra	48,0
30075		C	VP				Bio-clinique	Vert d'indocyanine (épreuve au)		Résultat	Supra	177,0
30076	*	C	VP				Bio-clinique	Acide lactique (par électrode spécifique)		Résultat	Local	2,8
30077		C	VP				Bio-hormone	Bloc surrénalien (prégnérolone, 17-OH prégnérolone, 17-OH progestérone et 11-désoxycortisol)		Rapport	Supra	69,0
30078		C	VP				Bio-clinique	Procalcitonine		Résultat	Local	19,8
30079		C	VP				Bio-clinique	Urine (examen microscopique) (automatisé)		Rapport	Local	2,5
30080		C	VP				Bio-clinique	Bêta-2 microglobuline (β2-M)		Résultat	Régional	6,9
30081		C	VP				Bio-clinique	Bêta-2 Transferrine (LCR et sérum)		Rapport	Supra	290,0
30082		C	VPr				Bio-clinique	Bêta-Hydroxybutyrate (sérique)		Résultat	Local	11,6
30083							Bio-clinique	Bilirubine directe (conjuguée)		Résultat	Local	0,6
30084							Bio-clinique	Bilirubine totale		Résultat	Local	0,6

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30086		C	VP				Bio-clinique	Bandes oligoclonales (par focalisation) (LCR et sérum)		Rapport	Supra	92,0
30087		C	VP				Bio-médicament	Flécaïnide (Flecainide®)		Résultat	Supra	166,0
30088		C	VP				Bio-médicament	Ganciclovir (Cytovene®)		Résultat	Supra	70,0
30089		C	VP				Bio-médicament	Milrinone (Primacor®)		Résultat	Supra	140,0
30090		C	VP				Bio-médicament	Posaconazole (Posanol®)		Résultat	Supra	130,0
30092		C	VP				Bio-médicament	Thiopurine S-méthyltransferase (TPMT)		Résultat	Supra	53,0
30095		C	VP				Bio-clinique	BNP et NT-PRO-BNP ( <i>Brain Natriuretic Peptide</i> )		Résultat	Local	12,4
30096		C	VP				Bio-médicament	Itraconazole - hydroxyitraconazole (Sporanox®)		Rapport	Supra	125,0
30099		C	VP				Bio-médicament	Isavuconazole (Cresemba <sup>MC</sup> )		Résultat	Supra	83,0
30100							Bio-clinique	CA 125		Résultat	Régional	6,0
30101							Bio-clinique	CA 15-3 ou 27-29		Résultat	Régional	6,6
30102							Bio-clinique	CA 19-9		Résultat	Régional	5,6
30104		C	VP				Bio-hormone	Calcitonine		Résultat	Supra	36,0
30105		C	VP				Bio-clinique	Calcium total		Résultat	Local	0,6
30106		C	VP				Bio-clinique	Calcium ionisé mesuré		Rapport	Local	5,0
30107		C	VP		I		Bio-clinique	Calculs rénaux (colorimétrie)		Rapport	Supra	70,0
30108		C	VP		I		Bio-clinique	Calculs rénaux (spectrométrie)		Rapport	Supra	36,0
30111	*	C	VP				Bio-clinique	Carotènes totaux (quantitatif)		Rapport	Supra	23,0
30112		C	VP				Bio-hormone	Catécholamines plasmatiques		Rapport	Supra	62,0
30113		C	VP				Bio-hormone	Catécholamines urinaires		Rapport	Supra	57,0
30114		C	VP				Bio-clinique	Céruleplasmine		Résultat	Régional	4,6
30115							Bio-clinique	Chlorures		Résultat	Local	0,6
30116							Bio-clinique	Cholestérol – HDL		Résultat	Local	0,7
30117		C	VP				Bio-clinique	Cholestérol – LDL (mesuré)		Résultat	Régional	4,0
30119							Bio-clinique	Cholestérol total		Résultat	Local	0,6
30120		C	VP				Bio-clinique	Chylomicrons (examen visuel après 24h)		Résultat	Local	2,8

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30121		C	VP				Bio-clinique	Citrates (urine)		Résultat	Régional	5,0
30123							Bio-clinique	CK-MB masse		Résultat	Régional	3,2
30124		C	VP				Bio-clinique	CO <sub>2</sub> total ou bicarbonate (dosage seulement)		Résultat	Local	2,2
30127		C	VP				Bio-hormone	Cortisol libre urinaire incluant extraction		Résultat	Régional	18,3
30128		C	VP				Bio-hormone	Cortisol sérique ou urinaire sans extraction		Résultat	Local	3,7
30130							Bio-clinique	CK total		Résultat	Local	0,6
30131		C	VP				Bio-clinique	CK (électrophorèse)		Rapport	Supra	42,0
30132							Bio-clinique	Créatinine		Résultat	Local	0,6
30133		C	VP				Bio-clinique	Cristaux (liquide synovial)		Résultat	Local	43,0
30135		C	VP				Bio-clinique	Cystine (qualitatif)		Résultat	Régional	16,5
30136		C	VP				Bio-clinique	Cystine (HPLC)		Résultat	Supra	96,0
30137		C	VP				Bio-clinique	Chromogranine A		Résultat	Supra	41,0
30138		C	VP				Bio-clinique	D-lactate		Résultat	Supra	96,0
30140	*	C	VP				Dépistage prénatal	Estriol libre		Résultat	Supra	8,7
30142		C	VP		I		Bio-clinique	Cystatine C (immunoturbidimétrie)		Résultat	Régional désigné	4,9
30150		C	VP				Bio-hormone	Déhydroépiandrostérone (DHEA)		Résultat	Supra	18,8
30151		C	VP				Bio-hormone	Déhydroépiandrostérone (sulfate de) (DHEA-S)		Résultat	Régional	9,1
30153		C	VP				Bio-clinique	Densité réfractométrie unique (exclut bandelette)		Résultat	Local	4,1
30155	*	C	VP				Bio-clinique	Décantation micro-méthode		Spécimen	Local	8,3
30158		C	VP		I		Bio-clinique	Dexaméthasone (LC-MS/MS)		Rapport	Supra	11,2
30160		N					Bio-hormone	Aldostérone (sérique) (LC-MS/MS)		Résultat	Supra	18,1
30170		C	VP				Bio-clinique	Élastase fécale		Rapport	Supra	56,0
30171		C	VP				Bio-clinique	Électrophorèse des lipoprotéines		Rapport	Supra	37,0
30173		C	VP				Bio-clinique	Électrophorèse des protéines (sérum)		Rapport	Régional	12,3
30174		C	VP				Bio-clinique	Électrophorèse des protéines (urine)		Rapport	Régional	28,0
30176							Bio-clinique	Enzyme de conversion angiotensine (ACE)		Résultat	Régional désigné	6,7

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30177	*	C	VP				Bio-toxico.	Éthanol (alcool éthylique)		Résultat	Local	3,1
30178		C	VP				Bio-médicament	Ethosuximide (Zarontin®)		Résultat	Supra	78,0
30181		C	VP				Bio-clinique	Électrophorèse des protéines par méthode capillaire		Rapport	Régional	8,6
30182		C	VP				Bio-clinique	Immunofixation avec sérum pentavalent		Rapport	Régional	14,0
30183	*	C	VP				Dépistage prénatal	Protéine A associée à la grossesse (PAPP-A)		Résultat	Supra	11,0
30186	*	C	VP				Bio-clinique	Sueur (test à la) (conductivité)		Résultat	Régional	26,0
30188		N*	VP				Dépistage prénatal	Facteur de croissance placentaire (PIGF)		Rapport	Supra	17,5
30190		C	VP				Bio-clinique	Fer (capacité de fixation) (UIBC ou TIBC)		Résultat	Local	2,3
30191							Bio-clinique	Fer (sérum)		Résultat	Local	0,6
30193		C	VP				Bio-clinique	Ferritine		Résultat	Local	3,3
30194		C	VP				Bio-clinique	Test du travail prématuré (fibronectine foetale)		Résultat	Local	130,0
30195		C	VP				Bio-clinique	Acide folique érythrocytaire		Résultat	Régional	7,0
30196		C	VP				Bio-clinique	Fructosamine		Résultat	Régional	2,4
30197		C	VP			TC	Bio-clinique	Dosage du FGF23 : dosage immunologique par chimiluminescence (CLIA)		Résultat	Supra	93,0
30198		C	VP				Bio-clinique	Test de rupture de membrane		Résultat	Local	55,0
30209		C	VP				Bio-clinique	Transferrine carboxy déficiente (CDT)		Résultat	Supra	50,0
30210							Bio-clinique	Gamma glutamyl transférase (GGT)		Résultat	Local	0,6
30211		C	VP				Bio-hormone	Gastrine		Résultat	Supra	11,7
30212		C	VP				Bio-clinique	Gaz sanguins (pO <sub>2</sub> , pCO <sub>2</sub> , pH, HCO <sub>3</sub> , COHb, méthHb, oxyHb, SulfHb, CO <sub>2</sub> total)		Rapport	Local	5,9
30214						TC	Bio-clinique	Glucose		Résultat	Local	0,6
30215		C	VP				Bio-clinique	Glycérol libre		Résultat	Supra	4,2
30230		C	VP				Hémato-érythrocytaire	Hémoglobine foetale ou adulte (APT test) (selles)		Résultat	Local	24,0
30233		C	VP				Bio-clinique	Hémosidérine (urine)		Résultat	Régional	33,0
30234		C	VP				Bio-clinique	Homocystéine		Résultat	Supra	86,0
30235		C	VP				Bio-clinique	Homocystéine (immuno-enzymatique)		Résultat	Régional	10,2
30237		C	VP				Bio-hormone	Hormone adrénocorticotropique (ACTH)		Résultat	Régional désigné	10,4

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30239		C	VP				Bio-hormone	Hormone de croissance (HGH)		Résultat	Supra	9,1
30240		C	VP				Bio-hormone	Hormone folliculo-stimulante (FSH)		Résultat	Régional	3,4
30241		C	VP				Bio-hormone	Hormone gonadotrope chorionique (HCG) (sérum ou urine) (qualitatif)		Résultat	Local	6,8
30242	*	C	VP				Bio-hormone	Hormone gonadotrope chorionique (HCG) (sérum) (quantitatif)		Résultat	Local	5,0
30243		C	VP				Bio-hormone	Hormone lutéinisante (LH)		Résultat	Régional	3,4
30244							Bio-hormone	Hormone parathyroïdienne (PTH)		Rapport	Régional	5,5
30245		C	VP				Bio-hormone	5-HIAA -HVA-VMA		Rapport	Supra	40,0
30246		C	VP				Bio-clinique	Hydrogène dans l'haleine (intolérance au lactose)		Rapport	Supra	78,0
30248	*						Bio-clinique	Hémoglobine glyquée (HbA1c)		Rapport	Local	3,8
30249		C	VP				Bio-clinique	Hémoglobine glyquée (HbA1c) prétraitement seulement		Spécimen	Local	1,7
30250		N*	VP				Dépistage prénatal	Hormone gonadotrope chorionique libre (fHCG)		Résultat	Supra	10,8
30262		C	VP				Bio-hormone	Interleukine-6 (IL-6)		Résultat	Supra	23,0
30268		C	VP				Bio-clinique	Immunofixation des protéines sériques		Rapport	Régional	77,0
30269		C	VP				Bio-clinique	Immunofixation des protéines urinaires		Rapport	Régional	82,0
30273		C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgA		Résultat	Régional	3,6
30274		C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgD		Résultat	Supra	66,0
30276							Bio-clinique	Immunoglobulines IgE totale		Résultat	Régional	6,1
30277		C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgG		Résultat	Régional	4,0
30278		C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgG (sous-classes)		Résultat	Régional désigné	9,6
30279							Bio-clinique	Immunoglobulines IgM		Résultat	Régional	3,5
30282	*	C	VP				Dépistage prénatal	Inhibine A		Résultat	Supra	16,0
30283							Bio-hormone	Insuline		Résultat	Régional	4,5
30285							Bio-clinique	Chaînes légères libres (Kappa/Lambda) (sériques)		Rapport	Régional	26,0
30286	*, M	C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgE spécifiques (RAST ou allergène spécifique) (allergènes communs)		Résultat	Supra	16,9
30287	*, M	C	VP				Bio-clinique	Immunoglobulines IgE spécifiques (RAST ou allergène spécifique) (allergènes occasionnels)		Résultat	Supra	19,9
30288	M						Bio-clinique	Immunoglobulines IgE spécifiques (RAST ou allergène spécifique) (allergènes moléculaires)		Résultat	Supra	22,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30301							Bio-clinique	Lactate déshydrogénase (LD)		Résultat	Local	0,6
30306		C	VP				Bio-clinique	Lipase		Résultat	Local	2,2
30308		C	VP				Bio-clinique	Lipoprotéine a (Lp(a))		Résultat	Régional	4,0
30329		C	VP				Bio-hormone	Catécholamines et métanéphrines libres (urine)		Rapport	Supra	49,0
30330		C	D, VP				Bio-clinique	Macro-enzyme ou Macro-protéine (recherche) (précipitation)		Rapport	Régional	45,0
30332							Bio-clinique	Magnésium total		Résultat	Local	0,6
30335		C	VP				Bio-médicament	Azathioprine (6MMP, 6-TG) / Mercaptopurine (6MP) (incluant prétraitement) (Imuran® / Purinethol®)		Rapport	Supra	93,0
30336		C	VP				Bio-hormone	Métanéphrines (urine)		Rapport	Supra	32,0
30337		C	VP				Bio-clinique	Microalbumine (urine)		Résultat	Local	2,7
30340		C	VP				Bio-clinique	Myoglobine (urine)		Résultat	Local	16,0
30360							Bio-hormone	Oestradiol-17B		Résultat	Régional	4,5
30362		C	VP				Bio-clinique	Osmolalité		Résultat	Local	7,0
30363		C	VP				Bio-hormone	Ostéocalcine		Résultat	Régional	11,0
30364		C	D, VP				Bio-clinique	Oxalates (urine ou plasma)		Résultat	Régional	14,5
30370		C	VP		I		Bio-clinique	Anticorps circulant anti-récepteur de la phospholipase A2 (anti-PLA2R) (ELISA) (quantitatif)		Résultat	Supra	79,0
30371		C	VP		I		Bio-clinique	Anticorps circulant anti-récepteur de la phospholipase A2 (anti-PLA2R) (IIFT) (qualitatif)		Résultat	Supra	169,0
30375		C	VP		I		Bio-clinique	sFlt-1 / PlGF (investigation de la prééclampsie)		Rapport	Régional désigné	43,0
30379		N*	VP		I		Bio-clinique	Pentobarbital (HPLC-MS/MS)		Rapport	Supra	107,0
30382		C	VP				Bio-hormone	Peptide C		Résultat	Régional désigné	10,4
30383		C	VP				Bio-clinique	pH (liquide biologique)		Résultat	Local	5,2
30386							Bio-clinique	Phosphatase alcaline		Résultat	Local	0,6
30388		C	VP				Bio-clinique	Phosphatase alcaline (électrophorèse)		Rapport	Supra	139,0
30389		C	VP				Bio-clinique	Phosphatase alcaline placentaire (PAPLA)		Résultat	Supra	40,0
30391							Bio-clinique	Phosphore		Résultat	Local	0,6
30393		C	VP				Bio-clinique	Porphobilinogène (PBG) (quantitatif)		Résultat	Supra	385,0
30394		C	VP				Bio-clinique	Porphyrines (plasma) (quantitatif)		Rapport	Supra	162,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30397		C	VP				Bio-clinique	Porphyrines (uro ou copro) (urine) (quantitatif)		Rapport	Supra	50,0
30398							Bio-clinique	Potassium		Résultat	Local	0,6
30399		C	VP				Bio-clinique	Préalbumine		Résultat	Local	3,6
30400							Bio-hormone	Progestérone		Résultat	Régional	3,7
30401		C	VP				Bio-hormone	Progestérone (17-hydroxy)		Résultat	Supra	15,9
30402							Bio-hormone	Prolactine		Résultat	Régional	3,6
30404		C	VP				Bio-clinique	Protéines totales (autres liquides)		Résultat	Local	2,2
30405							Bio-clinique	Protéines totales (sérum)		Résultat	Local	0,6
30406		C	VP				Bio-clinique	Protoporphyrines érythrocytaires		Résultat	Supra	248,0
30407							Bio-clinique	Antigène prostatique libre (PSA)		Résultat	Régional	5,9
30409		C	VP				Bio-clinique	Pseudocholinestérase (typage) (FN + DN)		Rapport	Supra	87,0
30412		C	VP				Bio-clinique	Protéine C réactive (CRP) (inclut ultrasensible)		Résultat	Local	3,2
30450		C	H, VPr				Bio-hormone	Rénine		Résultat	Régional désigné	17,9
30452		C	VP				Bio-clinique	Porphyrines (selles) (dosage fractionné) (quantitatif)		Rapport	Supra	132,0
30455		N*					Bio-clinique	Dosage procollagen type 1 N terminal (P1NP) (ECLIA)		Rapport	Supra	32,0
30469		C	VPr				Bio-clinique	Recherche immunochimique de sang dans les selles (RSOSi)		Résultat	Supra	4,9
30470		C	VP				Bio-clinique	Sang dans les liquides biologiques (qualitatif)		Résultat	Local	10,2
30471		C	VP				Bio-clinique	Sang dans les selles (qualitatif)		Résultat	Local	6,5
30472		C	VP				Bio-clinique	Carcinome cellule squameuse (SCC)		Résultat	Supra	8,8
30473		C	VP				Bio-clinique	Selles (examen microscopique, graisse, amidon, fibres) (qualitatif)		Résultat	Régional	19,0
30474		C	VP				Bio-clinique	Selles (mesure du poids sur 24 heures)		Résultat	Local	8,1
30476		C	VP				Bio-hormone	Sérotonine (HPLC)		Résultat	Supra	245,0
30477		C	VP				Bio-hormone	Sex hormone binding globulin (SHBG)		Résultat	Régional	4,3
30478							Bio-clinique	Sodium		Résultat	Local	0,6
30479		C	VP				Bio-hormone	Somatomédine C (IGF-1)		Résultat	Régional désigné	6,9
30482	*	C	VP				Bio-clinique	Sueur (test à la) (Iontophorèse) (stimulation, prélèvement)		Résultat	Local	75,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30485	*	C	VPr				Dépistage prénatal	Trisomie 21 – dépistage prénatal (gestion des données)		Rapport	Supra	28,0
30500		C	VP				Bio-hormone	T3 total (triiodothyronine totale) ou libre		Résultat	Local	3,5
30502		C	VP				Bio-hormone	T4L (thyroxine libre)		Résultat	Local	2,7
30504							Bio-hormone	Télopeptides (C ou N) (sérum)		Résultat	Régional	8,5
30506							Bio-hormone	Testostérone totale		Résultat	Régional	5,8
30508		C	VP				Bio-hormone	Thyroglobuline		Résultat	Régional	11,5
30511		C	VP				Bio-clinique	Transferrine		Résultat	Local	2,7
30512							Bio-clinique	Triglycérides		Résultat	Local	0,6
30513							Bio-clinique	Troponine T ou I		Résultat	Local	4,3
30515							Bio-clinique	Tryptase		Résultat	Supra	30,0
30516		C	VP				Bio-hormone	TSH (hormone thyroïdienne)		Résultat	Local	2,2
30517	*	C	VPr				Bio-clinique	Sueur (test à la) (dosage du chlorure) (titration)		Rapport	Régional	26,0
30518		C	VP		I		Bio-hormone	Testostérone sérique par LC-MS/MS		Résultat	Supra	12,2
30531							Bio-clinique	Urée		Résultat	Local	0,6
30532		C	VP				Bio-clinique	Urine (examen microscopique)		Rapport	Local	9,0
30533		C	VP				Bio-clinique	Urine (examen sommaire)		Rapport	Local	2,8
30534		C	VP				Bio-clinique	Urine (mesure du volume pour collecte minutée)		Résultat	Local	8,5
30535		C	VP				Bio-clinique	Acides biliaires totaux (dosage)		Résultat	Régional	26,0
30536	*	C	VP				Bio-clinique	Calprotectine fécale (dosage, excluant extraction)		Résultat	Régional désigné	12,2
30537	*	C	VP				Bio-clinique	Calprotectine fécale (extraction)		Résultat	Local	8,5
30549		C	VP				Bio-clinique	Vitamine A (méthode fluorométrique)		Rapport	Supra	9,4
30550		C	VP				Hémato- érythrocytaire	Viscosité plasmatique		Résultat	Régional	28,0
30551	*	C	VP				Bio-clinique	Vitamine A + E (HPLC) (incluant β-carotène)		Rapport	Supra	46,0
30553		C	VP				Bio-clinique	Vitamine B12		Résultat	Local	3,3
30554		C	VP				Bio-clinique	Vitamine C		Résultat	Supra	15,5
30555		C	VP				Bio-clinique	Vitamine D 1-25 diOH		Résultat	Supra	26,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30556		C	VP				Bio-clinique	Vitamine D 25 OH		Résultat	Régional	7,1
30557		C	VP		I		Bio-clinique	Vitamines hydrosolubles (B1 et B6) (quantitatif) (HPLC)		Rapport	Supra	23,0
30580		C	VP				Bio-clinique	Xanthochromie LCR (mesurée)		Rapport	Régional	21,0
30581		C	VP				Bio-clinique	Xylose		Résultat	Supra	55,0
30583		C	VP				Bio-clinique	Phosphatase alcaline osseuse		Résultat	Régional	5,3
30584		C	VP				Bio-hormone	Cortisol salivaire		Résultat	Supra	17,9
30585		C	VP				Bio-hormone	Inhibine B		Résultat	Supra	82,0
30586		C	VPr				Bio-hormone	Métanéphrines plasmatiques libres		Résultat	Supra	52,0
30587							Bio-hormone	Hormone anti Müllerian (AMH)		Résultat	Régional désigné	24,0
30588		C	VPr				Bio-hormone	3-méthoxytyramine (sérique)		Résultat	Supra	52,0
30589		C	VP				Bio-clinique	Dosage de la protéine apparentée à la parathormone (PTHrP)		Rapport	Supra	122,0
30600		C	VP				Bio-médicament	Acétaminophène		Résultat	Local	3,7
30601							Bio-médicament	Acide valproïque		Résultat	Local	5,7
30602							Bio-médicament	Amikacine		Résultat	Régional	7,5
30603		C	VP				Bio-médicament	Amiodarone (Cordarone®)		Résultat	Supra	223,0
30604							Bio-toxico.	Amphétamines / méthamphétamine (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	5,4
30607							Bio-toxico.	Antidépresseurs tricycliques (autre que bandelette) (automatisé) (immunoenzymatique)		Résultat	Local	4,4
30608		C	VP				Bio-médicament	Antidépresseurs tricycliques et non tricycliques (GC 9 résultats)		Rapport	Supra	152,0
30610		C	VP				Bio-médicament	Flucytosine (5-FC) (Ancotil®)		Résultat	Supra	256,0
30615		C	VP		I		Bio-médicament	Dosage sanguin de la fludarabine (HPLC-MS/MS)		Rapport	Supra	56,0
30619		C	VP				Bio-toxico.	Éthylglucuronide et éthylsulfate (LC-MS/MS)		Résultat	Supra	72,0
30620		C	VP				Bio-toxico.	Barbituriques (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	8,4
30621							Bio-toxico.	Benzodiazépines (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	4,7
30623		C	VP				Bio-médicament	Busulfan (Myleran®)		Résultat	Supra	190,0
30625		C	VP		I		Bio-toxico.	Buprénorphine (méthode immunoenzymatique homogène, semi-quantitatif)		Résultat	Supra	18,2
30630		C	VP				Bio-médicament	Carbamazépine		Résultat	Local	8,2

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30631		C	VP				Bio-médicament	Cyclosporine (Neoral®)		Résultat	Supra	19,5
30632		C	VP				Bio-médicament	Clozapine et nor-clozapine (Clozaril®)		Rapport	Supra	45,0
30633		C	H, VP		I		Bio-médicament	Clozapine (dosage immunologique)		Rapport	Régional désigné	26,0
30634		N			I		Bio-médicament	Cyclosporine (méthode immunologique)		Résultat	Régional désigné	19,6
30640							Bio-médicament	Digoxine		Résultat	Local	6,2
30642	*	C	VP				Bio-médicament	Antirétroviraux (ARV) / programme provincial de dosage des médicaments antirétroviraux		Rapport	Supra	66,0
30643	*	C	VP		I		Bio-médicament	Dosage de médicaments antituberculeux		Échantillon	Supra	102,0
30660		C	VP				Bio-médicament	Clobazam (Frisium®)		Résultat	Supra	120,0
30671		C	VP				Bio-médicament	Gentamicine		Résultat	Local	4,5
30680		C	VP				Bio-médicament	Hypoglycémiant oraux		Rapport	Supra	32,0
30682		N*	VP		I		Bio-médicament	Imatinib et norimatinib (HPLC-MS/MS)		Rapport	Supra	128,0
30690		C	VP				Bio-médicament	Lamotrigine (Lamictal®)		Résultat	Supra	92,0
30691		C	VP				Bio-médicament	Lidocaïne (Xylocaïne®)		Résultat	Supra	58,0
30692		C	VP				Bio-médicament	Lithium (Li)		Résultat	Local	3,9
30693		C	VP				Bio-médicament	Lithium intra-érythrocytaire (Li)		Résultat	Supra	9,9
30694		C	VP		I		Bio-médicament	Linézolide (dosage plasmatique)		Rapport	Supra	78,0
30695					I		Bio-médicament	Adalimumab (Humira®)		Résultat	Supra	53,0
30696		C	VP		I		Bio-médicament	Anticorps anti-Adalimumab (Humira®)		Résultat	Supra	64,0
30697					I		Bio-médicament	Panel anticonvulsivant (LC-MS/MS)		Rapport	Supra	30,0
30701							Bio-toxico.	Méthadone (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	5,8
30702		C	VP				Bio-médicament	Méthotrexate		Résultat	Régional	43,0
30703		C	VP				Bio-médicament	Mitotane (Lysodren®)		Résultat	Supra	21,0
30704		C	VP				Bio-médicament	Méthotrexate, 7-OH-méthotrexate et acide 2,4-diamino-N-méthylptéroïque (DAMPA) (LC-MS-MS)		Rapport	Supra	147,0
30711		C	VP				Bio-médicament	Nitisinome (NTBC) (Orfadin®)		Résultat	Supra	35,0
30720		C	VP				Bio-médicament	Olanzapine (Zyprexa®)		Résultat	Supra	63,0
30730		C	VP				Bio-médicament	Phénobarbital		Résultat	Local	7,6

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
30731							Bio-médicament	Phénytoïne		Résultat	Local	5,6
30732		C	VP				Bio-médicament	Phénytoïne libre		Résultat	Supra	163,0
30733		C	VP				Bio-médicament	Primidone (incluant phénobarbital) (Mysoline®)		Rapport	Supra	63,0
30759		C	VP				Bio-médicament	Évérolimus (Afinitor®)		Résultat	Supra	132,0
30760		C	VP				Bio-médicament	Salicylates		Résultat	Local	3,9
30761		C	VP				Bio-médicament	Sirolimus (Rapamune®)		Résultat	Supra	23,0
30769		N			I		Bio-médicament	Tacrolimus (méthode immunologique)		Résultat	Régional désigné	19,6
30770		C	VP				Bio-médicament	Tacrolimus (FK-506) (Prograf®)		Résultat	Supra	19,0
30771		C	VP				Bio-médicament	Théophylline		Résultat	Local	6,2
30773		C	VP				Bio-médicament	Tobramycine		Résultat	Local	8,4
30780							Bio-médicament	Vancomycine		Résultat	Local	4,3
30781		C	VP				Bio-médicament	Voriconazole (Vfend®)		Résultat	Supra	101,0
30782		C	VP		I		Bio-médicament	Mesure de l'activité de la L-Asparaginase		Résultat	Supra	45,0
30831							Bio-toxico.	Cannabinoïdes (THC) (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	4,2
30834							Bio-toxico.	Cocaïne (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	5,0
30850		C	VP				Bio-toxico.	Drogues (cannabis-THC, benzoylcgonine-cocaïne) (HPLC ou GCMS)		Rapport	Supra	139,0
30851		C	VP				Bio-toxico.	Drogues de rue / bandelette / drogue		Résultat	Local	2,9
30860		C	VP				Bio-toxico.	Fer (analyse dans les biopsies)		Résultat	Supra	129,0
30883		C	VP				Bio-toxico.	Oxycodone (autre que bandelette) (automatisé)		Résultat	Local	17,8
30890		C	VP				Bio-toxico.	Opiacés (autre que dépistage) (automatisé)		Résultat	Local	3,6
30891		C	VP				Bio-toxico.	PCP (autre que dépistage) (automatisé)		Résultat	Local	2,7
30893		C	D, VP				Bio-toxico.	Dépistage toxicologique général (GCMS/NPD) (sérum- plasma-urine-liquide gastrique)		Rapport	Supra	208,0
30980		C	VP				Bio-toxico.	Zinc (spectrophotométrie)		Résultat	Supra	9,9
30981		C	VP				Bio-toxico.	Zinc (ICP-MS)		Résultat	Supra	31,0
31042		C	VP				Bio-immuno.	Panel anticorps anti-neuronaux (anti-HU, anti-RI, anti- YO, anti-CV2, anti-PMNA2 et anti-amphiphysine) (immunoblot)		Rapport	Supra	47,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
31050		C	VP				Bio-immuno.	Panel anticorps anti-neuronaux (anti-HU, anti-RI, anti-YO, anti-CV2, anti-PMNA2 et anti-amphiphysine) (immunofluorescence)		Rapport	Supra	15,2
31098		C	VP		I		Bio-médicament	Infliximab (Remicade®)		Résultat	Supra	47,0
31099		C	VP		I		Bio-médicament	Anticorps anti-Infliximab (Remicade®)		Résultat	Supra	47,0
40005		C	VP				Micro-bact.	<i>Helicobacter pylori</i> (antigène dans les selles)		Résultat	Local	31,0
40007		C	VP				Micro-bact.	<i>Clostridioides difficile</i> (Ag) glutamate déshydrogénase (ELISA sur membrane) (test rapide) (selles)		Résultat	Local	19,8
40008		C	VP		I		Micro-bact.	<i>Helicobacter pylori</i> (test respiratoire à l'urée) (spectrométrie de masse à ratio isotopique)		Rapport	Supra	17,4
40018		C	VP				D. mol. infectiologie	Carbapénémase (TAAN) (trousse non homologuée)		Rapport	Régional désigné	54,0
40019	*	N					Micro-bact.	Carbapénémases (test rapide immunologique qualitatif) (NG-Test® CARBA 5)		Rapport	Régional	37,0
40020		C	VP				Micro-bact.	Bactérie Gram négatif multirésistance (bêta-lactamase-ESBL, carbapenemase) (dépistage)		Rapport	Local	9,2
40021		C	VP				Micro-bact.	<i>Helicobacter pylori</i> (culture sur biopsie gastrique)		Rapport	Régional	23,0
40022		C	VP				Micro-bact.	<i>Helicobacter pylori</i> (uréase rapide sur biopsie gastrique)		Résultat	Local	11,4
40025		C	VP				Micro-bact.	Bronchoscopie (culture quantitative)		Rapport	Local	8,9
40026		C	VP				Micro-bact.	Bronchoscopie (culture semi-quantitative)		Rapport	Local	13,4
40046		C	VP				Micro-bact.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) (dilution en bouillon – méthode Sensititre) (par bactérie)		Résultat	Local	41,0
40047		C	VP				Micro-bact.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) microplaque / carte automatisée (par bactérie)		Résultat	Local	19,0
40048		C	VP				Micro-bact.	Concentration minimale inhibitrice en diffusion (CMI) (bandelette) (par antibiotique et par bactérie)		Résultat	Local	26,0
40049		C	VP				Micro-bact.	Cathéter (culture semi-quantitative)		Rapport	Local	12,9
40051		C	VP				Micro-bact.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) (dilution en agar) (steer) (par bactérie)		Résultat	Régional	39,0
40053	*	C	VP				Micro-bact.	Ensemencement sans identification		Spécimen	Local	3,0
40063		C	VPr				Micro-bact.	Enterococcus résistant à la vancomycine (ERV) (culture spécifique) (dépistage par gélose chromogénique)		Résultat	Local	5,4
40065		C	VP				Micro-bact.	Expectorations (bactériologie) (inclut spécimen rejeté après Gram)		Rapport	Local	15,0
40080	*	C	VPr				Micro-bact.	Gorge (culture Strepto A, C, G ou bêta-hémolytique)		Rapport	Local	11,2
40101		C	VPr				Micro-bact.	Hémoculture (1 bouteille : aérobie ou anaérobie)		Rapport	Local	12,2
40102		C	VPr				Micro-bact.	Hémoculture (2 bouteilles : aérobie + anaérobie)		Rapport	Local	20,0
40103	*	C	VP				Micro-bact.	Identification d'une bactérie après incubation courte, à partir d'une hémoculture, au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse – MALDI-TOF)		Résultat	Régional	10,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
40124	*	C	VP				Micro-bact.	Identification d'une bactérie au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse – MALDI-TOF)		Résultat	Régional	4,0
40125	*	C	VP				Micro-bact.	Identification d'un micro-organisme au genre ou à l'espèce (galeries API)		Résultat	Local	28,0
40126	*	C	VP				Micro-bact.	Identification d'un micro-organisme au genre ou à l'espèce (cartes d'identification sur automates tels que VITEK®, Phoenix® ou MicroScan®)		Résultat	Local	8,0
40127	*	C	VP				Micro-bact.	Ensemble des tests d'orientation préalables à l'identification d'un micro-organisme (sur colonie)		Rapport	Local	7,3
40128	*	C	VP				Micro-bact.	Ensemble des tests d'orientation préalables à l'identification d'un micro-organisme (par MALDI-TOF)		Rapport	Local	7,3
40130	*	C	VP				Micro-bact.	Coloration Gram (sur colonie)		Lame	Local	9,5
40140	*	C	ÉC, VP				Micro-bact.	Kirby Bauer (par bactérie) (antibiogramme par diffusion)		Résultat	Local	11,8
40160							Micro-bact.	<i>Legionella</i> (antigène urinaire)		Résultat	Local	45,0
40161		C	VP				Micro-bact.	<i>Legionella</i> (culture sur spécimen clinique)		Rapport	Local	34,0
40164		C	VP				Micro-bact.	Liquide céphalo-rachidien (LCR) (culture)		Rapport	Local	21,0
40165		C	VP				Micro-bact.	Liquide biologique (autre que LCR) (culture)		Rapport	Local	47,0
40200		C	VP				Micro-bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> (culture) (tous sites)		Rapport	Local	22,0
40201		C	VP				Micro-bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> (nez) (culture) (sauf SARM)		Rapport	Local	11,1
40202		C	VP				Micro-bact.	<i>Nocardia</i> (culture)		Rapport	Régional	43,0
40220		C	VP				Micro-bact.	Oreille ou conduit auditif externe (culture)		Rapport	Local	12,4
40240							Micro-bact.	Pneumocoque (antigène urinaire) (urine ou LCR)		Rapport	Local	34,0
40242	*	C	VP				Micro-bact.	Pus profond (avec recherche d'anaérobies, incluant <i>Actinomyces</i> )		Rapport	Local	18,1
40243	*	C	VP				Micro-bact.	Pus superficiel (sans recherche d'anaérobies)		Rapport	Local	11,3
40260		C	VP				Micro-bact.	Sécrétions conjonctivales (culture)		Rapport	Local	17,7
40261		C	VP				Micro-bact.	Sécrétions trachéobronchiques (culture)		Rapport	Local	22,0
40262		C	VP				Micro-bact.	Sécrétions vaginales (culture, état frais, KOH)		Rapport	Local	9,4
40263		C	VPr				Micro-bact.	Selles (culture)		Rapport	Local	24,0
40264		C	VP				Micro-bact.	<i>Clostridioides difficile</i> (toxines A et B) (test rapide) (ELISA sur membrane) (selles)		Rapport	Local	35,0
40265		C	VP				Micro-bact.	Spécimen respiratoire pour fibrose kystique pancréas (FKP) (culture) (incluant <i>Burkholderia cepacia</i> et <i>Pseudomonas</i> )		Rapport	Régional	47,0
40266		C	VPr				Micro-bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> résistant à la méthicilline (SARM) (culture spécifique) (dépistage par gélose chromogénique)		Résultat	Local	8,1

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
40268		C	VP				Micro-bact.	Streptocoque du groupe A (détection d'antigène) (test rapide sur spécimen clinique)		Rapport	Local	21,0
40269		C	VP				Micro-bact.	Streptocoque du groupe B culture recto-vaginale		Résultat	Local	14,3
40270		C	VP				Micro-bact.	Streptocoque du groupe B culture recto-vaginale (agglutination sur bouillon)		Résultat	Local	19,5
40271		C	VP				Micro-bact.	Stérilité (produit sanguin)		Rapport	Local	45,0
40280		C	VP				Micro-bact.	Sécrétions vaginales (Gram direct pour vaginose)		Rapport	Local	26,0
40285	*	C	VP				Micro-bact.	Préparation des selles pour transplantation de matière fécale (TMF) (sans encapsulation)		Usager	Local	186,0
40286	*	C	VP				Micro-bact.	Préparation des selles pour transplantation de matière fécale (TMF) (avec encapsulation)		Don	Local	670,0
40310	*	C	VP				Micro-bact.	Urine (toutes méthodes de prélèvement)		Rapport	Local	9,5
40352							Micro-bact.	<i>Clostridioides difficile</i> (GDH) + (toxines A et B) (ELISA sur membrane) (test rapide) (selles)		Rapport	Local	25,0
40400		C	VP				Micro-enviro.	Culture environnementale (par spécimen clinique) stérilité (par ampoule ou caps) (ATTEST)		Rapport	Local	8,3
40401		C	VP				Micro-enviro.	Culture environnementale par site (air)		Rapport	Local	5,9
40403		C	VP				Micro-enviro.	Préparation pour culture environnementale par site (eau) (intra-hospitalière)		Rapport	Local	14,2
40405		C	VP				Micro-enviro.	Culture environnementale pour <i>Aspergillus</i>		Rapport	Local	11,3
40420		C	VP				Micro-enviro.	Culture environnementale (autre) (intra-hospitalière)		Rapport	Local	11,8
40450		C	VP				Micro-enviro.	Culture environnementale pour <i>Legionella</i>		Rapport	Local	56,0
40480		C	VP				Micro-enviro.	Stérilité (préparation pharmaceutique)		Rapport	Local	22,0
40602		C	VP				Micro-imm-séro.	<i>Aspergillus</i> IgG ou Ac totaux (par Ag) (contre-immunoelectrophorèse)		Rapport	Supra	14,6
40603							Micro-imm-séro.	Diphthérie IgG ou Ac totaux		Rapport	Supra	27,0
40604							Micro-imm-séro.	<i>Hémophilus influenzae</i> (IgG ou Ac totaux)		Rapport	Supra	32,0
40605		C	VP				Micro-imm-séro.	Pneumocoque IgG ou Ac totaux		Rapport	Supra	419,0
40606							Micro-imm-séro.	Tétanos IgG ou Ac totaux		Rapport	Supra	27,0
40641		C	VP				Micro-imm-séro.	Cytomégalovirus (CMV) IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	14,6
40642		C	VP				Micro-imm-séro.	Cytomégalovirus (CMV) IgM spécifique		Résultat	Régional	16,6
40647		C	VP				Micro-imm-séro.	Cytomégalovirus (CMV) IgG spécifique (mesure de l'avidité)		Résultat	Supra	42,0
40662		C	VP				Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV) (EBNA) IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	9,9
40663		C	VP				Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV) (EBNA) IgG ou Ac totaux (immunofluorescence)		Résultat	Supra	37,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
40665		C	VP				Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV) (VCA) IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	9,9
40666		C	VP				Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV) (VCA) IgG ou Ac totaux (immunofluorescence)		Résultat	Supra	38,0
40667		C	VP				Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV) (VCA) IgM spécifique		Résultat	Régional	15,5
40680		C	VP				Micro-imm-séro.	Fièvre Q : <i>Coxiella burnetii</i> IgG		Résultat	Supra	93,0
40681		C	VP				Micro-imm-séro.	<i>Bartonella</i> , maladie des griffes de chat (anticorps)		Résultat	Supra	41,0
40690		C	VP				Micro-imm-séro.	<i>Helicobacter pylori</i> IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	10,1
40693		C	VP				Micro-imm-séro.	Herpes simplex IgG ou Ac totaux		Rapport	Régional	15,5
40695		C	VP				Micro-imm-séro.	Herpes simplex (IgG spécifique type 1 ou 2) (par Ag)		Résultat	Régional	7,6
40698		C	VP				Micro-imm-séro.	HTLV 1 et 2 IgG ou Ac totaux		Résultat	Supra	12,5
40740		C	VP				Micro-imm-séro.	Mononucléose anticorps hétérophile (agglutination)		Résultat	Local	18,4
40744		C	VP				Micro-imm-séro.	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> IgM spécifique (ELISA)		Résultat	Régional	27,0
40750		C	VP				Micro-imm-séro.	Oreillons IgG ou Ac totaux (ELISA)		Résultat	Supra	11,2
40751		C	VP				Micro-imm-séro.	Oreillons IgM spécifiques (ELISA)		Résultat	Supra	12,6
40772		C	VP				Micro-imm-séro.	Parvovirus (parvo B-19) IgM spécifique		Résultat	Régional	24,0
40773		C	VP				Micro-imm-séro.	Parvovirus (parvo B-19) IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	19,0
40791		C	VP				Micro-imm-séro.	Rougeole IgG ou Ac totaux		Résultat	Supra	12,3
40792		C	VP				Micro-imm-séro.	Rougeole IgM spécifique		Résultat	Supra	13,3
40794		C	VP				Micro-imm-séro.	Rubéole IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	12,3
40797		C	VP				Micro-imm-séro.	Rubéole IgM spécifique		Résultat	Supra	11,9
40800		C	VP				Bio-immuno.	Facteur rhumatoïde (RA)		Résultat	Local	11,0
40811		C	VP				Micro-imm-séro.	Anti-streptolysine O du streptocoque du groupe A (ASO) IgG ou Ac totaux (quantitatif) (néphélobimétrie)		Résultat	Local	3,0
40812		C	VP				Micro-imm-séro.	Anti-streptolysine O du streptocoque du groupe A (ASO) IgG ou Ac totaux (quantitatif) (manuel)		Résultat	Local	18,8
40813		C	VP				Micro-imm-séro.	Streptozyme streptocoque du groupe A IgG ou Ac totaux		Rapport	Local	24,0
40814		C	VP				Micro-imm-séro.	Syphilis antigène non tréponémique (RPR) IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	18,1
40815		C	VP				Micro-imm-séro.	Syphilis antigène tréponémique IgG ou Ac totaux		Rapport	Local	5,9
40816		C	VP				Micro-imm-séro.	Streptocoque du groupe A (qualitatif) sur lame		Résultat	Local	10,3

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
40832		C	VP				Micro-imm-séro.	Toxoplasmose IgG ou Ac totaux		Résultat	Local	13,0
40833		C	VP				Micro-imm-séro.	Toxoplasmose IgM spécifique		Résultat	Régional	18,8
40840		C	VP				Micro-imm-séro.	VIH IgG ou Ac totaux (test rapide)		Rapport	Local	35,0
40850		C	VP				Micro-imm-séro.	VIH IgG ou Ac totaux		Résultat	Régional	7,8
40853		C	VP				Micro-imm-séro.	Herpes virus Varicella-Zoster (VVZ) IgG spécifique		Résultat	Régional	16,3
40855		C	VP				Micro-imm-séro.	Herpes virus Varicella-Zoster (VVZ) IgM spécifique		Résultat	Supra	13,1
40900		C	VP				Micro-mycobact.	Mycobactéries (hémoculture)		Rapport	Local	21,0
40901		C	VP				Micro-mycobact.	Mycobactéries (culture sur milieu liquide seul)		Rapport	Régional	54,0
40902		C	VP				Micro-mycobact.	Mycobactéries (culture sur milieu solide et liquide)		Rapport	Régional	57,0
40904		C	VP				Micro-mycobact.	Mycobactéries (examen direct sur spécimen clinique) (auramine)		Résultat	Local	30,0
40907		C	VP				Micro-mycobact.	Mycobactéries (examen direct sur spécimen clinique) (Ziehl)		Résultat	Local	54,0
40920		C	VP				Micro-mycobact.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> (PPD) (induration et lecture) (fait par un technologiste)		Résultat	Local	10,8
40921		C	ÉC, VPr				Micro-mycobact.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> (test de libération d'interferon Gamma, TLIG)		Rapport	Régional	56,0
40922	*	C	VPr				Micro-mycobact.	Identification d'une mycobactérie au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse – MALDI-TOF)		Résultat	Régional	7,3
41000		C	VP				Micro-mycolo.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) antifongique : diffusion en bandelette sur gélose (ex. : E-TEST ou Liofilchem)		Résultat	Régional	19,2
41001		C	VP				Micro-mycolo.	Galactomannane (antigène <i>Aspergillus</i> ) (ELISA)		Rapport	Régional	58,0
41020		C	VP				Micro-mycolo.	Cryptocoque (Ag) (sérum ou LCR) (agglutination)		Résultat	Local	17,0
41022		N					Micro-mycolo.	Cryptocoque (Ag) (sérum ou LCR) (méthode immuno-enzymatique)		Résultat	Local	24,0
41031		C	VP				Micro-mycolo.	Mycoses (hémoculture)		Rapport	Local	11,4
41050		C	VP				Micro-mycolo.	Levures (culture spécifique)		Rapport	Local	14,0
41051		C	VP				Micro-mycolo.	<i>Candida auris</i> ; culture spécifique (dépistage par gélose chromogénique) sur spécimen clinique		Rapport	Local	13,8
41055		C	VP				Micro-mycolo.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) antifongique : microdilution en bouillon – méthode CLSI ou Sensititre YeastOne (par levure)		Résultat	Régional	59,0
41056		C	VP				Micro-mycolo.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) antifongique : diffusion en disque sur gélose (Kirby Bauer) – méthode CLSI		Résultat	Régional	29,0
41070		C	VP				Micro-mycolo.	Mycologie (examen direct sur spécimen clinique) (incluant état frais, KOH, calcofluor)		Rapport	Local	30,0
41071	*	C	VP				Micro-mycolo.	Mycose profonde (incluant levures)		Rapport	Régional	55,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
41072	*	C	VP				Micro-mycolo.	Mycose superficielle (dermatophyte) (incluant levures)		Rapport	Régional	45,0
41073							Micro-mycolo.	Concentration minimale inhibitrice (CMI) antifongique : microplaque sur automates tels que VITEK®, Phoenix® ou MicroScan® (par levure)		Rapport	Régional	22,0
41076	*	C	ÉC, VP				Micro-mycolo.	Champignons filamenteux (identification manuelle)		Résultat	Régional	61,0
41077	*	C	VP				Micro-mycolo.	Identification de champignons filamenteux au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse – MALDI-TOF)		Résultat	Régional	31,0
41078	*	C	VP				Micro-mycolo.	Identification de levures au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse – MALDI-TOF)		Résultat	Régional	3,7
41120		C	VP				Micro-paras.	Malaria (détection rapide d'Ag) (immunochromatographie)		Rapport	Local	25,0
41121		C	VP				Micro-paras.	Malaria (frottis + goutte épaisse) (préparation et coloration)		Rapport	Local	22,0
41122		C	VP				Micro-paras.	Malaria (lecture et identification, incluant % parasitémie)		Rapport	Régional	84,0
41140		C	VP				Micro-paras.	Oxyures (recherche par ruban collant)		Rapport	Local	21,0
41150		C	VP				Micro-paras.	Parasites dans le sang, tissus et liquides biologiques (détection) (sauf malaria)		Rapport	Régional	120,0
41151		C	VP				Micro-paras.	Parasites fécaux ( <i>Giardia</i> , <i>Cryptosporidium</i> ) (immunofluorescence)		Rapport	Régional	47,0
41152	*	C	VP				Micro-paras.	Parasites intestinaux (microscopie) (coloration permanente – hématoxyline ferrique – incluant la lecture)		Rapport	Régional désigné	34,0
41153		C	VP				Micro-paras.	Parasites intestinaux (microscopie) (par concentration et coloration iodée – incluant la lecture)		Rapport	Régional désigné	34,0
41154		C	ÉC, VP				Micro-mycolo.	<i>Pneumocystis jirovecii</i> (détection) (immunofluorescence directe)		Rapport	Régional	108,0
41155	*	C	S, VP				Micro-paras.	Parasites intestinaux (coccidies) (microscopie) (coloration permanente – Kinyoun modifié – incluant la lecture)		Rapport	Régional désigné	34,0
41156	*	C	S, VP				Micro-paras.	Parasites intestinaux (microsporidies) (microscopie) (coloration permanente – trichrome modifié – incluant la lecture)		Rapport	Supra	34,0
41160		C	VP				Micro-paras.	Strongyloïdose (culture spécifique)		Rapport	Régional	78,0
41170		C	VP				Micro-paras.	<i>Trichomonas vaginalis</i> (culture)		Rapport	Local	38,0
41171		C	VP				Micro-paras.	<i>Trichomonas vaginalis</i> (détection d'Ag)		Rapport	Local	14,6
41180		C	VP				Micro-paras.	Ectoparasites (incluant les tiques) et vers (identification)		Rapport	Local	13,6
41301		C	VP				Micro-viro.	Influenza (incluant A et B) (détection rapide sur spécimen clinique) (ELISA)		Rapport	Local	33,0
41370		C	VP				Micro-viro.	Rotavirus (détection rapide) (ELISA)		Résultat	Local	33,0
41371		C	VP				Micro-viro.	Virus respiratoire syncytial (VRS) (détection rapide sur spécimen clinique) (ELISA)		Résultat	Local	50,0
41382		C	VP				Micro-bact.	<i>Clostridioïdes difficile</i> (toxines A et B) (ELISA sur microplaque) (selles)		Rapport	Local	26,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
41417	*	C	VP				Micro-viro.	Protocole spécialisé pour la gestion des spécimens pour maladie à virus Ebola/maladies respiratoires sévères infectieuses (MVE/MRSI) au laboratoire		Spécimen	Local	30,0
45002		C	VP		I		Hémato-immunologie	Anti-récepteur glutamate (NMDA) (recherche d'anticorps)		Résultat	Supra	98,0
45004		C	VP				D. mol. infectiologie	Adénovirus; charge virale (TAAN) (quantitatif) sur sang		Résultat	Supra	50,0
45008		C	VP				D. mol. infectiologie	BK/JC polyomavirus; charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	54,0
45009		C	D, VPr				D. mol. infectiologie	<i>Bordetella pertussis</i> et <i>Bordetella parapertussis</i> (avec ou sans <i>Bordetella holmesii</i> ); détection (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	38,0
45010		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Bordetella pertussis</i> , <i>Bordetella parapertussis</i> , <i>Mycoplasma pneumoniae</i> et <i>Chlamydia pneumoniae</i> ; détection (TAAN) (multiplex) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	29,0
45011		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Bordetella pertussis</i> et <i>Bordetella parapertussis</i> ; détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	64,0
45013							D. mol. infectiologie	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; confirmation (TAAN) sur spécimen primaire		Rapport	Régional désigné	49,0
45015		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Candida auris</i> ; dépistage (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	14,3
45017		C	VP				D. mol. infectiologie	Carbapénémase (TAAN) (trousse homologuée)		Rapport	Régional désigné	35,0
45018		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Chlamydia trachomatis</i> et <i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; détection (TAAN) (multiplex) sur spécimen urinaire		Rapport	Local	5,1
45020		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Chlamydia trachomatis</i> et <i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; détection (TAAN) (multiplex) sur spécimen extra-génital		Rapport	Local	5,1
45021		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Clostridioides difficile</i> ; détection du gène de la toxine B (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	13,3
45022		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Chlamydia trachomatis</i> et <i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; détection (TAAN) (multiplex) sur spécimen génital		Rapport	Local	5,1
45023		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Trichomonas vaginalis</i> (TAAN) (trousse homologuée)		Résultat	Local	9,2
45024							D. mol. infectiologie	<i>Mycoplasma genitalium</i> (TAAN) (trousse homologuée)		Résultat	Local	17,1
45025							D. mol. infectiologie	Pathogènes entériques; détection multiplex (virus, bactéries et parasites) (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	120,0
45026							D. mol. infectiologie	<i>Clostridioides difficile</i> ; détection du gène de la toxine B (TAAN) sur spécimen clinique (trousse homologuée)		Rapport	Local	36,0
45027	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique (plateforme m2000/Alinity-m)		Rapport	Régional	33,0
45028	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique (Plateforme Cobas 5800/6800/8800)		Rapport	Régional	17,3
45029	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique (Plateforme Seegene)		Rapport	Régional	14,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
45030		C	VP				D. mol. infectiologie	Herpesviridea; résistance aux antiviraux (séquençage)		Rapport	Supra	619,0
45031	*						D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	28,0
45032		C	VP				D. mol. infectiologie	Cytomégalovirus (CMV) charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	36,0
45033	*						D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (test rapide, trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Local	62,0
45034	*						D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	14,8
45035		C	VP				D. mol. infectiologie	Entérocooccus résistant à la vancomycine (ERV); détection (TAAN) (trousse non homologuée ou test développé par le laboratoire) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	5,1
45036		C	VP				D. mol. infectiologie	Entérocooccus résistant à la vancomycine (ERV); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Local	33,0
45038		C	D, VP				D. mol. infectiologie	Entérovirus; détection (TAAN) sur <b>spécimens cliniques autres que selles</b>		Résultat	Supra	38,0
45040		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Escherichia coli</i> producteur de shiga-toxines (STEC); détection (TAAN) sur bouillon d'enrichissement		Résultat	Supra	21,0
45041		C	VP				D. mol. infectiologie	Gastroentérite bactérienne; détection multiples bactéries (TAAN) (multiplex, trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	40,0
45043		C	VP		I		D. mol. infectiologie	Gastroentérite bactérienne; détection multiples bactéries (TAAN) (multiplex) sur spécimen clinique (trousse non homologuée)		Rapport	Supra	17,6
45045		C	VP		I		D. mol. infectiologie	Gastroentérite virale; détection de multiples virus (TAAN) (multiplex, trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	63,0
45047							D. mol. infectiologie	Entérocooccus résistant à la vancomycine (ERV) et bactérie Gram négatif productrice de carbapénémase (BGNPC) (dépistage); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	35,0
45048							D. mol. infectiologie	Influenza A et B; détection (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Local	41,0
45050		C	VP				D. mol. infectiologie	Influenza A et B; avec ou sans sous-typage incluant amplification (TAAN) (multiplex) (trousse non homologuée ou test développé par le laboratoire) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	46,0
45051	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2), Influenza A et B et VRS; détection (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	97,0
45052	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2), Influenza A et B et VRS; détection (TAAN) (multiplex) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	23,0
45053	*						D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2) et Influenza A et B; détection (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	57,0
45054	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2) et Influenza A et B; détection (TAAN) (multiplex) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	31,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
45055	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Pathogènes respiratoires; détection multiplex (virus et bactéries, incluant SRAS-CoV-2) (TAAN) trousse homologuée sur spécimen clinique		Rapport	Régional	145,0
45056		C	VP				D. mol. infectiologie	Hépatite B (VHB); charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	28,0
45060	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Hépatite C (VHC); charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	28,0
45062		C	VP				D. mol. infectiologie	Hépatite E (VHE); charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	90,0
45064		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Herpes simplex</i> type 1 ou 2 (HSV1 ou HSV2); (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	44,0
45065		C	VP				D. mol. Infectiologie	Herpes simplex type 1, Herpes simplex type 2 (HSV1, HSV2) et virus Varicella-Zoster (VZV); (TAAN) (canal ouvert ou test développé par le laboratoire) sur échantillon muco-cutané		Rapport	Régional désigné	28,0
45066		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Herpes simplex</i> type 1 ou 2 (HSV1 ou HSV2); (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Résultat	Régional	57,0
45068		C	D, VP				D. mol. infectiologie	Herpes virus; HHV6; charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	14,3
45069		N*					D. mol. infectiologie	<i>Entamoeba histolytica/dispar</i> (amibiase) (TAAN)		Rapport	Régional désigné	27,0
45072		C	VP				D. mol. infectiologie	HLA-B*57:01 détection (TAAN) sur sang		Rapport	Supra	45,0
45074		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Plasmodium</i> sp. (Malaria); détection (TAAN) sur spécimen clinique (trousse homologuée)		Rapport	Régional désigné	82,0
45076		C	D, VP				D. mol. infectiologie	Méningite bactérienne; détection multiplex de bactéries (TAAN) sur liquide céphalorachidien (LCR)		Rapport	Supra	14,1
45077		C	VP		I		D. mol. infectiologie	Méningo-encéphalite; détection de multiples pathogènes (bactéries, virus, levure) (TAAN) (multiplex) sur liquide céphalorachidien (LCR)		Rapport	Régional	143,0
45082	*	C	VPr				D. mol. infectiologie	Mycobactéries; (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	58,0
45083	*	N					D. mol. infectiologie	Mycobactéries; (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	79,0
45084	*	C	D, ÉC, VPr				D. mol. infectiologie	Mycobactéries; identification (TAAN) sur culture solide ou liquide		Résultat	Régional	62,0
45085	*	N*	D, VPr				D. mol. infectiologie	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; détection de <i>M. tuberculosis</i> et détection de la résistance à la rifampicine (TAAN) sur culture ou spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	66,0
45086		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Mycoplasma hominis</i> , <i>Mycoplasma genitalium</i> et <i>Ureaplasma</i> spp.; détection (TAAN) (multiplex) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	88,0
45088		C	D, VPr				D. mol. infectiologie	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> , <i>Chlamydomphila pneumoniae</i> et <i>Legionella pneumoniae</i> ; (TAAN) (multiplex) sur spécimen respiratoires inférieurs		Rapport	Régional désigné	19,7
45092		C	VP		I		D. mol. infectiologie	Paréchovirus charge virale (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	13,6
45094		C	VP				D. mol. infectiologie	Parvovirus B 19; (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	144,0
45098		C	VPr				D. mol. infectiologie	Protozoaires entériques; (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	47,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
45099		C	VP				D. mol. infectiologie	Staphylococcus aureus résistant à la méthicilline (SARM); détection (TAAN) (trousse non homologuée ou test développé par le laboratoire) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	4,8
45100		C	VP				D. mol. infectiologie	Staphylococcus aureus résistant à la méthicilline (SARM); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Local	32,0
45104		C	VP				D. mol. infectiologie	Tropheryma whipplei; détection (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	195,0
45105		C	VP				D. mol. infectiologie	Vaginose bactérienne (TAAN) (trousse homologuée)		Rapport	Régional désigné	18,2
45106		C	VP				D. mol. infectiologie	Vaginite à levures (TAAN) (trousse homologuée)		Rapport	Régional désigné	10,1
45108		C	VP				D. mol. infectiologie	Rougeole; génotypage souche A (souche vaccinale – genoA) (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	12,1
45110		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus Varicella-Zoster (VVZ); détection (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	59,0
45111		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus de la rougeole; détection (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	36,0
45112	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH) charge virale (TAAN) (quantitatif) sur sang		Résultat	Régional désigné	27,0
45113		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus Varicella-Zoster (VVZ); détection (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Résultat	Régional désigné	49,0
45114	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH) génotypage de l'intégrase (séquençage) sur sang		Rapport	Supra	131,0
45116	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH) génotypage du tropisme (séquençage) sur sang		Rapport	Supra	329,0
45118	*	C	VP				D. mol. infectiologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH) génotypage pour résistance aux antirétroviraux (séquençage) sur sang		Rapport	Supra	195,0
45120		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus Epstein-Barr (EBV); charge virale (TAAN) (quantitatif) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	59,0
45124	*	C	D, VPr				D. mol. infectiologie	Virus du papillome humain (VPH); détection de groupes oncogènes (TAAN) (multiplex, trousse homologuée) sur spécimen clinique - dépistage		Rapport	Régional désigné	15,6
45125	*	N*	VP				D. mol. infectiologie	Virus du papillome humain (VPH); détection de groupes oncogènes (TAAN) (multiplex, trousse homologuée) sur spécimen clinique - réservé à la clinique de coloscopie		Rapport	Régional désigné	15,6
45127	*	N*	VP				D. mol. infectiologie	Virus du papillome humain (VPH); détection de groupes oncogènes (TAAN) (multiplex, trousse homologuée) sur spécimen clinique - auto-prélèvement		Rapport	Régional désigné	15,6
45130		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus respiratoire syncytial (VRS); détection (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	36,0
45131							D. mol. infectiologie	Virus respiratoire; détection multiplex 3 virus (influenza A, influenza B et VRS) (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Local	40,0
45132		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus respiratoires; détection multiplex ≥ 12 virus (TAAN) (multiplex) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional	114,0
45134		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus respiratoires; détection multiplex ≥ 12 virus (TAAN) (multiplex) (trousse non homologuée ou développée par le laboratoire) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	60,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
45139		C	VPr				D. mol. infectiologie	Infections articulaires; détection de bactéries, levures et gènes de résistance antimicrobien (TAAN) (multiplex) (liquide synovial)		Rapport	Régional désigné	160,0
45140		C	VP				D. mol. infectiologie	Virus du sarcome de Kaposi (HHV8); détection (TAAN) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	290,0
45141		C	D, VP				D. mol. infectiologie	Détection multiplex de 8 bactéries sur liquide biologique normalement stérile (trousse non homologuée ou développée par le laboratoire)		Rapport	Supra	45,0
45142		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Streptococcus agalactiae</i> (Streptocoque du groupe B-SGB); dépistage prénatal (TAAN) (trousse non homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Supra	19,3
45143		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Pneumocystis jirovecii</i> ; détection (TAAN semi-quantitatif / quantitatif)		Rapport	Régional désigné	105,0
45144		C	VP				D. mol. infectiologie	<i>Streptococcus agalactiae</i> (streptocoque du groupe B-SGB); dépistage prénatal (TAAN) (trousse homologuée) sur spécimen clinique		Rapport	Régional désigné	21,0
50055		C	VPr				Génétique-cyto.	Analyse chromosomique pour détection des variations du nombre de copies (CNV) (par CGH, SNG ou autres)		Rapport	Supra	552,0
50105		C	D				Génétique-cyto.	Analyse quantitative post détection de CNV pour confirmation ou dépistage familial (par TAAN ou MLPA)		Rapport	Supra	154,0
50390		C	VP				Génétique-bio.	Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)		Rapport	Supra	78,0
50400		C	VP				Génétique-bio.	Précurseur du cholestérol ou profil des stérols plasmatiques		Rapport	Supra	49,0
50401		C	VP				Génétique-bio.	AcétylCoA: glucosaminide N-acétyltransférase (MPS III C)		Rapport	Supra	430,0
50404		C	VP				Génétique-bio.	Acide méthylmalonique		Rapport	Supra	24,0
50405		C	VP				Génétique-bio.	Acide orotique		Rapport	Supra	98,0
50407		C	VP				Génétique-bio.	Acide pipécolique		Rapport	Supra	47,0
50409		C	VP				Génétique-bio.	Acidémie méthylmalonique + homocystéinémie, diagnostic par complémentarité cellulaire		Rapport	Supra	1843,0
50410		C	VP				Génétique-bio.	Acidémie méthylmalonique avec homocystéinémie, dosage des cofacteurs cobalamine		Rapport	Supra	1271,0
50412		C	VP				Génétique-bio.	Acides aminés (quantitatif)		Rapport	Supra	55,0
50415		C	VP				Génétique-bio.	Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)		Rapport	Supra	136,0
50416		C	VP				Génétique-bio.	Acide sialique		Rapport	Supra	112,0
50417		C	VP				Génétique-bio.	Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)		Rapport	Supra	35,0
50419		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-fucosidase (fucosidose)		Rapport	Supra	253,0
50420		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-galactosidase A (Fabry)		Rapport	Supra	251,0
50421		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-glucosidase (GSD II)		Rapport	Supra	271,0
50422		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-iduronidase (MPS I)		Rapport	Supra	306,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
50423		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-mannosidase (mannosidose)		Rapport	Supra	259,0
50424		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-N-acétyl-D-glucosaminidase (MPS III B)		Rapport	Supra	310,0
50425		C	VP				Génétique-bio.	Alpha-N-acétylgalactosaminidase (Schindler)		Rapport	Supra	323,0
50429		C	VP				Génétique-bio.	Arylsulfatase A (leucodystrophie métachromatique)		Rapport	Supra	248,0
50432		C	VP				Génétique-bio.	Acides gras libres (colorimétrique-enzymatique automatisée)		Résultat	Supra	13,7
50433		C	VP		I		Génétique-bio.	Acidurie glutarique de type 1 (GA-1); Dosage de l'acide 3-hydroxyglutarique sur spécimen urinaire (GC-MS)		Résultat	Supra	189,0
50440		C	VP				Génétique-bio.	Acyglycines urinaires (LC-MS/MS)		Résultat	Supra	225,0
50450		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-galactocérébrosidase (Krabbe)		Rapport	Supra	491,0
50451		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-galactosidase (MPS IV B / GM1 gangliosidose)		Rapport	Supra	197,0
50452		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-glucosidase (Gaucher)		Rapport	Supra	250,0
50453		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-glucuronidase (MPS VII)		Rapport	Supra	250,0
50454		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-hexosaminidase A (gangliosidose GM2) (dosage avec substrat sulfaté)		Rapport	Supra	209,0
50455		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-hexosaminidase totale, A et B (gangliosidose GM2)		Rapport	Supra	363,0
50456		C	VP				Génétique-bio.	Bêta-mannosidase (mannosidose)		Rapport	Supra	251,0
50457		C	VP				Génétique-bio.	Biotinidase		Rapport	Supra	113,0
50472		C	VP				Génétique-bio.	Carnitine libre et estérifiée (LC-MS/MS)		Rapport	Supra	69,0
50476		C	VP				Génétique-cyto.	Culture de cellules fibroblastiques pour étude génétique (incluant recherche <i>Mycoplasma</i> )		Spécimen	Supra	1353,0
50477		C	VP				Génétique-bio.	Cystinose-lysosome (maladie lysosomiale)		Rapport	Supra	359,0
50483		C	VP			TC	Dépistage néonatal	Amyotrophie spinale (SMA), Déficit immunitaire combiné sévère (SCID); Trousse A ( <i>TREC</i> ; <i>SMN1</i> ); (TAAN) sur sang séché		Rapport	Supra	54,0
50484		C	VP			TC	Dépistage néonatal	Amyotrophie spinale (SMA); Trousse B ( <i>SMN1</i> ; <i>TREC</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention, partie 1; (TAAN) sur sang séché		Rapport	Supra	5,3
50485		C	D, VPr			TC	Dépistage néonatal	Amyotrophie spinale (SMA); Trousse C1 ( <i>SMN1</i> ) et trousse C2 ( <i>SMN2</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention, partie 2.1 et 2.2; (TAAN) sur sang séché		Rapport	Supra	144,0
50487		C	VP				Dépistage néonatal	Déficit immunitaire combiné sévère (SCID); Trousse B ( <i>TREC</i> ; <i>SMN1</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention; (TAAN) sur sang séché		Rapport	Supra	9,2
50488							Dépistage néonatal	Dépistage néonatal des syndromes drépanocytaires majeurs (HPLC)		Spécimen	Supra	2,1
50489							Dépistage néonatal	Dépistage néonatal des syndromes drépanocytaires majeurs - test de 2 <sup>e</sup> intention (électrophorèse capillaire)		Spécimen	Supra	9,8

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
50520		C	VP				Génétique-bio.	Galactosamine-6-sulfatase (MPS IV A)		Rapport	Supra	255,0
50521		C	VP				Génétique-bio.	Galactose-1-phosphate (enzymatique)		Rapport	Supra	435,0
50523		C	VP				Génétique-bio.	Guanidinoacétate-créatine		Rapport	Supra	22,0
50524		C	VP				Génétique-bio.	Globotriaosylceramide urinaire (Gb3) (LC-MS/MS)		Rapport	Supra	52,0
50530		C	VP				Génétique-bio.	Héparan sulfate sulfatase (MPS III A)		Rapport	Supra	449,0
50540		C	VP				Génétique-bio.	Iduronate sulfatase (MPS II)		Rapport	Supra	412,0
50550		C	VP			TC	Génétique-bio.	Lipase acide (Wolman / CESD)		Rapport	Supra	251,0
50561		C	VP				Génétique-bio.	Méthylènetétrahydrofolate réductase (MTHFR) indice d'incorporation MTHF		Rapport	Supra	1308,0
50562		C	VP		I		Génétique-bio.	Mucopolysaccharides (glycosaminoglycans) (LC MS-MS)		Rapport	Supra	22,0
50565		C	VP		I		Génétique-bio.	Mucopolysaccharides (glycosaminoglycans) (quantitatif)		Rapport	Supra	113,0
50570		C	VP				Génétique-bio.	N-acétylglucosamine 6-sulfate sulfatase (MPS III D)		Rapport	Supra	450,0
50580		C	VP				Génétique-bio.	Oligosaccharides		Rapport	Supra	36,0
50600							Dépistage néonatal	Phénylalanine sur sang séché		Spécimen	Supra	1,0
50601		C	VP				Génétique-bio.	Dosage des protéines pour test génétique biochimique		Spécimen	Supra	111,0
50602		C	VP				Génétique-bio.	Isolation de leucocytes pour test en génétique biochimique		Spécimen	Régional	129,0
50603		C	VP				Génétique-bio.	Hexosaminidase totale seulement		Rapport	Supra	197,0
50604		C	VP				Génétique-bio.	Propionyl-coA-carboxylase, indice d'incorporation de propionate		Rapport	Supra	1137,0
50605		C	VP				Génétique-bio.	Purines et pyrimidines		Rapport	Supra	32,0
50608		C	VP				Génétique-bio.	Acides gras à longue chaîne (profil complet) (GC/MS)		Rapport	Supra	51,0
50620		C	VP				Génétique-bio.	Sialidase / neuraminidase (sialidose)		Rapport	Supra	254,0
50621		C	VP				Génétique-bio.	Sphingomyélinase (Niemann-pick A et B)		Rapport	Supra	354,0
50624		C	VP				Génétique-bio.	Succinylacétone (quantitatif) (GC-MS)		Rapport	Supra	86,0
50640		C	VP				Génétique-bio.	Tests métaboliques urinaires (DNPH - sulfitest)		Rapport	Régional	38,0
50641		C	VP				Dépistage néonatal	Thyroxine (T4) totale sur sang séché		Spécimen	Supra	5,4
50642		C	VP				Génétique-bio.	Transcobalamine II		Rapport	Supra	1227,0
50645							Dépistage néonatal	Tyrosine sur sang séché		Spécimen	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
50646		C	VP				Dépistage néonatal	Trypsine immunoréactive (IRT) sur sang séché		Rapport	Supra	3,8
50648	*	C	VP				Génétique-cyto.	Dissection de villosités chorales et culture		Rapport	Supra	263,0
50649	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype villosités chorales sur technique directe		Rapport	Supra	432,0
50710	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype (liquide amniotique)		Rapport	Supra	708,0
50711	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype (sang)		Rapport	Supra	556,0
50712	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype (tissus)		Rapport	Supra	910,0
50713	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype pour hémopathies (moelle et sang)		Rapport	Supra	1118,0
50714	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype pour tumeur solide		Rapport	Supra	1399,0
50715	*	C	VP				Génétique-cyto.	Caryotype villosités chorales après culture		Rapport	Supra	731,0
50716		C	VP				Génétique-cyto.	Colorations spéciales en cytogénétique (bande C-Q-DAPI-NOR)		Lame	Supra	280,0
50717		C	VP				Génétique-cyto.	Culture cellulaire avec étude fonctionnelle cytogénétique inactivation de l'X		Rapport	Supra	1168,0
50718		C	VP				Génétique-cyto.	Culture cellulaire pour diagnostic génétique (cellules en suspension)		Spécimen	Supra	131,0
50719	*	C	VP				Génétique-cyto.	FISH sur noyau interphasique pour détection de réarrangement en oncologie avec sonde de fusion ou de séparation		Sonde	Supra	244,0
50720	*	C	VP				Génétique-cyto.	FISH en interphase		Sonde	Supra	292,0
50722	*	C	VP				Génétique-cyto.	FISH sur métaphase		Sonde	Supra	266,0
50723		C	VP				Génétique-cyto.	Congélation de culture cellulaire pour étude génétique		Spécimen	Supra	35,0
50724		C	VP				Génétique-cyto.	Décongélation et remise en culture de cellules pour étude génétique		Spécimen	Supra	32,0
50728		C	VP				Génétique-cyto.	Culture cellulaire pour diagnostic génétique (cellules adhérentes)		Spécimen	Supra	343,0
50729	*	C	VP				Génétique-cyto.	FISH sur tissu paraffiné (tout type de sonde)		Sonde	Supra	317,0
50740		C	VP				Génétique-cyto.	Diagnostic des cassures chromosomiques (Fanconi, Bloom, etc.)		Rapport	Supra	1372,0
50742		C	VP				Génétique-cyto.	Diagnostic préimplantatoire (DPI) pour anomalie de structure chromosomique (PGT-SR) (par embryon)		Rapport	Supra	465,0
50744		C	VP				Génétique-cyto.	Diagnostic préimplantatoire (DPI) pour maladie monogénique (PGT-M); analyse de cas et design de test		Rapport	Supra	1543,0
50746		C	VP				Génétique-cyto.	Diagnostic préimplantatoire (DPI) pour maladie monogénique (PGT-M); analyse préimplantatoire (par embryon)		Rapport	Supra	548,0
50800							Dépistage néonatal	TSH sur sang séché		Spécimen	Supra	2,0
50802							Dépistage néonatal	Dépistage néonatal d'erreurs innées du métabolisme (MS-MS)		Spécimen	Supra	10,9

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
50804		N					Dépistage néonatal	Homocystéine et acides méthylmalonique, propionique et méthylcitrique		Rapport	Supra	64,0
55002		C	VP			TC	D. mol. maladie héréditaire	Apolipoprotéine E; APOE (Cys112Arg et Arg158Cys) (TAAN)		Résultat	Supra	75,0
55008		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Hypercholestérolémie familiale (gène récept. LDL) (del 5-15 Kb) (TAAN)		Rapport	Supra	121,0
55010		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Hypercholestérolémie familiale (HF), gène R-LDL Panel 1 (del 5, del 15 kb, Trp66Gly, Cys646Tyr) (TAAN)		Rapport	Supra	71,0
55012		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Hypercholestérolémie familiale (HF), gène R-LDL Panel 2 (Glu207Lys, Cys152Trp, Arg329Xaa, Cys347Arg, Tyr468Xaa, Tyr354Cys, 681ins7) (TAAN)		Rapport	Supra	108,0
55014							D. mol. maladie héréditaire	Lipoprotéine lipase (gène LPL) Panel 1 (Pro207Leu, Gly188Glu, Asp9Asn) (TAAN)		Rapport	Supra	47,0
55016		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Lipoprotéine lipase (gène LPL) Panel 2 (Asp9Asn, Asp250Asn, Asn291Ser) (TAAN)		Rapport	Supra	32,0
55036		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Séquençage des régions non couvertes par SNG de gènes associés aux cardiomyopathies/arythmies/aortopathies héréditaires (cardiogénétique) (séquençage Sanger)		Rapport	Supra	382,0
55037		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Séquençage des régions non couvertes par SNG de gènes associés à l'hypercholestérolémie familiale, hyperchylomicronémie familiale, hyperalphalipoprotéïnémie familiale et sitostérolémie (dyslipidémies familiales) (séquençage Sanger)		Rapport	Supra	383,0
55039		C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel global de gènes associés aux cardiomyopathies/arythmies/aortopathies héréditaires (cardiogénétique) (panel global) (SNG) (technique seulement)		Échantillon	Supra	458,0
55041		C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel global de gènes associés à l'hypercholestérolémie familiale, hyperchylomicronémie familiale, hyperalphalipoprotéïnémie familiale et sitostérolémie (dyslipidémies familiales) (SNG) (technique seulement)		Échantillon	Supra	458,0
55042				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel de gènes associés aux cardiomyopathies analysé à partir des données du panel global (cardiogénétique) (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55043		C	VP	R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel de gènes à partir de données SNG déjà existantes pour l'hypercholestérolémie familiale, hyperchylomicronémie familiale, hyperalphalipoprotéïnémie familiale et sitostérolémie (dyslipidémies familiales) (séquençage Sanger)		Rapport	Supra	393,0
55067				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel de gènes associés aux arythmies héréditaires analysé à partir des données du panel global (cardiogénétique) (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55068				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel de gènes associés aux aortopathies héréditaires analysé à partir des données du panel global (cardiogénétique) (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55069				R			D. mol. Maladie héréditaire	Recherche de variant nucléotidiques (SNV) familiale ou confirmation de SNV (cardiogénétique) (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55070				R			D. mol. Maladie héréditaire	Recherche de variant nucléotidiques (SNV) familiale ou confirmation de SNV (dyslipidémies familiales) (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55081		C	D, VP			TC	D. mol. maladie héréditaire	Amyloïdose héréditaire TTR; <i>TTR</i> ; (séquençage, régions codantes complètes)		Rapport	Supra	219,0
55126		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Achondroplasie - hypochondroplasie (exons 10 et 13) ( <i>FGFR3</i> ) (séquençage)		Rapport	Supra	231,0
55132		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Acidémie méthylmalonique avec homocystinurie; <i>MMACHC</i> , <i>LMBR1D</i> (séquençage)		Rapport	Supra	313,0
55133		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Amyotrophie spinale (SMA); délétion exon 7 <i>SMN1</i> , <i>SMN2</i> (TAAN)		Rapport	Supra	114,0
55134		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Amyotrophie spinale (SMA); délétion exon 7 <i>SMN1</i> ; (MLPA)		Rapport	Supra	483,0
55136		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Amyotrophie spinale (SMA); <i>SMN1</i> (exon 7-8 del) (TAAN)		Rapport	Supra	353,0
55138		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Amyotrophie spinale (SMA); <i>SMN1</i> ; (étude familiale par liaison génétique)		Rapport	Supra	1584,0
55142		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Ataxie de Friedreich (FA); <i>FXN</i> (expansion de trinuécléotides); (TAAN)		Rapport	Supra	96,0
55156		C	VP				D. mol. oncologie	Cancer du côlon; <i>MLH1</i> ; méthylation du promoteur (TAAN)		Rapport	Supra	149,0
55171		C	VP			TC	D. mol. cancérologie héréditaire	Cancer du sein, cancer de l'ovaire, héréditaire; <i>BRCA1</i> et <i>BRCA2</i> - recherche de mutations (SNG)		Rapport	Supra	584,0
55172		C	VP				D. mol. cancérologie héréditaire	Néoplasie endocrinienne multiple type II (MEN II); <i>RET</i> ; (7 exons) (séquençage)		Rapport	Supra	565,0
55174		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Charcot-Marie-Tooth lié à l'X type 1 ( <i>CMTX1</i> ); <i>GJB1</i> ; (séquençage, régions codantes complètes)		Rapport	Supra	344,0
55176		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Charcot-Marie-Tooth type 1A ( <i>CMT1A</i> ); <i>PMP22</i> ; (TAAN quantitatif)		Rapport	Supra	421,0
55178		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Cirrhose nord amérindienne infantile (NAIC); <i>CIRHIN</i> ( <i>CIRH1A</i> ); Arg565Trp; (TAAN)		Rapport	Supra	232,0
55180		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Craniosynostose, syndrome d'Apert; <i>FGFR2</i> (Ser252Trp et Pro253Arg); (TAAN)		Rapport	Supra	250,0
55182		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Craniosynostose, syndrome de Muenke; <i>FGFR3</i> (Pro250Arg); (TAAN)		Rapport	Supra	243,0
55194		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Déficit congénital en glycosylation type 1b (CDG-Ib); <i>MPI</i> (Arg295His)		Rapport	Supra	20,0
55196		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Déficit en acyl-CoA déshydrogénase à chaîne moyenne (MCAD); <i>ACADM</i> (SNG)		Rapport	Supra	86,0
55198		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Déficit en alpha-1 antitrypsine (AATD); <i>SERPINA1</i> (Arg101His, Ala213Val, Glu264Val, Glu342Lys et Glu376Asp)		Rapport	Supra	240,0
55204	*	C	VP		I		D. mol. maladie héréditaire	Détection rapide des aneuploïdies par QF-PCR (chromosomes 13, 18, 21, X et Y) (TAAN)		Rapport	Supra	209,0
55205		C	VP	R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Détermination du sexe fœtal par analyse de l'ADN circulant (pour risque génétique) (SNG)		Rapport	Supra	295,0
55208		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Dysplasie ectodermique hidrotique ou syndrome de Clouston; <i>GJB6</i> (Gly11Arg, Val37Glu, Asp50Asm et Ala88Val)		Rapport	Supra	275,0
55209		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Dysplasie thanatophore de types I et II (Exons 7, 10, 15 et 19) ( <i>FGFR3</i> ) (séquençage)		Rapport	Supra	350,0
55212		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Dystrophie musculaire de Duchenne et dystrophie musculaire de Becker; <i>DMD</i> ; (délétion/duplication)		Rapport	Supra	307,0
55214		C	D, VP				D. mol. maladie héréditaire	Dystrophie myotonique de Steinert; (expansion de trinuécléotides) ( <b>immunobuvardage Southern</b> )		Rapport	Supra	481,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55219		C	VP				Dépistage néonatal	Fibrose kystique (FK); <i>CFTR</i> ; (panel de 71 mutations) sur sang séché		Rapport	Supra	93,0
55221		C	VP	R	I		D. mol. maladie héréditaire	Fibrose kystique (FK); <i>CFTR</i> (SNG)		Rapport	Supra	345,0
55223		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Fièvre méditerranéenne familiale (FMF); <i>MEFV</i> (Glu148Gln, Met680Ile, Met694Val, Met694Ile et Val726Ala) (TAAN)		Rapport	Supra	294,0
55224		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Hémochromatose héréditaire type I; <i>HFE</i> (C282Y, H63D) (TAAN)		Rapport	Supra	24,0
55228		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Infertilité mâle microdélétion du chromosome Y (TAAN)		Rapport	Supra	351,0
55236		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Encéphalite Cree; <i>TREX1</i> : Arg164Xaa, (TAAN)		Rapport	Supra	26,0
55238		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Leucoencéphalopathie Cree; eIF2B5: (Arg195His) (TAAN)		Rapport	Supra	26,0
55244		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Maladie de Huntington (HD); <i>HTT</i> (expansion de trinuécléotides)		Rapport	Supra	445,0
55250		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Maladie de Tay-Sachs ou gangliosidose à GM2 variant B; <i>HEXA</i> ; (SNG)		Rapport	Supra	364,0
55252		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Maladies juives ashkénazes : maladie de Canavan (CD), maladie de Tay-Sachs, dysautonomie familiale; (panel de mutations juives ashkénazes) (SNG)		Rapport	Supra	373,0
55254		C	VP				Génétique-bio.	Maladie mitochondriale, activité enzymatique		Rapport	Supra	1157,0
55255		C	VP				Génétique-bio.	Maladie mitochondriale, détection des complexes I à V (BN-PAGE)		Rapport	Supra	773,0
55256		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Maladie mitochondriale, ADN mt (SNG) (technique et interprétation)		Résultat	Supra	667,0
55266		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Phénylcétonurie (PCU); <i>PAH</i> (SNG)		Rapport	Supra	364,0
55288		C	D, VPr				D. mol. maladie héréditaire	Surdité non syndromique; <i>GJB2</i> , <i>GJB6</i> , Connexine 26 (SNG)		Rapport	Supra	426,0
55292		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Surdité non syndromique; <i>GJB6</i> , Connexine 30, 2 délétions (TAAN)		Rapport	Supra	87,0
55294		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Syndrome de l'X fragile; <i>FMR1</i> (expansion de trinuécléotides)		Rapport	Supra	143,0
55298		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Syndrome de Prader-Willi, syndrome d'Angelman; (MS-TAAN, profil de méthylation et détection du nombre de copies par MLPA)		Rapport	Supra	211,0
55300		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Syndrome de RETT, gène <i>MECP2</i> (séquençage et MLPA)		Rapport	Supra	659,0
55302		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Syndrome triple H ou syndrome de l'hyperornithinémie-hyperammoniémie-homocitrullinurie (SLC25A15: p.Phe188del) (séquençage)		Rapport	Supra	326,0
55305	*	C	VP				Dépistage prénatal	Test génomique prénatal non invasif (TGPNi)		Rapport	Supra	315,0
55309		N					D. mol. maladie héréditaire	Six maladies récessives du Saguenay-Lac-Saint-Jean; (TAAN) recherche de mutations sur prélèvement sanguin ou liquide biologique		Rapport	Supra	43,0
55311	*	C	D, VPr				D. mol. maladie héréditaire	Offre populationnelle – Six maladies récessives du Saguenay – Lac-Saint-Jean; (TAAN) recherche de mutations sur prélèvement de cellules buccales		Rapport	Régional désigné	48,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55313	*	C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Quatre maladies récessives du Saguenay-Lac-Saint-Jean; (SACS 6594ΔT, SACS 5254C>T, LRPPRC C1061T, SLC12A6 2436ΔG, FAH IVS12+5G>A; (TAAN) recherche de mutations sur prélèvement sanguin ou liquide biologique		Rapport	Supra	36,0
55315					I		D. mol. maladie héréditaire	Mucopolidose de type II (MLII); <i>GNPTAB</i> : c.3503_3504delTC (séquençage, mutation individuelle)		Rapport	Supra	46,0
55317		N					D. mol. maladie héréditaire	Recherche de délétion ou duplication (CNV) pour confirmation ou dépistage familial (MLPA)		Rapport	Supra	409,0
55318	*	C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Maladies héréditaires; mutation familiale pour confirmation ou dépistage familial (séquençage Sanger)		Rapport	Supra	285,0
55319	*	C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Maladies héréditaires; mutation familiale pour confirmation ou dépistage familial (SNG)		Rapport	Supra	285,0
55320		C	VP		I		D. mol. maladie héréditaire	Tyrosinémie héréditaire de type 1; <i>FAH</i> (14 exons) (séquençage Sanger)		Rapport	Supra	422,0
55336				R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux hyperthermies malignes analysé à partir des données de séquençage de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55340				R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel global de gènes associés aux maladies musculaires analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55350				R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à la sclérose latérale amyotrophique analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55352		C	VP		I		D. mol. Maladie héréditaire	Analyse d'expansion des répétitions ATXN2 (TAAN)		Rapport	Supra	172,0
55354		C	VP		I		D. mol. Maladie héréditaire	Analyse d'expansion des répétitions C9orf72 (TAAN)		Rapport	Supra	243,0
55356		C	VP	R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Séquençage des gènes SOD1, FUS et TARDBP (SNG)		Rapport	Supra	402,0
55360				R	I		D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux troubles neurodéveloppementaux analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55365		C	VP	R	I		D. mol. maladie héréditaire	Séquençage des gènes liés au syndrome de Noonan/RASopathie (prénatal et postnatal)(SNG) (technique et interprétation)		Rapport	Supra	631,0
55370				R	I		D. mol. maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux maladies mitochondriales liées à des mutations de l'ADN nucléaire analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55372				R	I		D. mol. maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux syndromes polymalformatifs (en contexte post-natal) analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55373				R	I		D. mol. maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux anomalies foetales analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55374	*	C	VP	R	I		D. mol. oncologie héréditaire	Panel global de gènes de prédisposition aux tumeurs solides de l'adulte (SNG) (technique et interprétation)		Échantillon	Supra	561,0
55376	*			R	I		D. mol. oncologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer du sein analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55378	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer de l'ovaire analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55380	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer du pancréas non associé à la pancréatite chronique héréditaire analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55382	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer de la prostate analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55384	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer de l'endomètre analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55386	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer du côlon analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55387		N*		R			D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer rénal analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55388	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition aux polyposes colorectales analysé à partir des données du panel global (compilation seulement) (excluant le syndrome de Lynch)		Rapport	Supra	1,0
55389		N*		R			D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au cancer endocrinien analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55390	*			R	I		D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition aux cancers gastriques héréditaires analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55391		N*		R			D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition au mélanome analysé à partir des données du panel global (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55392				R			D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition aux tumeurs solides pédiatriques; analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55393				R			D. mol. cancérologie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes de prédisposition aux tumeurs hématologiques pédiatriques, cytopénie, insuffisance médullaire; analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55400		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Vérification de l'identité de l'échantillon (génotypage SNaPshot) (ADN)		Échantillon	Supra	57,0
55402		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Vérification de l'identité de l'échantillon (génotypage SNaPshot) (ARN)		Échantillon	Supra	89,0
55403				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel global de gènes associés aux erreurs innées de l'immunité analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55404				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux erreurs innées du complément analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55405				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés au déficit immunitaire combiné sévère (SCID) analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55406				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à la maladie inflammatoire de l'intestin très précoce (VEOIBD) analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55407				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés au syndrome d'hyper-IgE analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55408				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à l'hypogammaglobulinémie et à la dysrégulation immunitaire primitive analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55409				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux maladies auto-inflammatoires analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55410				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés au syndrome de prédisposition mendélienne aux infections mycobactériennes (MSMD) analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55411				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à la neutropénie congénitale analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55412				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à l'hémophagocytose lymphohistiocytaire et à l'infection chronique active au virus Epstein Barr analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55413				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux erreurs innées de l'immunité intrinsèque analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55414				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés au défaut de production de superoxyde analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55415				R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à l'épilepsie analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
55416		N		R			D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés à la surdit� non syndromique analysé à partir de l'exome (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55417		N		R		TC	D. mol. Maladie héréditaire	Analyse rapide des donn�es de l'exome � vis�e th�rapeutique ou d'orientation pour maladie monog�nique (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
55418		N*	VP				D. mol. Maladie héréditaire	Analyse chromosomique pour d�tection des variations du nombre de copies (CNV) par s�quen�age du g�nome � faible couverture (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	138,0
55420	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interpr�tation SNG � partir de l'exome; panel virtuel de 1 g�ne (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	82,0
55421	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interpr�tation SNG � partir de l'exome; panel virtuel de 2-20 g�nes (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	123,0
55422	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interpr�tation SNG � partir de l'exome; panel virtuel de 21-100 g�nes (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	164,0
55423	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interpr�tation SNG � partir de l'exome; panel virtuel de 101-500 g�nes (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	205,0
55424	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interpr�tation SNG � partir de l'exome; panel virtuel de plus de 501 g�nes en solo ou en duo (interpr�tation seulement)		Rapport	Supra	301,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
55425	*	C	VPr	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interprétation SNG à partir de l'exome; panel virtuel de plus de 501 gènes en trio (interprétation seulement)		Rapport	Supra	247,0
55426	*	C	VP	R			D. mol. Maladie héréditaire	Interprétation SNG élargissement à l'exome après un panel virtuel de gènes (interprétation seulement)		Rapport	Supra	82,0
60000		C	VP				Pathologie clinique	Assistance à autopsie Creutzfeldt-Jakob		Usager	Supra	276,0
60002	*	C	VP				Pathologie clinique	Assistance à autopsie métabolique ou mort subite du nourrisson (incluant radiologie, éviscération et tous prélèvements) (réservé à pédiatrie)		Usager	Supra	285,0
60003		C	VP				Pathologie-fertilité	Anti-spermatozoïdes (sperme / sérum) (IgG et IgA)		Rapport	Régional	34,0
60005	*	C	VPr				Pathologie-fertilité	Conservation des paillettes de sperme (banque de sperme)		Paillette	Régional	4,0
60006		C	VP				Pathologie-fertilité	Cryopréservation (sperme) (transformation)		Usager	Régional	82,0
60029		N					Pathologie clinique	Assistance à autopsie réalisée à la demande du coroner (incluant éviscération et tous prélèvements, excluant prélèvement de moelle épinière)		Usager	Local	401,0
60030	*	C	D, VP				Pathologie clinique	Assistance à autopsie hospitalière (incluant éviscération et tous prélèvements, excluant prélèvement de moelle épinière)		Usager	Local	401,0
60031		C	VP				Pathologie clinique	Assistance à autopsie foetale (incluant placenta et tous prélèvements)		Usager	Local	201,0
60040	*	C	VP		I	TC	Pathologie clinique	Cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC); PD-L1 (immunohistochimie)		Lame	Régional désigné	100,0
60041	*	C	VP		I	TC	Pathologie clinique	Cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC); ALK (immunohistochimie)		Lame	Régional désigné	17,3
60042	*	C	D, VP			TC	Pathologie clinique	Protéines de réparation des mésappariements de l'ADN (MLH1, MSH2, MSH6 et PMS2) (instabilité des microsatellites (MSI-H)) (immunohistochimie)		Lame	Régional	32,0
60044	*				I	TC	Pathologie clinique	Analyse de ROS1 par immunohistochimie (IHC)		Lame	Régional désigné	39,0
60046	*	C	VP		I	TC	Pathologie clinique	Marqueurs tumoraux spécifiques (PD-L1) (immunohistochimie) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional désigné	96,0
60047		N				TC	Pathologie clinique	Marqueurs tumoraux spécifiques (FOLR1) (immunohistochimie) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional désigné	22,0
60050		C	VP				Pathologie clinique	Coloration spéciale		Lame	Local	29,0
60051		C	VP				Pathologie clinique	Coloration spéciale : lame grand format		Lame	Régional	37,0
60090		C	VP				Pathologie clinique	Coloration de routine, tissu paraffiné, lame grand format		Lame	Régional	24,0
60100	*	C	VPr				Pathologie clinique	Mise en cassette avec ou sans assistance au pathologiste, résident ou assistant pathologiste		Cassette	Local	2,5
60101	*	C	VP				Prélèvements	Assistance pour prélèvement de biopsie (pour pathologie ou cytologie) (excluant déplacement)		Usager	Local	132,0
60120		C	VP				Pathologie clinique	Description de placenta (mise en cassette non incluse)		Spécimen	Local	33,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
60122	*	C	D, VP				Pathologie clinique	Description macroscopique de pièces chirurgicales complexes (entre 5 et 15 min) effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste (mise en cassette non incluse)		Spécimen	Local	16,5
60124	*	C	D, VP				Pathologie clinique	Description macroscopique de pièces chirurgicales non complexes (moins de 5 min) effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste (mise en cassette non incluse)		Spécimen	Local	4,1
60128	*	C	D, VP				Pathologie clinique	Description macroscopique de pièces chirurgicales très complexes (plus de 15 min) effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste (mise en cassette non incluse)		Spécimen	Local	63,0
60140		C	VP				Pathologie clinique	Enrobage dans agar et fixation pour micro-spécimen		Cassette	Local	5,3
60141		C	VP				Pathologie clinique	Examen extemporané (coloration incluse)		Lame	Local	23,0
60142	*	C	VP				Pathologie clinique	Examen extemporané exclusivement pour chirurgie de MOH'S		Lame	Régional désigné	38,0
60148	*	C	VP				Pathologie clinique	Immunohisto/cytochimie (marquage multiple) (immunohistochimie) (contrôles inclus)		Lame	Local	29,0
60150		C	VP				Pathologie clinique	Immunofluorescence sur tissu		Lame	Régional	27,0
60151	*	C	VP				Pathologie clinique	Immunohisto/cytochimie (immunohistochimie) (contrôles inclus)		Lame	Local	23,0
60162		C	VP				Pathologie-fertilité	Préparation d'une paillette achetée d'une banque pour insémination (lavée et non lavée)		Paillette	Régional	37,0
60163		C	VP				Pathologie-fertilité	Préparation de paillette pour insémination (sperme du conjoint) (lavée et non lavée)		Paillette	Régional	15,0
60168	*	C	VP				Pathologie clinique	Préparation de ruban de tissu paraffiné pour extraction des acides nucléiques		Bloc	Local	5,3
60178	*	C	VP				Pathologie clinique	Préparation de lames blanches (pour l'envoi de lames pour technique hors de l'installation ou pour préservation de tissus précieux)		Lame	Local	3,8
60180	*	C	VP				Pathologie clinique	Photographie macroscopique pour chirurgie ou autopsie (déposée au dossier) effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste		Photo	Local	3,6
60189	*	C	VP			TC	Pathologie clinique	Biomarqueurs immunohistochimiques (à but thérapeutique) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional	24,0
60190		C	VP				Pathologie clinique	Radiographie de pièces chirurgicales ou blocs (excluant le déplacement)		Photo	Local	9,1
60191	*	C	VP			TC	Pathologie clinique	Marqueurs tumoraux spécifiques (Ki-67) (immunohistochimie) (par marqueur) (incluant le décompte)		Lame	Régional	24,0
60192		N*				TC	Pathologie clinique	Marqueurs tumoraux spécifiques; Claudine (CLDN) 18.2; (immunohistochimie) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional désigné	65,0
60200	*	C	VP				Pathologie clinique	Coloration de routine, tissu paraffiné		Lame	Local	7,0
60301		C	VP				Pathologie clinique	Histo-enzymologie (musculaire ou nerveuse)		Lame	Supra	103,0
60351		C	VP				Pathologie clinique	Nerf, sans micro dissection		Rapport	Supra	55,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
60352		C	VP				Pathologie clinique	Analyse histomorphométrique d'un spécimen osseux non décalcifié		Rapport	Supra	1071,0
60441	*	C	VPr				Cytologie	Cytologie gynécologique en milieu liquide (préparation)		Lame	Régional	5,9
60442	*						Cytologie	Cytologie non gynécologique en milieu liquide (préparation)		Lame	Régional	13,2
60445		C	ÉC, VPr				Cytologie	Cytologie liquide (gynécologique) (coloration)		Lame	Régional	4,1
60446		C	ÉC, VP				Cytologie	Cytologie liquide (non gynécologique) (coloration)		Lame	Régional	2,4
60450		C	VP				Cytologie	Numérisation de lames (cytologie numérique)		Lame	Régional	3,3
60455		C	VP				Cytologie	Préparation de blocs cellulaires (enrobage dans agar)		Bloc	Régional	5,3
60456		C	VPr				Cytologie	Cytologie liquide gynécologique (lecture par cytologiste)		Rapport	Régional	12,4
60457		C	VP				Cytologie	Cytologie liquide non gynécologique (lecture par cytologiste)		Rapport	Régional	10,5
60470	*	C	VP				Cytologie	Frottis cervicaux-vaginaux (lecture par cytologiste)		Lame	Régional	12,4
60471	*	C	VP				Cytologie	Frottis non-gynécologique ou cyto centrifugation (préparation et coloration)		Lame	Local	11,8
60472	*	C	VP				Cytologie	Frottis non-gynécologique ou cyto centrifugation (lecture par cytologiste)		Lame	Régional	11,4
60473	*	C	VP				Cytologie	Frottis cervicaux-vaginaux (préparation et coloration)		Lame	Local	4,1
60500		C	VP				Pathologie clinique	Radiographie d'un corps (autopsie) (excluant déplacement)		Usager	Local	58,0
60543	*	C	VP				Pathologie clinique	Recherche de ganglion par dégraissage effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste		Spécimen	Local	61,0
60544	*	C	VP				Pathologie clinique	Recherche de ganglion par palpation effectuée par un technologiste médical ou assistant-pathologiste		Spécimen	Local	73,0
60570	*	C	VPr			TC	Pathologie clinique	Marqueurs tumoraux spécifiques (HER 2/neu) (immunohistochimie) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional désigné	61,0
60572	*	C	VP				Pathologie clinique	Microscopie électronique : de semi-fine jusqu'à rapport		Usager	Supra	327,0
60573	*	C	VP				Pathologie clinique	Microscopie électronique : jusqu'à l'enrobage à l'épon		Usager	Supra	168,0
60589	*	C	VP				Pathologie clinique	Autopsie limitée au cerveau (excepté autopsie Creutzfeldt-Jakob)		Usager	Local	78,0
60590		C	VP				Pathologie clinique	Ploïdie sur tissus paraffinés		Rapport	Supra	208,0
60591		C	VP				Pathologie clinique	Prélèvement de moelle épinière complète		Usager	Local	51,0
60594		C	VPr				Pathologie-fertilité	Spermoconcentration et stimulation (lavage de sperme-gradient)		Usager	Régional	58,0
60595		C	VP				Pathologie-fertilité	Spermogramme complet assisté par ordinateur (CASA)		Rapport	Local	33,0
60596		C	VPr				Pathologie-fertilité	Viabilité des spermatozoïdes (coloration éosine - négrosine)		Rapport	Local	11,5
60611		C	VP				Pathologie clinique	Description macroscopique sans production de lame, bloc ou cassette		Spécimen	Local	5,7

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
60631		C	VP				Pathologie-fertilité	Spermoconcentration et stimulation (lavage de sperme - SWIMM-UP)		Usager	Régional	44,0
60632		C	VP				Pathologie-fertilité	Spermogramme complet (test de fertilité) ou vaso-vasostomie		Rapport	Local	49,0
60633		C	VP				Pathologie-fertilité	Spermogramme partiel (post-vasectomie)		Rapport	Local	24,0
60700	*	C	VP				Télé-pathologie	Numérisation lame (pathologie numérique), effectuée par un technologiste médical		Lame	Local	4,6
60701	*	C	VP				Télé-pathologie	Création d'un dossier dans un système de traitement d'images numérisées (pathologie numérique)		Rapport	Local	11,0
60702	*	C	VP				Télé-pathologie	Prise d'image macroscopique (déposée au dossier) (télépathologie)		Photo	Local	5,6
60705	*	C	VPr				Télé-pathologie	Session macroscopique de pièces chirurgicales (télépathologie), effectuée par un technologiste médical (mise en cassette non incluse)		Spécimen	Local	97,0
65000		C	VP	R			D. mol. oncologie	Cancer du sein; test pronostique pour les tumeurs (Prosigna™) (hybridation d'ARN)		Rapport	Supra	2469,0
65001		C	VP	R			D. mol. oncologie	Cancer du sein; test pronostique pour les tumeurs (Endopredict®) (TAAN)		Rapport	Supra	2557,0
65002		C	VPr			TC	D. mol. oncologie	Cancers; BRAF, détection de la mutation Val600Glu (TAAN)		Rapport	Supra	41,0
65004		C	D, VP			TC	D. mol. oncologie	Analyse d'instabilité des microsatellites (MSI) (TAAN)		Rapport	Supra	278,0
65005		C	VP	R		TC	D. mol. oncologie	Cancer de l'ovaire, BRCA1 et BRCA2 - recherche de mutations sur tumeur solide (SNG)		Rapport	Supra	524,0
65006		C	VP			TC	D. mol. oncologie	Cancer du poumon; EGFR (exons 18 - 21) panel de mutations somatiques (TAAN)		Rapport	Supra	186,0
65007		C	VP	R		TC	D. mol. oncologie	Cancer de la prostate, BRCA1 et BRCA2 - recherche de mutations sur tumeur solide (SNG)		Rapport	Supra	524,0
65008	*	C	VP			TC	D. mol. oncologie	Cancer du sein et de l'estomac, détection (ERBB2 ou HER2/neu) (FISH) (par marqueur, incluant le décompte)		Lame	Régional désigné	178,0
65010		C	VP				D. mol. oncologie	Carcinome rénal (PRCC-TFE3 de la t(X;1)) (TAAN sur tissus)		Rapport	Supra	340,0
65011		C	VP		I		D. mol. Oncologie	Cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC); EGFR; mutation Thr790Met (exon 20) sur ADN tumoral circulant (biopsie liquide)		Rapport	Supra	80,0
65012		C	VP				D. mol. oncologie	Carcinome rénal (alpha-TFEB de la t(6;11)) (TAAN sur tissus)		Rapport	Supra	317,0
65014		C	VP				D. mol. oncologie	Chondrosarcome myxoïde (EWSR1-TEC de la t(9;22) et TAF2N-TEC de la t(9;17)) (TAAN sur tissus)		Rapport	Supra	340,0
65015		C	VP	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes diagnostic, pronostic ou prédictif pour le carcinome pulmonaire non à petites cellules (CPNPC) par biopsie liquide (SNG)		Rapport	Supra	1096,0
65016		C	VP, S				D. mol. hématologie	Clonalité lymphocytaire B chaînes légères (TAAN, méthode BIOMED-2)		Rapport	Supra	213,0
65017		C	VP	R		TC	D. mol. oncologie	Cancer de l'endomètre; POLE – recherche de mutations sur tumeur solide (SNG)		Rapport	Supra	508,0
65018		C	VP, S				D. mol. hématologie	Clonalité lymphocytaire B chaînes lourdes (TAAN, méthode BIOMED-2)		Rapport	Supra	109,0
65019		C	VP, S	R	I		D. mol. hématologie	Réarrangements du gène des récepteurs des lymphocytes T gamma (TRG) (SNG)		Rapport	Supra	243,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
65020		C	VP, S				D. mol. hématologie	Clonalité lymphocytaire T chaînes B, G et D (TAAN, méthode BIOMED-2)		Rapport	Supra	291,0
65022	*	C	VP				D. mol. oncologie	Co délétion - chromosome 1p et 19q (FISH)		Sonde	Supra	192,0
65023		C	VP			TC	D. mol. Oncologie	Recherche mutations dans le gène <i>EGFR</i> par PCR en temps réel sur cartouche automatique (TAAN)		Rapport	Régional désigné	258,0
65024		C	VP			TC	D. mol. Oncologie	Recherche fusions oncogéniques dans les gènes <i>ALK</i> , <i>ROS1</i> , <i>RET</i> et du saut de l'exon 14 du gène <i>MET</i> par PCR en temps réel sur cartouche automatique (TAAN)		Rapport	Régional désigné	313,0
65025		C	VP			TC	D. mol. Oncologie	Recherche mutations dans le gène <i>BRAF</i> par PCR en temps réel sur cartouche automatique (TAAN)		Rapport	Régional désigné	204,0
65026		C	VP			TC	D. mol. Oncologie	Recherche mutations dans le gène <i>KRAS</i> par PCR en temps réel sur cartouche automatique (TAAN)		Rapport	Régional désigné	229,0
65028		N*	VP			TC	D. mol. Oncologie	Cancer du sein, <i>PTEN</i> - recherche de mutations sur tumeur solide (SNG)		Rapport	Supra	524,0
65030		C	VP				D. mol. oncologie	Dermato-Fibrosarcome ( <i>COL1A1-PDGFB</i> de la t(17;22) (TAAN sur tissus)		Rapport	Supra	303,0
65032		C	VP			TC	D. mol. hématologie	Identification du point de cassure <i>BCR::ABL1</i> par PCR multiplex de la t(9;22) (TAAN)		Résultat	Supra	201,0
65034		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Dysplasie fibreuse / Syndrome de McCune-Albright, mutations aux codons Arg201 et Gln227 du gène <i>GNAS1</i> (TAAN sur tissus)		Rapport	Supra	185,0
65036		C	VP		I	TC	D. mol. oncologie	Dihydropyrimidine déshydrogénase (DPYD), mutations c.1905+1G>A (DPYD*2A), c.2846A>T, c.1679T>G et c.1129-5923C>G (TAAN)		Rapport	Supra	34,0
65042		C	VP, S			I TC	D. mol. hématologie	Lymphome lymphoplasmocytaire, <i>MYD88</i> , détection de la mutation Leu265Pro (TAAN)		Rapport	Supra	86,0
65050		C	VP			TC	D. mol. oncologie	GIST: <i>CKIT</i> et <i>PDGFRA</i> (12 séquençages)		Rapport	Supra	473,0
65065		C	VP			I TC	D. mol. oncologie	Cancer du cerveau; <i>IDH1</i> (R132), <i>IDH2</i> (R172) (TAAN, mutations individuelles)		Rapport	Supra	201,0
65070		C	VP			TC	D. mol. oncologie	Cancer du côlon; <i>KRAS</i> , recherche de mutations ciblées (exons 2, 3, 4) (TAAN)		Rapport	Supra	146,0
65080		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LLA (2 amplifications) détection de translocations (TAAN)		Rapport	Supra	419,0
65082		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LLC, <i>Igh Vh</i> (séquençage)		Rapport	Supra	369,0
65083		N*	VP			TC	D. mol. hématologie	<i>IDH1</i> , recherche de la mutation R132X (TAAN)		Rapport	Supra	250,0
65084		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LMA, détection de translocation t(8;21) 2 amplifications (TAAN)		Résultat	Supra	217,0
65086		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LMA, détection de l'inversion (16) 2 amplifications (TAAN)		Résultat	Supra	216,0
65088		C	VPr			TC	D. mol. hématologie	Leucémie LMA (mutation <i>FLT3/ITD</i> ) (TAAN)		Résultat	Supra	179,0
65090		C	VPr			TC	D. mol. hématologie	Leucémie LMA (mutation <i>FLT3/TKD</i> ) (TAAN)		Résultat	Supra	220,0
65091		C	VP	R	I	TC	D. mol. hématologie	Leucémie LMA, stratification pronostique, panel de gènes (SNG)		Rapport	Supra	575,0
65092						TC	D. mol. hématologie	Leucémie LMC et LLA ( <i>BCR::ABL1</i> de la t(9;22)) (TAAN quantitatif)		Résultat	Supra	114,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
65094		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LPA (FAB-M3), PML/RAR de la t(15;17) amplification simple (TAAN quantitatif)		Résultat	Supra	173,0
65096		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LPA (FAB-M3), PML/RAR de la t(15;17) (TAAN niché)		Résultat	Supra	57,0
65098		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie LMA (mutation C/EPBa) (séquençage)		Rapport	Supra	480,0
65120		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie - prédisposition familiale, gène RUNX1 (séquençage)		Résultat	Supra	458,0
65121		C	VP				D. mol. hématologie	Leucémie - prédisposition familiale, gène PAX5 (séquençage)		Rapport	Supra	529,0
65122		C	VP				D. mol. cancérologie héréditaire	Mutations germinales - prédisposition familiale, gène TP53 (séquençage)		Rapport	Supra	332,0
65128		C	VP, S				D. mol. hématologie	Leucémies et tumeurs solides: validation de translocations (TAAN)		Rapport	Supra	416,0
65130		C	VP				D. mol. oncologie	Liposarcome myxoïde (FUS-CHOP de la t(12;16), EWRS1-CHOP de la t(12;22)) (TAAN) sur tissus		Rapport	Supra	340,0
65132		C	VP, S				D. mol. hématologie	Lymphome à cellule du manteau (BCL-1) (TAAN)		Résultat	Supra	108,0
65134		C	VP, S				D. mol. hématologie	Lymphome à grandes cellules t(2;5) (TAAN)		Rapport	Supra	220,0
65138		C	VP, S				D. mol. hématologie	Lymphome folliculaire, recherche de translocation (BCL-2 de la t(14;18)) (TAAN)		Résultat	Supra	131,0
65145		C	VP			I	D. mol. hématologie	Mutation du gène CALR, exon 9 (TAAN)		Résultat	Supra	29,0
65147		C	VP			I	D. mol. oncologie	Méthylation du gène de l'O-6-méthylguanine-ADN méthyltransférase (MGMT)		Rapport	Supra	162,0
65148		C	VP				D. mol. hématologie	Myélofibrose primaire et thrombocytémie essentielle; MPL; mutations Trp515Leu, Trp515Lys, Trp515Ala et Ser505Asn (exon 10) (TAAN)		Rapport	Supra	24,0
65149		C	VP			I TC	D. mol. oncologie	Cancer du côlon; NRAS, recherche de mutations ciblées (exons 2, 3, 4; codons 12, 13, 61 et 146) (TAAN)		Rapport	Supra	247,0
65150		C	VP			TC	D. mol. hématologie	Leucémie LMA, nucléophosmine gène NPM1 (exon 12) (TAAN)		Résultat	Supra	283,0
65152		N*	VP			I TC	D. mol. hématologie	Maladie résiduelle mesurable (MRM) de la leucémie myéloïde aiguë (LMA), variants prédominants de type A, B et D dans le gène NPM1 (TAAN)		Rapport	Supra	788,0
65155		C	VP				D. mol. hématologie	Polycythémie vraie (mutation JAK2-Val617Phe) (TAAN)		Rapport	Supra	328,0
65156		C	VP			I TC	D. mol. hématologie	Polycythémie vraie; JAK2; mutations exon 12 (TAAN)		Rapport	Supra	81,0
65160		C	VP, S				D. mol. hématologie	Recherche des chaînes légères Kappa, Lambda ou du virus EBV par hybridation <i>in situ</i> chromogénique (CISH)		Rapport	Régional	172,0
65162		C	VP				D. mol. oncologie	Rhabdomyosarcome alvéolaire t(1;13) t(2;13) (TAAN)		Rapport	Supra	260,0
65164		C	VP				D. mol. oncologie	Sarcome à cellules claires ou histiocytome fibreux angiomatoïde (FUS-ATF1 de la t(12;16), EWRS1-CREB1 de la t(12;22), EWRS1-CREB1 de la t(2;22)) (TAAN)		Rapport	Supra	364,0
65166		C	VP				D. mol. oncologie	Sarcome alvéolaire des tissus mous (ASPL-TFE3 de la t(X;17) (TAAN)		Rapport	Supra	303,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
65168		C	VP				D. mol. oncologie	Sarcome Ewing <i>EWS/FL1</i> t(11;22) et <i>EWS/ERG</i> t(21;22) (TAAN)		Rapport	Supra	258,0
65170		C	VP				D. mol. oncologie	Sarcome fibromyxoïde de bas grade ( <i>FUS-CREB3L2</i> de la t(7;16), <i>FUS-CREB3L1</i> de la t(11;16)) (TAAN)		Rapport	Supra	357,0
65172		C	VP				D. mol. oncologie	Sarcome synovial t(x;18) (TAAN)		Rapport	Supra	261,0
65174		C	VP	R	I		D. mol. oncologie	Sarcome des tissus mous et osseux; analyse des translocations (SNG)		Rapport	Supra	818,0
65180		C	VP				D. mol. hématologie	Syndrome hyperéosinophilique ( <i>FIP1L1-PDGFR</i> de la délétion 4q12) (TAAN)		Rapport	Supra	349,0
65182		C	VP				D. mol. hématologie	Néoplasie myelo-proliférative NMP/SMD ( <i>ETV6-PDGFRB</i> ) de la t(5;12) (TAAN)		Rapport	Supra	66,0
65196		C	VP				D. mol. oncologie	Tumeur desmoplastique à petites cellules <i>EWS/WT1</i> (TAAN)		Rapport	Supra	192,0
65198		C	VP				D. mol. oncologie	Tumeurs cérébrales; H3F3A (mutations Lys27Met et Gly34Val/Arg) et HIST1H3B (mutation Lys27Met) (séquençage)		Rapport	Supra	219,0
65199	*	C	VP		I	TC	D. mol. oncologie	Cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC); Réarrangement ALK (FISH)		Sonde	Supra	209,0
65200	*	C	VP		I	TC	D. mol. oncologie	Analyse de ROS1 par hybridation in situ en fluorescence (FISH)		Lame	Supra	209,0
65210		C	VP				D. mol. Oncologie	Préparation de cellules, de moelle et de tissus en oncologie		Rapport	Local	65,0
65213	*	N				TC	D. mol. hématologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer de l'ovaire (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65214	*	N				TC	D. mol. hématologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer de la prostate (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65215	*	N				TC	D. mol. hématologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer de l'endomètre (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65216	*	N				TC	D. mol. hématologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer cholangiocarcinome (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65217		C	VP, S	R			D. mol. hématologie	Panel virtuel ciblé de gènes de leucémies et tumeurs pédiatriques, analysé à partir du transcriptome (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
65218		C	VP, S	R			D. mol. hématologie	Panel virtuel ciblé de gènes de leucémies et tumeurs pédiatriques, analysé à partir de l'exome de la tumeur (compilation seulement)		Échantillon	Supra	1,0
65220	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer broncho-pulmonaire (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65222	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer colorectal (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65224	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer de la thyroïde (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
65226	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour carcinome urothélial (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65228	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour mélanomes (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65230	*	C	D, VPr	R	I	TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour tumeur stromale gastro-intestinale (TSGI) (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65232	*	C	D, VPr	R		TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer du sein (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65233	*	C	D, VPr	R		TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour cancer du système nerveux central (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65234	*	C	D, VPr	R		TC	D. mol. Oncologie	Panel multigènes à but diagnostique, pronostique ou prédictif pour autre tumeur (SNG) (compilation seulement)		Rapport	Supra	1,0
65237	*	N		R		TC	D. mol. Oncologie	Profilage génomique étendu de la tumeur (SNG) (comprehensive genomic profiling (CGP)) (interprétation seulement)		Rapport	Supra	253,0
65238	*	N		R		TC	D. mol. Oncologie	Profilage génomique étendu de la tumeur (SNG) (comprehensive genomic profiling (CGP)) (technique seulement)		Rapport	Supra	866,0
65239	*	N		R		TC	D. mol. Oncologie	Profilage génomique par panel ciblé de la tumeur (SNG) (technique et interprétation)		Rapport	Supra	483,0
65240		C	VP	R			D. mol. Oncologie	Séquençage transcriptome de la tumeur (cancer pédiatrique) (SNG)		Rapport	Supra	1918,0
65241		C	VP	R			D. mol. Oncologie	Séquençage exome de la tumeur (cancer pédiatrique) (SNG)		Rapport	Supra	2074,0
65242		C	VP	R			D. mol. Oncologie	Séquençage exome matériel normal (paire) (cancer pédiatrique) (SNG)		Rapport	Supra	408,0
65245		C	VP, S	R			D. mol. hématologie	Recherche de mutations myéloïdes (SMD, NMP et CCUS) par panel (SNG)		Rapport	Supra	493,0
70002	*, F	C	VPr				Envoi	Envoi intergrappes (entre les laboratoires de deux grappes différentes)		Échantillon	Local	6,9
70003	*, F	C	VPr				Envoi	Envoi intragrappe (entre les laboratoires d'une même grappe)		Échantillon	Local	2,3
70005	*						Envoi	Envoi ou retour de lame/bloc/cassette		Échantillon	Local	0,3
70006	*, F	C	VP				Envoi	Envoi hors Québec (par établissement)		Usager	Local	118,0
70007	*	C	VP				Envoi	Envoi par avion intra-Québec		Boîte	Local	213,0
70008	*						Envoi	Envoi sur glace sèche		Boîte	Local	6,2
70009	*	N					Envoi	Envoi urgent		Boîte	Local	485,0
70019		C	VP				Prélèvements	Prélèvement du test respiratoire de la détection de <i>Helicobacter pylori</i> à l'urée marquée au carbone 13		Usager	Local	35,0
70020	*	C	VP				Prélèvements	Prélèvement biologique (excluant sang et réception)		Usager	Local	16,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
70021	*	C	VP				Prélèvements	Prélèvement capillaire		Usager	Local	32,0
70022		C	VP				Prélèvements	Prélèvement d'une unité de sang total, don autologue ou programme de donneur ambulant		Usager	Local	35,0
70023	*	C	VP				Prélèvements	Prélèvement veineux		Usager	Local	13,5
70024		C	VPr				Prélèvements	Prélèvement veineux pédiatrique < 7 ans (incluant l'assistance au prélèvement)		Usager	Local	32,0
70026		C	VP				Prélèvements	Assistance au prélèvement de moelle osseuse en SOP		Usager	Local	192,0
70027	*	C	VP				Prélèvements	Assistance au prélèvement de moelle osseuse ou autre spécimen (excluant déplacement)		Usager	Local	62,0
70028		C	VP				Prélèvements	Acide pyruvique (prélèvement au chevet et déprotéinisation)		Usager	Local	59,0
70029		C	VP				Prélèvements	Phlébotomie thérapeutique (saignée)		Usager	Local	19,6
70030	*	C	VP				Prélèvements	Habillage avec un équipement de protection individuelle (EPI) dans les unités de soins en isolement		Usager	Local	2,6
75004		C	VP				D. mol. divers	Contamination maternelle (TAAN)		Rapport	Supra	192,0
75006	*	C	VP				D. mol. divers	Extraction ADN ou ARN à partir d'un spécimen clinique		Spécimen	Régional désigné	34,0
75008	*	C	VP				D. mol. divers	Extraction ADN ou ARN à partir d'un tissu paraffiné		Spécimen	Supra	61,0
75010		C	VP				D. mol. maladie héréditaire	Technique d'analyse des microsatellites (pour disomie uniparentale)		Rapport	Supra	466,0
75020	*	C	VP	R	I		D. mol. maladie héréditaire	Séquençage de l'exome germlin pour l'investigation des maladies génétiques (SNG)		Échantillon	Supra	408,0
75022		C	VP	R			D. mol. maladie héréditaire	Séquençage du génome germlin pour l'investigation des maladies génétiques dans le cadre du projet Génome Canada (ICSP) (SNG)		Échantillon	Supra	408,0
75025		C	VPr	R			D. mol. Divers	Reclassification de variations de signification incertaine pour un panel donné (virtuel ou non) (1-2 variations)		Rapport	Supra	123,0
75026		C	VPr	R			D. mol. Divers	Reclassification de variations de signification incertaine pour un panel donné (virtuel ou non) (>2 variations)		Rapport	Supra	164,0
75027	*	C	VPr	R			D. mol. Divers	Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (2-20 gènes)		Rapport	Supra	123,0
75028	*	C	VPr	R			D. mol. Divers	Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (21-100 gènes)		Rapport	Supra	164,0
75029	*	C	VPr	R			D. mol. Divers	Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (101-500 gènes)		Rapport	Supra	205,0
75030	*	C	VPr	R			D. mol. Divers	Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (>500 gènes)		Rapport	Supra	247,0
75031	*	C	VPr	R			D. mol. Divers	Réinterprétation de panels (virtuels ou non) selon le nombre de gènes analysés (1 gène)		Rapport	Supra	82,0
75032	*	C	VP	R	I		D. mol. Divers	Extraction des acides nucléiques circulants totaux (ADN/ARN)		Échantillon	Supra	100,0
80007							CTQ	Alcools (acétone, éthanol, isopropanol méthanol) (sérum/urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	51,0
80009							CTQ	Aluminium (sérum)		Résultat	Supra	50,0
80010		C	D				CTQ	Amitriptyline et nortriptyline (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80012		C	D				CTQ	Amphétamines (urine) (LC-MS-MS) inclut 6 substances		Résultat	Supra	98,0
80013		C	D, VPr				CTQ	Dépistage toxicologique profil antidépresseurs tricycliques (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80014		C	D, VPr				CTQ	Dépistage toxicologique profil antidépresseurs antipsychotiques et non tricycliques (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80015		C	D, VPr				CTQ	Dépistage toxicologique profil antidépresseurs ISRS (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80016							CTQ	Antimoine (urine/sang/sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80017							CTQ	Argent (urine/sang) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80018							CTQ	Arsenic total (urine/sang) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80020		C	D				CTQ	Benzodiazépines (urine) (LC-MS-MS) inclut 23 substances		Résultat	Supra	98,0
80024							CTQ	Congénères de biphényles polychlorés (BPCs), de polybromés (PBDEs), de toxaphènes et les pesticides organochlorés (plasma/sérum) (GC-MS)		Résultat	Supra	192,0
80025		C	D				CTQ	Bromazépam qualitatif (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80027							CTQ	Cadmium (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80028							CTQ	Cannabis (Delta9-tétrahydrocannabinol, Cannabidiol, Cannabinol, Carboxy-delta9-tétrahydrocannabinol, 11-Hydroxy-delta9-tétrahydrocannabinol) (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	82,0
80030							CTQ	Chrome (sang/sérum/urine)		Résultat	Supra	50,0
80031		C	D				CTQ	Citalopram (Celexa®) (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80033		C	D				CTQ	Clomipramine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80034		C	D				CTQ	Clozapine et métabolite (sérum) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80036							CTQ	Cobalt (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80037							CTQ	Cocaine qualitatif (sang/plasma) (LC-MS-MS) inclut 4 substances		Résultat	Supra	65,0
80038							CTQ	Cotinine (sérum/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	102,0
80039							CTQ	Cuivre (sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80040							CTQ	Cyanure (sang) (GC-MS)		Résultat	Supra	149,0
80041		C	D				CTQ	Désipramine (Norpramin®) (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80050		C	D				CTQ	Doxépine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80052							CTQ	Éthylène glycol (sérum) (GC-MS)		Résultat	Supra	76,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80054		C	D				CTQ	Fer (biopsies) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	138,0
80055							CTQ	Fluorure (urine)		Résultat	Supra	50,0
80057		C	D				CTQ	Fluoxétine (Prozac®) (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80059							CTQ	GHB (gamma hydroxybutyrate) (urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	81,0
80060		C	D				CTQ	Imipramine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80061							CTQ	Isopropanol (sérum/urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	51,0
80065							CTQ	Manganèse (sang/sérum/urine)		Résultat	Supra	50,0
80068							CTQ	Mercure total (sang/urine)		Résultat	Supra	50,0
80069							CTQ	Métaux (dépistage quantitatif dans le sang et l'urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	141,0
80074							CTQ	Nickel (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80078		C	D				CTQ	Nortriptyline (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80080							CTQ	Opiacés (urine) (GC-MS) inclut 8 substances		Résultat	Supra	98,0
80081							CTQ	Or (sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	170,0
80085		C	D				CTQ	Phencyclidine (PCP) (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80088							CTQ	Plomb (sang) (ICP-MS)		Résultat	Supra	44,0
80092		C	D				CTQ	Risperidone (Risperdal®) (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80093							CTQ	Sélénium (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80094		C	D				CTQ	Sertraline (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80095							CTQ	Tellure (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80096							CTQ	Thallium (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80099							CTQ	Dépistage qualitatif de médicaments et drogues (sérum/urine/liquide gastrique) (GC-MS)		Résultat	Supra	92,0
80100		C	D				CTQ	Trazodone (Desyrel®) (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80104		C	D				CTQ	Trimipramine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80105		C	D				CTQ	Venlafaxine (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80106							CTQ	Zinc (sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80110							CTQ	Acétone (sérum/urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	51,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80112							CTQ	Antimoine (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80114							CTQ	Arsenic total (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80115							CTQ	Baryum (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80116							CTQ	Baryum (urine/sang/sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80118							CTQ	Béryllium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80119							CTQ	Béryllium (sang/sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80120							CTQ	Béryllium (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80121							CTQ	Bismuth (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80122							CTQ	Bismuth (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80126							CTQ	Cadmium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80128							CTQ	Chrome (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80129		C	D				CTQ	Clobazam (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80130		C	D				CTQ	Clonazépam (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80131							CTQ	Cobalt (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80132		C	D				CTQ	Cuivre (Biopsies) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	138,0
80133							CTQ	Cuivre (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80134							CTQ	Cuivre (sang/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80137							CTQ	Étain (sang/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80142							CTQ	Iode (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	77,0
80143							CTQ	Lithium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80144							CTQ	Lithium (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80147							CTQ	Manganèse (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80148							CTQ	Mercuré total (cheveux/ongles)		Résultat	Supra	80,0
80149							CTQ	Métaux (dépistage quantitatif dans les cheveux et les ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	138,0
80150							CTQ	Méthanol (sérum/urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	51,0
80151							CTQ	Molybdène (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80152							CTQ	Molybdène (sang/sérum/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80154							CTQ	Nickel (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80159							CTQ	Platine (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80160							CTQ	Plomb (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80161							CTQ	Plomb (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80163							CTQ	Sélénium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80166							CTQ	Tellure (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80168							CTQ	Thallium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80170							CTQ	Uranium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80171							CTQ	Uranium (sang/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80172							CTQ	Vanadium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80173							CTQ	Vanadium (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80175							CTQ	Zinc (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80176							CTQ	Zinc (sang/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80177							CTQ	Zinc protoporphyrine (ZPP) (sang)		Résultat	Supra	29,0
80180		C	D				CTQ	Amiodarone (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80181							CTQ	Arsenic inorganique (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	69,0
80185							CTQ	Créatinine urinaire		Résultat	Supra	6,0
80187							CTQ	Densité urinaire (réfractomètre)		Résultat	Supra	6,0
80188							CTQ	Dépistage qualitatif de drogues et médicaments en milieu non biologique (GC-MS)		Résultat	Supra	120,0
80190		C	D				CTQ	Diphenhydramine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80191	*						CTQ	Drogues de rue par méthode immunoenzymatique (amphétamines, barbituriques, benzodiazépines, cannabis, cocaïne, EDDP, fentanyl, opiacés, oxycodone, phencyclidine (résultat semi-quantitatif par drogue recherchée) (urine)		Résultat	Supra	25,0
80194		C	D				CTQ	Kétamine (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80200							CTQ	pH (pH mètre)		Résultat	Supra	6,0
80201		C	D				CTQ	Procyclidine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80202		C	D				CTQ	Prométhazine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80206							CTQ	Antinéoplasiques (5-fluorouracile, cyclophosphamide, gemcitabine, ifosphamide, irinotécan, méthotrexate, paclitaxel, docetaxel et vinorelbine) (surface de travail) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	66,0
80208		C	D				CTQ	Amphétamine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80211		C	D				CTQ	Dextrométorphane (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80212		C	D				CTQ	Dextrorphan (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80213		C	D, VPr				CTQ	Éphédrine/pseudoéphédrine <b>qualitatif</b> (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80214							CTQ	Éthanol (sérum/urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	51,0
80220		C	D				CTQ	MDMA et MDA (urine) (ecstasy) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80221		C	D				CTQ	Méthamphétamine et amphétamine (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80248							CTQ	Acide muconique, acide S-Phénylmercapturique (S-PMA) (urine) (benzène) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	67,0
80255		C	D				CTQ	Bupropion (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80256							CTQ	Cannabis (métabolite : THC Delta-9-COOH) (urine) (LC/MS/MS)		Résultat	Supra	114,0
80266							CTQ	Iode (sang/sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80270		C	D				CTQ	Mirtazapine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80277		C	D				CTQ	Olanzapine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80284		C	D				CTQ	Quétiapine (sérum/plasma) (LC-MS-MS) <b>inclut 2 substances</b>		Résultat	Supra	87,0
80286							CTQ	Spéciation d'arsenic (arsénocholine + arsénobétaine, As +3, As +5, acide diméthylarsinique, acide monométhylarsinique, arsenic inorganique) (UPLC-ICP-MS)		Résultat	Supra	171,0
80287							CTQ	Tellure (sang) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80288							CTQ	6-acétylmorphine (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80289							CTQ	Aluminium (sang, urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80291							CTQ	Fentanyl et norfentanyl (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80294							CTQ	Lévamisol <b>qualitatif</b> (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80299							CTQ	Méthadone et EDDP (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80302							CTQ	Acide S-Benzylmercapturique (toluène) (urine)(LC-MS-MS)		Résultat	Supra	67,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80304							CTQ	Composés perfluorés (PFBS, PFHxS, PFOS, PFBA, PFHxA, PFOA, PFNA, PFDA, PFUDA (plasma/sérum) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	72,0
80305							CTQ	Métabolites des phtalates (MMP, MEP, 2-OH-MiBP, MiBP, MnBP, MCHP, MCHpP, MBzP, MEHP, MEHHP, MEOHP, MECPP, MCPP, MOP, MiNP, MCiNP, MCIOP, MCMHP, MHBP, MHIDP, MHiNP, MiDP, MOiDP, MOiNP) (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	114,0
80310		C	D, VPr				CTQ	Dépistage toxicologique profil benzodiazépines (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80312		C	D				CTQ	Duloxétine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80317		C	D				CTQ	9-hydroxyrispéridone (Palipéridone ou Invega) (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80346		C	D				CTQ	Cocaine (inclut le métabolite benzoylecgonine) (quantitatif) (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80347							CTQ	Métabolites des pyréthrinoïdes (cis-DCCA, trans-DCCA, cis-DBCA, 4-F-3-PBA, 3-PBA) (urine) (GC-MS)		Résultat	Supra	88,0
80350							CTQ	Alkylphosphates (DEDTP, DEP, DETP, DMDTP, DMP, DMTP) (urine) (APGC-MS-MS)		Résultat	Supra	68,0
80351							CTQ	Bore (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	76,0
80352							CTQ	Buprénorphine, métabolites et naloxone qualitatif (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80353	*						CTQ	Dépistage qualitatif des xénobiotiques et métabolites (sang/sérum/plasma/urine/liquides) (LC-MS-MS) inclut 290+ substances		Résultat	Supra	81,0
80363		C	D				CTQ	Escitalopram (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80365							CTQ	Hallucinogènes et psychédéliques (qualitatif) (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS), inclut LSD, LSZ, 25B,25C,25H,25I-NBOMe, dimethyltryptamine, mescaline, psilocin		Résultat	Supra	65,0
80367							CTQ	Mytragynine qualitatif (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80368							CTQ	Methylphénidate et acide ritalinique qualitatif (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80369							CTQ	Méthqualone qualitatif (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80371		C	D				CTQ	Contaminants des opioïdes (qualitatif) (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS) inclut xylazine et médétomidine		Résultat	Supra	65,0
80373							CTQ	Acétylfentanyl (qualitatif) (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80374		C	D				CTQ	Buprénorphine (sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		Résultat	Supra	87,0
80384		C	D				CTQ	Méthadone (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80385		C	D				CTQ	Morphine (sérum/plasma) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	87,0
80394							CTQ	Spéciation mercure (méthylmercure) (GC-ICP-MS)		Résultat	Supra	88,0
80395							CTQ	Arsenic total (sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80396							CTQ	Platine (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80397							CTQ	Thorium (cheveux/ongles) (ICP-MS)		Résultat	Supra	80,0
80398							CTQ	Tungstène (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80399							CTQ	Vanadium (sang/sérum) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80400		C	D				CTQ	Aripiprazole (sérum/plasma) (LC-MS-MS) <b>inclut 2 substances</b>		Résultat	Supra	87,0
80401							CTQ	Carfentanil qualitatif (sang/sérum) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80402							CTQ	Carfentanil et norcarfentanil qualitatif (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80403							CTQ	Furanylfentanyl qualitatif (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80404							CTQ	U-47700 qualitatif (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80405							CTQ	PCP, 3-MeO-PCP et 4-MeO-PCP qualitatif (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80406							CTQ	MDPV (qualitatif) (sels de bain) (sérum/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80409							CTQ	Thorium (sang/urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80410							CTQ	Dépistage haute sensibilité des opioïdes, fentanyl et dérivés et nitazènes (qualitatif) (sang/sérum/urine) (LC-MS-MS) <b>inclut 48 substances</b>		Résultat	Supra	81,0
80411							CTQ	Triclosan, BPA et ses analogues (BPB, BPE, BPF, BPS, BPZ, BP4,4', BPAF) (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	140,0
80412							CTQ	Glyphosate, glufosinate et leurs métabolites (AMPA et 3-MPPA) (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	111,0
80413							CTQ	Aluminium (dialysat)		Résultat	Supra	150,0
80414							CTQ	Fluorure (sérum)		Résultat	Supra	103,0
80415							CTQ	Métabolites du benzène et du toluène (urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	122,0
80419							CTQ	Cérium (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80420							CTQ	Lanthane (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80421							CTQ	Yttrium (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80422							CTQ	Praséodyme (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80423							CTQ	Néodyme (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80424							CTQ	Gadolinium (urine) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80425							CTQ	Brome (sang) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	50,0
80426							CTQ	Cuivre et fer (biopsie) (ICP-MS-MS)		Résultat	Supra	138,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
80427							CTQ	Acide 2,4-dichlorophénoxyacétique (2,4-D), acide 2,4,5-trichlorophénoxyacétique (2,4,5-T), Dicamba, métabolite du pirimiphos (DEAMPY), métabolite du diazinon (IMPY), Métabolite du malathion (MDA), métabolite du parathion (4-nitrophénol), métabolite du chlorpyrifos (3,5,6-trichloropyridinol) et métabolites des pyréthrinoides (cis-DCCA, trans-DCCA, cis-DBCA, 4-F-3-PBA, 3-PBA) (urine) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	175,0
80428	*						CTQ	Confirmation médicaments et drogues		Résultat	Supra	87,0
80429							CTQ	Confirmation médicaments et drogues, multianalytes		Résultat	Supra	103,0
80430							CTQ	Césium (urine) (ICP-MS)		Résultat	Supra	53,0
80432							CTQ	Platines solubles (surface de travail) (ICP-MS)		Résultat	Supra	50,0
80433		N*					CTQ	Brexpiprazole (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80434		N*					CTQ	Cariprazine (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80435		N*					CTQ	Flupentixol (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80436		N*			I		CTQ	Fluphénazine (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80437		N*			I		CTQ	Halopéridol et métabolite (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80438		N*					CTQ	Lurasidone (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80439		N*			I		CTQ	Ziprasidone (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80440		N*					CTQ	Zuclopenthixol (plasma) (UPLC-MS-MS)		Résultat	Supra	86,0
80441		N*					CTQ	Dosage médicaments bloc A, multianalytes		Résultat	Supra	98,0
80442		N*					CTQ	Dosage médicaments bloc C, multianalytes		Résultat	Supra	98,0
80443		N*					CTQ	Dosage médicaments bloc D, multianalytes		Résultat	Supra	98,0
80444		N*					CTQ	Dosage médicaments bloc E, multianalytes		Résultat	Supra	98,0
80446		N					CTQ	Dépistage toxicologique profil Amphétamines (sérum/plasma/urine) (LC-MS-MS)		Résultat	Supra	65,0
80447		N					CTQ	Contaminants de la cocaïne (qualitatif) (sang/plasma/urine) (LC-MS-MS) inclut levamisole, phénacétine et lidocaïne		Résultat	Supra	65,0
81000		C	VP				LSPQ - bact.	Identification bactérienne (ARN 16S) sur spécimen clinique à culture négative		Résultat	Supra	106,0
81001							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram négatif fermentaire (entérique); identification (phénotypie, séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81002							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram négatif fermentaire (entérique); antibiogramme (microdilution en bouillon, epsilométrie)		Résultat	Supra	1,0
81003							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram négatif non fermentaire (BNF); identification (spectrométrie de masse – MALDI-TOF, séquençage)		Résultat	Supra	1,0

C : procédures modifiées N : procédures ajoutées \* : réfère à des indications spécifiques de la partie texte du Répertoire I : ajout après évaluation à l'INESSS

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
81004							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram négatif non fermentaire (BNF); antibiogramme (microdilution en bouillon, epsilométrie)		Résultat	Supra	1,0
81005		C	VP				LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram négatif producteur de carbapénémase (BGNPC); analyse des souches discordantes (TAAN)		Résultat	Supra	54,0
81010							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram positif (autre qu'anaérobie); identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81011							LSPQ - bact.	Bâtonnet Gram positif (autre qu'anaérobie); antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81013		N					LSPQ - bact.	B-lactamase (antibiogramme)		Résultat	Supra	1,0
81014		N					LSPQ - bact.	Brucella; confirmation (anticorps) sur sérum - (test au 2- mercaptoéthanol)		Résultat	Supra	1,0
81015							LSPQ - bact.	Cocci Gram positif (autre qu'anaérobie, <i>S. aureus</i> et <i>S. pneumoniae</i> ); identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81016							LSPQ - bact.	Cocci Gram positif (autre qu'anaérobie, <i>S. aureus</i> et <i>S. pneumoniae</i> ); antibiogramme (dilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81017							LSPQ - bact.	Cocci Gram négatif (autre qu'anaérobie et <i>Neisseriaceae</i> ); identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81018		N					LSPQ - bact.	Antibiogramme (epsilométrie)		Résultat	Supra	1,0
81019		N					LSPQ - bact.	Détection de la résistance (diffusion en disque)		Résultat	Supra	1,0
81020		C	VP				LSPQ - bact.	Anaérobies; identification (spectrométrie de masse - MALDI-TOF, séquençage)		Résultat	Supra	43,0
81021		C	VP				LSPQ - bact.	Anaérobies; antibiogramme (dilution en agar)		Résultat	Supra	93,0
81022		N					LSPQ - bact.	D-test; antibiogramme		Résultat	Supra	1,0
81023		N					LSPQ - bact.	Agar Screen		Résultat	Supra	1,0
81024		C	VP				LSPQ - bact.	Identification bactérienne (ARN 16S) (séquençage) sur colonie		Résultat	Supra	80,0
81030							LSPQ - bact.	Campylobacter spp.; confirmation (spectrométrie de masse - MALDI-TOF, séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81031							LSPQ - bact.	<i>Escherichia coli</i> producteur de Shiga-toxines (STEC) O157:H7 et O157H non mobile; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81032							LSPQ - bact.	<i>Listeria monocytogenes</i> ; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81033							LSPQ - bact.	<i>Salmonella</i> spp.; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81034							LSPQ - bact.	Shigella spp.; programme de surveillance		Résultat	Supra	1,0
81035							LSPQ - bact.	<i>Vibrio cholerae</i> ; identification et sérogroupage (phénotypie)		Résultat	Supra	1,0
81036							LSPQ - bact.	<i>Vibrio cholerae</i> ; antibiogramme (epsilométrie)		Résultat	Supra	1,0
81038							LSPQ - bact.	<i>Escherichia coli</i> producteur de Shiga-toxines (STEC) autre que O157; isolement, identification (TAAN, sérotypage) sur bouillon, programme de surveillance		Résultat	Supra	1,0
81039		N					LSPQ - bact.	Entérocoques; antibiogramme - Vancomycine (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
81040							LSPQ - bact.	<i>Enterococcus</i> spp.; identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
81041							LSPQ - bact.	<i>Enterococcus</i> spp.; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81042							LSPQ - bact.	<i>Entérocooccus</i> spp. ; détection des gènes van A-G (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
81043							LSPQ - bact.	<i>Clostridioïdes difficile</i> ( <i>Clostridium difficile</i> ); confirmation (TAAN et ribotypage)		Résultat	Supra	1,0
81044							LSPQ - bact.	<i>Clostridioïdes difficile</i> ( <i>Clostridium difficile</i> ); investigation d'éclosion (typage, EGCP)		Rapport	Supra	1,0
81045							LSPQ - bact.	<i>Clostridioïdes difficile</i> ( <i>Clostridium difficile</i> ); programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81046		N					LSPQ - bact.	Séquençage du génome entier; extraction		Rapport	Supra	1,0
81047		N					LSPQ - bact.	Séquençage du génome entier		Rapport	Supra	8,1
81048		N					LSPQ - bact.	Streptocoque du groupe A; séquençage du génome entier		Rapport	Supra	1,0
81050							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; détection mecA (SARM) (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
81051							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; détection PVL (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
81052							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; confirmation SARM-AC (typage spa)		Résultat	Supra	1,0
81053							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; détection toxine tsst-1 (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
81054							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> (incluant SARM); antibiogramme – vancomycine seulement (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81055							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> (incluant SARM); antibiogramme – panel complet (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81056							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> (incluant SARM); investigation d'éclosion (typage, EGCP)		Rapport	Supra	1,0
81057							LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; programme de surveillance SARM		Rapport	Supra	1,0
81060							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pyogenes</i> ; programme de surveillance (séquençage emm)		Rapport	Supra	1,0
81061		N					LSPQ - bact.	<i>Staphylococcus aureus</i> ; antibiogramme - Oxacilline (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81063							LSPQ - bact.	<i>Neisseria meningitidis</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
81064							LSPQ - bact.	<i>Neisseria meningitidis</i> ; identification (phénotypie) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81065							LSPQ - bact.	<i>Neisseria meningitidis</i> ; sérogroupage (agglutination)		Résultat	Supra	1,0
81066							LSPQ - bact.	<i>Neisseria meningitidis</i> ; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81067							LSPQ - bact.	<i>Neisseria meningitidis</i> ; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81069		C	VP				LSPQ - bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; confirmation (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	30,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
81070							LSPQ - bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; identification (phénotypie) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81071		C	VP				LSPQ - bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; antibiogramme (dilution en agar)		Résultat	Supra	168,0
81072							LSPQ - bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81073							LSPQ - bact.	<i>Neisseria</i> spp. autres que <i>N. gonorrhoeae</i> et <i>N. meningitidis</i> ; identification (phénotypie) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81074							LSPQ - bact.	<i>Neisseria</i> spp. autres que <i>N. gonorrhoeae</i> et <i>N. meningitidis</i> ; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81076							LSPQ - bact.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> ; détection (TAAN) sur liquide biologique stérile	1	Résultat	Supra	1,0
81080							LSPQ - bact.	<i>Legionella</i> spp. ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
81081							LSPQ - bact.	<i>Legionella</i> spp. ; identification (TAAN, spectrométrie de masse – MALDI-TOF, sérogroupage) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81082							LSPQ - bact.	<i>Legionella</i> spp. ; investigation d'éclosion		Rapport	Supra	1,0
81084		N					LSPQ - bact.	<i>Legionella pneumophila</i> ; sérogroupage (agglutination)		Rapport	Supra	87,0
81086							LSPQ - bact.	<i>Bordetella pertussis</i> ; identification (phénotypie)		Résultat	Supra	1,0
81087							LSPQ - bact.	<i>Haemophilus influenzae</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
81088							LSPQ - bact.	<i>Haemophilus influenzae</i> ; détermination du type capsulaire (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
81089							LSPQ - bact.	<i>Haemophilus influenzae</i> ; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81090							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
81091							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> ; sérotypage (Quellung) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81092							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> ; identification (séquençage) sur colonie		Résultat	Supra	1,0
81093							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> ; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
81094							LSPQ - bact.	<i>Streptococcus pneumoniae</i> ; programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
81095		N					LSPQ - bact.	Polymorphismes nucléotidiques simples (SNP); génotypage		Rapport	Supra	1,0
81099		C	D				LSPQ - bact.	Investigation d'éclosion bactérienne (EGCP, FTIR)		Rapport	Supra	1,0
81100		N					LSPQ - bact.	Envoi à l'extérieur; Plan d'intervention d'urgence		Boîte	Supra	706,0
81101		N					LSPQ - bact.	Envoi à l'extérieur		Boîte	Supra	53,0
82000		N					LSPQ - bact. spéciale	<i>Yersinia pestis</i> ; sensibilité au phage		Rapport	Supra	1,0
82001							LSPQ - bact. spéciale	<i>Bacillus anthracis</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
82002							LSPQ - bact. spéciale	<i>Bacillus anthracis</i> ; identification (TAAN, bactériophage) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
82003							LSPQ - bact. spéciale	<i>Brucella spp.</i> ; identification (TAAN, bactériophage) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
82004							LSPQ - bact. spéciale	<i>Brucella spp.</i> ; détection (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
82005							LSPQ - bact. spéciale	<i>Burkholderia pseudomallei</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
82006							LSPQ - bact. spéciale	<i>Burkholderia pseudomallei</i> ; identification (séquençage) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
82007							LSPQ - bact. spéciale	<i>Francisella tularensis</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
82008							LSPQ - bact. spéciale	<i>Francisella tularensis</i> ; identification (TAAN) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
82009							LSPQ - bact. spéciale	<i>Francisella tularensis</i> ; détection (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
82010							LSPQ - bact. spéciale	<i>Yersinia pestis</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
82011							LSPQ - bact. spéciale	<i>Yersinia pestis</i> ; identification (TAAN, IF) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
82013							LSPQ - bact. spéciale	<i>Clostridium botulinum</i> ; isolement, identification, toxinotypie (neutralisation)	4	Résultat	Supra	1,0
82014							LSPQ - bact. spéciale	<i>Brucella spp.</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	1,0
82015							LSPQ - bact. spéciale	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> ; recherche et production de toxine (TAAN, test d'Elek)	1	Résultat	Supra	1,0
82016		C	VPr				LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia burgdorferi</i> (maladie de Lyme acquise en Amérique du Nord); 2e volet (ELISA IgG)		Résultat	Supra	20,0
82017		C	VPr				LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia burgdorferi</i> (maladie de Lyme acquise en Amérique du Nord); 2e volet (ELISA IgM)		Résultat	Supra	29,0
82018		C	VP				LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia garinii</i> et <i>Borrelia afzelii</i> (maladie de Lyme acquise en Europe ou en Asie); 2e volet (immunoblot IgG)	1	Résultat	Supra	1,0
82020		C	VPr				LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia burgdorferi</i> (maladie de Lyme acquise en Amérique du Nord); 1er volet (ELISA IgM/IgG)	1	Résultat	Supra	16,6
82021							LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia burgdorferi</i> (Lyme); détection (ELISA IgG) sur liquide céphalo-rachidien (LCR)	1	Résultat	Supra	1,0
82022							LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia burgdorferi</i> (Lyme); détection et génotypage (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
82023							LSPQ - bact. spéciale	<i>Borrelia garinii</i> et <i>Borrelia afzelii</i> (maladie de Lyme acquise en Europe); 1er volet (ELISA IgM/IgG)	1	Résultat	Supra	15,6
82025							LSPQ - bact. spéciale	Borrelioses récurrentes; détection genre <i>Borrelia</i> dont <i>B. hermsii</i> et <i>B. miyamotoi</i> (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82026							LSPQ - bact. spéciale	<i>Leptospira spp.</i> ; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82027							LSPQ - bact. spéciale	<i>Leptospira spp.</i> ; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82028							LSPQ - bact. spéciale	<i>Coxiella burnetii</i> (fièvre Q); détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82029							LSPQ - bact. spéciale	<i>Bartonella spp.</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
82030							LSPQ - bact. spéciale	<i>Orientia tsutsugamushi</i> ; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82031							LSPQ - bact. spéciale	<i>Rickettsia spp.</i> (groupe des fièvres pourprées); détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
82032							LSPQ - bact. spéciale	<i>Rickettsia</i> spp. (groupe des fièvres pourprées); détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82033							LSPQ - bact. spéciale	<i>Rickettsia</i> spp. (groupe des typhus); détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82034							LSPQ - bact. spéciale	<i>Rickettsia</i> spp. (groupe des typhus); détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82035							LSPQ - bact. spéciale	<i>Anaplasma phagocytophilum</i> ; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82036		C	VP				LSPQ - bact. spéciale	<i>Anaplasma phagocytophilum</i> ; détection (TAAN)		Résultat	Supra	41,0
82037							LSPQ - bact. spéciale	<i>Ehrlichia chaffeensis</i> ; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82038							LSPQ - bact. spéciale	<i>Ehrlichia chaffeensis</i> ; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82039							LSPQ - bact. spéciale	<i>Orientia tsutsugamushi</i> ; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82040							LSPQ - bact. spéciale	Syphilis; confirmation (anticorps) sur sérum		Résultat	Supra	1,0
82041							LSPQ - bact. spéciale	Syphilis; détection (VDRL) sur LCR		Résultat	Supra	1,0
82042							LSPQ - bact. spéciale	Syphilis; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82045		N					LSPQ - bact. spéciale	<i>Orientia tsutsugamushi</i> ; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
82050							LSPQ - bact. spéciale	<i>Chlamydia trachomatis</i> LGV; détection et génotypage (TAAN) sur spécimen primaire		Résultat	Supra	26,0
82051							LSPQ - bact. spéciale	<i>Chlamydophila pneumoniae</i> ; détection (TAAN) sur spécimen respiratoire	1	Résultat	Supra	1,0
82052							LSPQ - bact. spéciale	<i>Chlamydophila psittaci</i> ; détection (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
82059							LSPQ - bact. spéciale	<i>Haemophilus ducreyi</i> ; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
82061							LSPQ - bact. spéciale	<i>Mycoplasma genitalium</i> ; détection de résistance (TAAN) sur spécimen primaire	1	Résultat	Supra	1,0
83002							LSPQ - virologie	Adénovirus; génotypage (séquençage) sur isolats viraux	1	Résultat	Supra	1,0
83003							LSPQ - virologie	Zika, Dengue, Chikungunya; détection (TAAN)(multiplex) sur sérum, LCR, urine, liquide amniotique		Résultat	Supra	46,0
83004							LSPQ - virologie	Zika; détection (TAAN) sur placenta	1	Résultat	Supra	1,0
83005		C	VP				LSPQ - virologie	Zika; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	63,0
83006		C	VP				LSPQ - virologie	Dengue; détection (anticorps)		Résultat	Supra	31,0
83007							LSPQ - virologie	Chikungunya; détection (ELISA IgM) sur sérum		Résultat	Supra	16,6
83008		C	VP				LSPQ - virologie	Chikungunya; détection (ELISA IgG) sur sérum		Résultat	Supra	78,0
83009							LSPQ - virologie	Virus du Nil occidental (VNO); détection (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
83010							LSPQ - virologie	Virus du Nil occidental (VNO); détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
83011							LSPQ - virologie	Sérogroupe Californie (Jamestown canyon, Snowshoe hare); détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83012							LSPQ - virologie	Cache Valley; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83013							LSPQ - virologie	Powassan; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83014							LSPQ - virologie	Chorioméningite lymphocytaire (VCML); détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83015							LSPQ - virologie	Chorioméningite lymphocytaire (VCML); détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
83016							LSPQ - virologie	Encéphalite à tiques; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83017							LSPQ - virologie	Encéphalite équine de l'est; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83018							LSPQ - virologie	Encéphalite japonaise; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83019							LSPQ - virologie	Fièvre jaune; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83020							LSPQ - virologie	Hantavirus; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83021							LSPQ - virologie	Hantavirus; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
83030							LSPQ - virologie	Hépatite A (VHA); génotypage (séquençage)	1	Résultat	Supra	1,0
83031							LSPQ - virologie	Hépatite B (VHB); test supplémentaire (anti-HBc) (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
83032							LSPQ - virologie	Hépatite B (VHB); confirmation (HBsAg) (antigène)		Résultat	Supra	1,0
83033							LSPQ - virologie	Hépatite B (VHB); génotypage (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
83034							LSPQ - virologie	Hépatite B (VHB); résistance aux antiviraux (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
83036	*						LSPQ - virologie	Hépatite C (VHC); génotypage (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
83037							LSPQ - virologie	Hépatite C (VHC); résistance aux antiviraux (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
83038						TC	LSPQ - virologie	Hépatite D (VHD); détection (TAAN) (qualitatif/quantitatif) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83040							LSPQ - virologie	Hépatite E (VHE); détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0
83041							LSPQ - virologie	Hépatite E (VHE); génotypage (séquençage)	1	Résultat	Supra	1,0
83042							LSPQ - virologie	Hépatite D (VHD); détection (anticorps)		Rapport	Supra	21,0
83043		C	VP				LSPQ - virologie	RITA : Algorithme d'épreuves de laboratoire pour l'identification des infections récentes par le VIH		Rapport	Supra	70,0
83044							LSPQ - virologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH); confirmation		Résultat	Supra	1,0
83047							LSPQ - virologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH); ADN proviral (TAAN)		Résultat	Supra	1,0
83048							LSPQ - virologie	Virus de l'immunodéficience humaine (VIH-2); charge virale (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
83049							LSPQ - virologie	HTLV 1 et 2; confirmation (anticorps)	5	Résultat	Supra	1,0
83050							LSPQ - virologie	Influenza A et B; détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0
83051		C	VP				LSPQ - virologie	Influenza A; sous-typage (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	43,0
83052							LSPQ - virologie	Influenza A; caractérisation antigénique (inhibition de l'hémagglutination)		Résultat	Supra	1,0
83053		C	VP				LSPQ - virologie	Influenza A aviaire (H5, H7, H9); détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	219,0
83054							LSPQ - virologie	Coronavirus (MERS-CoV); détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0
83055		C	VP				LSPQ - virologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2); détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	31,0
83056							LSPQ - virologie	Pathogènes respiratoires; détection multiplex 18 virus et 3 bactéries (TAAN homologué); programme de surveillance		Rapport	Supra	1,0
83057		C	VP				LSPQ - virologie	Influenza A; confirmation (TAAN) sur spécimen clinique (soins critiques)		Résultat	Supra	40,0
83060							LSPQ - virologie	Gastroentérite d'allure virale; détection de virus entériques (TAAN) (multiplex) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0
83061		C	VP				LSPQ - virologie	Pathogènes entériques; détection multiplex (virus, bactéries et parasites) (TAAN homologué) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	198,0
83062		N					LSPQ - virologie	Suspicion de fièvre virale hémorragique: détection de 19 pathogènes (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	775,0
83065							LSPQ - virologie	BK/JC polyomavirus; détection (TAAN) sur LCR, biopsie	1	Résultat	Supra	1,0
83069							LSPQ - virologie	Entérovirus; détection et génotypage (sauf poliovirus) (TAAN) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83070							LSPQ - virologie	Poliovirus; détection et génotypage (séquençage) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83075							LSPQ - virologie	Herpès B; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
83076							LSPQ - virologie	Virus de la varicelle et du zona (VZV): génotypage souche vaccinale (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
83084		N					LSPQ - virologie	Oreillons; génotypage (TAAN) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83085							LSPQ - virologie	Rougeole; génotypage (TAAN) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83086							LSPQ - virologie	Rubéole; (IgG) (mesure de l'avidité)	1	Résultat	Supra	1,0
83087							LSPQ - virologie	Rubéole; détection et génotypage (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
83088		C	D, VPr				LSPQ - virologie	Oreillons; détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	69,0
83089		C	VP				LSPQ - virologie	Orthopoxvirus simien; détection (TAAN)		Résultat	Supra	69,0
83090							LSPQ - virologie	Molluscum contagiosum; détection (TAAN) sur spécimen clinique	1	Résultat	Supra	1,0
83091							LSPQ - virologie	Rage; détection (anticorps)	1	Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
83092							LSPQ - virologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2) : confirmation (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0
83094							LSPQ - virologie	Coronavirus (SRAS-CoV-2) : séquençage prioritaire		Résultat	Supra	1,0
83095		C	VP				LSPQ - virologie	MPOX; différenciation clade I et II (TAAN)		Résultat	Supra	55,0
83096		N					LSPQ - virologie	Arbovirus; confirmation (anticorps) sur sérum		Résultat	Supra	1,0
83098							LSPQ - virologie	Virus du papillome humain (VPH) – types muqueux (génotypage)	1	Résultat	Supra	1,0
83099							LSPQ - virologie	Virus du papillome humain (VPH) – types cutanés (génotypage)	1	Résultat	Supra	1,0
84001							LSPQ - mycobact. - actino.	Actinomycètes aérobies; identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
84002							LSPQ - mycobact. - actino.	Actinomycètes aérobies; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
84003							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Nocardia</i> spp; identification (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
84004							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Nocardia</i> spp; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
84005							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; confirmation (délétion, séquençage) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
84006							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; antibiogramme (concentration critique) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
84008							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; détection des gènes de résistance (séquençage)		Résultat	Supra	1,0
84009							LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; typage moléculaire (séquençage) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	1,0
84010							LSPQ - mycobact. - actino.	Mycobactéries non tuberculeuses; identification (délétion, séquençage)		Résultat	Supra	1,0
84011							LSPQ - mycobact. - actino.	Mycobactéries non tuberculeuses; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
84012		N					LSPQ - mycobact. - actino.	Mycobactéries non tuberculeuses à croissance lente; antibiogramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
84014		N					LSPQ - mycobact. - actino.	Analyse génomique des agrégats et d'éclosions du complexe <i>M. tuberculosis</i> (prédiction génomique de la résistance aux antiTB)		Résultat	Supra	1,0
84015		N					LSPQ - mycobact. - actino.	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> ; antibiogramme (confirmation de résistance INH) sur culture *GR3*		Résultat	Supra	353,0
86001		C	VPr				LSPQ - parasito.	Parasites intestinaux; identification microscopique (coloration permanente / hématoxyline-ferrique)		Résultat	Supra	63,0
86002		C	VPr				LSPQ - parasito.	Parasites intestinaux (coccidies); identification microscopique (coloration permanente / Kinyoun-modifié)		Résultat	Supra	60,0
86004		C	VPr				LSPQ - parasito.	Parasites intestinaux (microsporidies); identification microscopique (coloration permanente / trichrome-modifié)		Résultat	Supra	76,0
86006							LSPQ - parasito.	<i>Entamoeba histolytica</i> (amibiase); détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86007		C	VPr				LSPQ - parasito.	Parasites intestinaux; identification microscopique (concentration et coloration à l'iode)		Résultat	Supra	56,0
86010							LSPQ - parasito.	Vers; identification macroscopique		Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
86011		C	D				LSPQ - parasito.	Ectoparasites (arthropodes autres que tiques); identification (microscopie)		Résultat	Supra	1,0
86012		N*					LSPQ - parasito.	Tiques: identification (microscopie)		Résultat	Supra	1,0
86023							LSPQ - parasito.	<i>Baylisascaris procyonis</i> ; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86027							LSPQ - parasito.	<i>Taenia solium</i> (cysticercose); détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86028							LSPQ - parasito.	<i>Taenia solium</i> (cysticercose); détection (TAAN)	6	Résultat	Supra	1,0
86029							LSPQ - parasito.	<i>Echinococcus granulosus</i> ; identification (microscopie)		Résultat	Supra	1,0
86030							LSPQ - parasito.	<i>Echinococcus granulosus</i> ; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86031		C	D				LSPQ - parasito.	<i>Echinococcus granulosus</i> et <i>E. multilocularis</i> ; détection (TAAN) sur spécimen clinique	6	Résultat	Supra	1,0
86032							LSPQ - parasito.	<i>Paragonimus</i> spp.; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86033		C	VP				LSPQ - parasito.	<i>Strongyloides</i> ; détection (ELISA IgG) sur sérum		Résultat	Supra	12,0
86035							LSPQ - parasito.	<i>Gnathostoma spinigerum</i> ; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86036							LSPQ - parasito.	<i>Fasciola hepatica</i> ; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86051							LSPQ - parasito.	<i>Plasmodium</i> sp (malaria); détection (TAAN)	6	Résultat	Supra	1,0
86052							LSPQ - parasito.	<i>Plasmodium</i> sp (malaria); détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86054							LSPQ - parasito.	<i>Babesia microti</i> ; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86055							LSPQ - parasito.	<i>Babesia</i> spp.; détection (TAAN)	1	Résultat	Supra	1,0
86058		N					LSPQ - parasito.	<i>Cyclospora cayetanensis</i> (programme de surveillance)		Résultat	Supra	1,0
86064							LSPQ - parasito.	Filaires (filarioses) : détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86065		N					LSPQ - parasito.	Filaires ( <i>Wuchereria bancrofti</i> ) (antigènes)	6	Résultat	Supra	1,0
86069							LSPQ - parasito.	<i>Leishmania</i> spp. (culture)	6	Résultat	Supra	1,0
86070							LSPQ - parasito.	<i>Leishmania</i> spp.; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86071							LSPQ - parasito.	<i>Leishmania</i> spp.; détection (TAAN)	6	Résultat	Supra	1,0
86073		C	VP				LSPQ - parasito.	<i>Schistosoma</i> ; détection (ELISA IgG) sur sérum		Résultat	Supra	10,3
86074							LSPQ - parasito.	<i>Toxocara</i> spp.; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86075							LSPQ - parasito.	<i>Trichinella</i> spp.; détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86076							LSPQ - parasito.	<i>Trypanosoma brucei</i> (trypanosomiase africaine); détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
86077							LSPQ - parasito.	<i>Trypanosoma brucei</i> (trypanosomiase africaine); détection (TAAN)	6	Résultat	Supra	1,0
86078							LSPQ - parasito.	<i>Trypanosoma cruzi</i> (trypanosomiase américaine); détection (anticorps)	6	Résultat	Supra	1,0
86079							LSPQ - parasito.	<i>Trypanosoma cruzi</i> (trypanosomiase américaine); détection (TAAN)	6	Résultat	Supra	1,0
86080							LSPQ - parasito.	<i>Toxoplasma gondii</i> ; confirmation (IgG-IgM) (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
86081							LSPQ - parasito.	<i>Toxoplasma gondii</i> ; avidité (IgG) (anticorps)		Résultat	Supra	1,0
86082							LSPQ - parasito.	<i>Toxoplasma gondii</i> ; détection (TAAN) sur spécimen clinique		Résultat	Supra	1,0
87000		N					LSPQ - mycologie	Levures; identification au genre ou à l'espèce (spectrométrie de masse - MALDI-TOF)		Résultat	Supra	5,5
87001							LSPQ - mycologie	Levures; identification (spectrométrie de masse - MALDI-TOF, séquençage)		Résultat	Supra	1,0
87002							LSPQ - mycologie	Levures; antifongigramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
87003		C	VP				LSPQ - mycologie	<i>Candida auris</i> ; confirmation (MALDI) et séquençage; test de sensibilité et séquençage génomique (LNM)	1	Résultat	Supra	30,0
87004							LSPQ - mycologie	Levures; investigation d'éclosion (typage)		Rapport	Supra	1,0
87018							LSPQ - mycologie	(1-3)-β-D-glucane sérique (dosage)		Rapport	Supra	1,0
87020							LSPQ - mycologie	Champignons filamenteux; identification (microscopie, séquençage)		Résultat	Supra	1,0
87021							LSPQ - mycologie	Champignons filamenteux; antifongigramme (microdilution en bouillon)		Résultat	Supra	1,0
87022							LSPQ - mycologie	Champignons filamenteux; investigation d'éclosion (typage)		Rapport	Supra	1,0
87030							LSPQ - mycologie	Champignons dimorphes; détection (TAAN) sur spécimen primaire *GR3*		Résultat	Supra	1,0
87031							LSPQ - mycologie	Champignons dimorphes; identification (TAAN, microscopie) sur colonie *GR3*		Résultat	Supra	1,0
87034		C	VP				LSPQ - mycologie	<i>Coccidioides immitis</i> ; détection (anticorps)		Résultat	Supra	100,0
87050							LSPQ - mycologie	<i>Pneumocystis</i> ; détection (TAAN quantitatif)		Résultat	Supra	48,0
87051							LSPQ - mycologie	<i>Pneumocystis</i> ; investigation d'éclosion (génotypage)		Rapport	Supra	1,0
88002							LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; dénombrement bactérien (membrane filtrante)		Résultat	Supra	22,0
88003							LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; endotoxines bactériennes (LAL Gel-Clot)		Résultat	Supra	18,8
88004							LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; anions (chromatographie ionique)		Résultat	Supra	25,0
88005							LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; chlore résiduel total (titrimétrie)		Résultat	Supra	13,5
88006		C	VP				LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; carbone organique total (oxydation)		Résultat	Supra	38,0
88007		C	VP				LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; métaux (en sous-traitance)		Résultat	Supra	156,0

Code	Réf. texte	Modif.	Type modif.	RQDM	INESSS	Test compagnon	Sous-section	Description	Réf. code num.	Élément de compte	Hiérarchie	VP 26-27
88008		C	VP				LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; pH (électrométrie)		Résultat	Supra	29,0
88009		C	VP				LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; conductivité (électrométrie)		Résultat	Supra	14,7
88010		C	VP				LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; silice réactive (colorimétrie)		Résultat	Supra	43,0
88011							LSPQ - phys.-chimie	Eau de dialyse et purifiée; dureté totale (en sous-traitance)		Résultat	Supra	47,0
90000							PNR	Procédures non répertoriées (PNR)		Échantillon	Supra	1,0
95000							PNR	Coût en \$\$ des PNR		Échantillon	Supra	1,0



Techniques de dosage des anticorps			
Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Agglutination passive	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Agglutination indirecte</li> <li>• Particle agglutination test</li> <li>• Particle latex assay (LA, PLA)</li> <li>• Hémagglutination</li> <li>• Hemagglutination assay (HA)</li> <li>• Floculation</li> <li>• Agglutination sur lame</li> <li>• Slide agglutination</li> </ul>	Réaction d'agglutination obtenue à partir de particules inertes (ex. : latex) servant de simple support à des antigènes solubles qui y ont été artificiellement fixés. On parle d'agglutination passive inversée lorsque la méthode utilise des particules recouvertes d'anticorps servant à détecter des antigènes.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Monotest</li> <li>• Détection antigénique du cryptocoque</li> <li>• Détection de l'antigène du streptocoque du groupe A</li> <li>• Venereal Disease Research Laboratory test (VDRL)</li> <li>• Rapid Plasma Reagin (RPR)</li> <li>• Treponema pallidum particle agglutination test (TPPA)</li> </ul>
Agglutination en tube	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Microagglutination</li> </ul>	Des dilutions successives d'un sérum à tester sont mises en contact avec une concentration connue et constante de l'antigène ou du microorganisme correspondant. L'épreuve de microagglutination se fait dans les puits d'une microplaque.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Sérologie <i>Brucella sp.</i></li> <li>• Sérologie <i>Francisella tularensis</i></li> <li>• Sérologie <i>Leptospira interrogans</i></li> </ul>
Épreuve d'inhibition de l'hémagglutination	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Hemagglutination inhibition assay (HAI)</li> </ul>	Certains virus possèdent des hémagglutinines à leur surface, ce qui les rend capables d'agglutiner certains types de globules rouges. Cette propriété permet d'identifier des virus retrouvés en culture à l'aide d'un antisérum correspondant et permet également de détecter dans un échantillon clinique la présence d'anticorps spécifiques à un virus.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Caractérisation antigénique des souches du virus de l'influenza</li> <li>• Sérologie pour le virus Powassan</li> </ul>
Immunobuvardage	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Buvardage de western</li> <li>• Western blot (WB)</li> <li>• Recombinant immunoblot assay (RIBA)</li> <li>• Line immunoassay (LIA)</li> </ul>	Les techniques d'immunobuvardage permettent de détecter la présence d'anticorps spécifiques dans un échantillon clinique. Si les anticorps recherchés sont présents dans le spécimen analysé, ils réagissent d'abord avec leurs antigènes cibles (recombinants ou non) qui ont été immobilisés sur une membrane par buvardage. Les anticorps peuvent ensuite être révélés par des autoanticorps couplés à un chromogène.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tests de confirmation pour différentes sérologies (ex. : VIH, hépatite C, syphilis, Lyme)</li> </ul>
Immunoélectrophorèse	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Immunoelectrophoresis</li> <li>• Immunoélectrophorèse croisée</li> <li>• Électrosynérèse</li> <li>• Contre-immunoélectrophorèse</li> <li>• Counter immunoelectrophoresis</li> </ul>	Méthode d'électrophorèse consistant à effectuer d'abord la séparation des constituants d'un mélange antigénique en fonction de leur mobilité dans un gel soumis à un champ électrique et, dans un deuxième temps ou simultanément, à identifier ces antigènes par réaction immunologique spécifique.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Détection d'anticorps anti-Aspergillus</li> </ul>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Immunofluorescence	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Immunofluorescence directe</li> <li>• Direct immunofluorescence assay (DFA)</li> <li>• Immunofluorescence indirecte</li> <li>• Indirect immunofluorescence assay (IFA)</li> <li>• Immuno-fluorescent Assay (IFA)</li> <li>• Fluorescent assay (FA)</li> <li>• Fluorescence immunoassay (FIA)</li> <li>• Fluorescent-antibody-to-membrane-antigen (FAMA)</li> </ul>	<p>Technique de détection immunologique dans laquelle la présence d'un antigène ou d'un anticorps est révélée dans une cellule, un tissu ou autre type d'échantillon biologique par fixation avec l'anticorps correspondant marqué avec une substance fluorescente. Il existe diverses méthodes d'immunofluorescence parmi lesquelles l'immunofluorescence directe et l'immunofluorescence indirecte, et il existe des techniques microscopiques ou automatisées. Les techniques microscopiques requièrent une bonne expertise.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Sérologie fièvre Q</li> <li>• Détection rapide du virus Varicella-Zoster sur spécimen clinique</li> <li>• Détection directe de <i>Pneumocystis jirovecii</i> sur spécimen clinique</li> <li>• Fluorescent treponemal antibody-absorption test (FTA-Abs)</li> </ul>
Méthode immunoenzymatique	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Essai immunoenzymatique</li> <li>• Dosage immunoenzymatique</li> <li>• Enzyme immunoassay (EIA)</li> <li>• Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA)</li> <li>• Immunochromatographie</li> <li>• Lateral flow immunoassay</li> </ul>	<p>Épreuve de dosage immunologique qui utilise des réactifs marqués par des enzymes pour détecter les anticorps ou les antigènes. La méthode EIA la plus répandue est l'ELISA, dans laquelle des anticorps de laboratoire conjugués à une enzyme sont utilisés pour révéler les anticorps, antigènes ou haptènes recherchés dans un échantillon biologique. Différents types d'anticorps peuvent être détectés tels que des IgG ou des IgM. Les techniques peuvent être automatisées ou manuelles, et elles peuvent être qualitatives ou quantitatives</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Sérologie hépatites (anticorps comme anti-HBs et antigène comme HBs Ag)</li> <li>• Sérologie rubéole</li> <li>• Sérologie VIH (anticorps et antigène p24)</li> <li>• Sérologie CMV</li> <li>• Sérologie syphilis</li> </ul>
Neutralisation	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Neutralisation de la toxine botulinique chez la souris</li> <li>• Séroneutralisation par réduction des plages, en anglais Plaque reduction neutralization test (PRNT)</li> </ul>	<p>La neutralisation représente la capacité qu'ont certains anticorps de neutraliser l'activité biologique de certains antigènes ou des microorganismes porteurs de ces derniers.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• PRNT utilisée au LNM pour la confirmation de certaines sérologies (ex. : dengue, VNO, encéphalite équine de l'Est)</li> <li>• Sérologie antirabique au LNM</li> <li>• Confirmation d'une toxine botulinique à Ottawa</li> </ul>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Test d'avidité	<ul style="list-style-type: none"> <li>Avidity</li> </ul>	<p>L'avidité des IgG est liée à la maturation des sous-classes d'IgG qui, d'anticorps à faible capacité de liaison, deviennent des anticorps à forte capacité de liaison avec le temps après une première exposition à l'antigène. Par conséquent, les IgG de faible avidité sont une indication d'une infection aiguë, alors que les IgG de forte avidité sont une indication d'une infection passée ou d'une réinfection. Un test d'avidité compare les résultats dans une série de puits en présence d'un dénaturant (ex. : urée) aux résultats dans des puits sans dénaturant. Les IgG de faible avidité sont lavés par le dénaturant et sont détectés par une baisse importante de la quantité d'IgG dans les puits avec dénaturant comparativement aux puits sans dénaturant.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Avidité des IgG anti-rubéole, anti-toxoplasmose ou anti-VNO</li> </ul>

### Techniques de biologie moléculaire

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Sonde moléculaire (hybridation)	<ul style="list-style-type: none"> <li>Probe</li> <li>Nucleic probe</li> <li>Fluorescence in situ hybridization (FISH)</li> <li>Colorimetric in situ hybridization (CISH)</li> <li>Line probe assay (LiPA)</li> </ul>	<p>Détection d'une séquence précise d'acides nucléiques à l'aide d'une sonde moléculaire (séquence d'acides nucléiques) complémentaire. Il existe plusieurs formats de tests (phase solide, phase liquide, ou in situ) et plusieurs méthodes de détection pour révéler l'hybridation (luminescence, colorimétrie ou fluorescence). Par exemple, les sondes peuvent être couplées à une molécule fluorescente ou à une enzyme capable de produire une couleur à partir d'un substrat.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Identification de microorganismes par sondes d'ADN (ex. : mycobactéries, streptocoque du groupe A)</li> <li>Diagnostic de certaines aneuploïdies (ex. : FISH pour la trisomie 21)</li> </ul>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Immunodétection d'hybrides (capture d'hybrides)	<ul style="list-style-type: none"> <li>Hybrid Capture (test commercial)</li> </ul>	<p>Cette technique débute par l'hybridation de l'ADN ciblé par des sondes d'ARN spécifiques. Les hybrides moléculaires formés sont ensuite détectés par des anticorps spécifiques (des anticorps ciblant des molécules ADN-ARN). Ces anticorps sont couplés à une enzyme qui, en présence d'un substrat particulier, produit de la lumière. Plusieurs anticorps peuvent se lier à un même hybride moléculaire. Contrairement aux tests d'amplification des acides nucléiques (TAAN), cette technique n'amplifie pas les acides nucléiques, mais amplifie plutôt le signal lumineux servant à la détection.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Détection du VPH dans un spécimen de col utérin par le test commercial Hybrid Capture</li> </ul>
Technique de l'ADN ramifié	<ul style="list-style-type: none"> <li>Branched DNA (bDNA)</li> </ul>	<p>Une fois la séquence d'acides nucléiques ciblée immobilisée sur un support solide grâce à une sonde spécifique ancrée, une cascade de sondes (dont certaines sont ramifiées) s'hybrident entre elles se terminant par de multiples sondes lumineuses. Le signal lumineux ainsi généré peut être détecté et quantifié. Contrairement aux tests d'amplification des acides nucléiques (TAAN), cette technique n'amplifie pas les acides nucléiques, mais amplifie plutôt le signal lumineux servant à la détection.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Mesure de la charge virale (VIH, hépatite B, hépatite C) et détection de <i>Chlamydia trachomatis</i> et <i>Neisseria gonorrhoeae</i> avec les troussees Versant (Siemens)</li> </ul>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Test d'amplification d'acides nucléiques (TAAN)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Amplification en chaîne par polymérase (en anglais polymerase chain reaction, PCR)</li> <li>• Quelques exemples de variantes de la PCR :               <ul style="list-style-type: none"> <li>– PCR en temps réel (real-time PCR, qPCR)</li> <li>– PCR emboîtée ou imbriquée (nested PCR)</li> <li>– PCR précédée d'une transcription inverse (reverse transcription PCR, RT-PCR)</li> <li>– PCR multiplex</li> <li>– PCR in situ</li> <li>– Methylation-specific PCR (MSP)</li> <li>– dPCR (digital PCR)</li> <li>– ddPCR (droplet digital PCR)</li> </ul> </li> <li>• Exemples de méthodes d'amplification d'acides nucléiques dites « isothermes » (méthodes différentes de la PCR) :               <ul style="list-style-type: none"> <li>– Strand displacement amplification (SDA)</li> <li>– Transcription mediated amplification (TMA)</li> <li>– Nucleic acid sequence-based amplification (NASBA)</li> <li>– Loop-mediated amplification (LAMP)</li> <li>– Technologie Invader®</li> <li>– Ligase chain reaction (LCR)</li> </ul> </li> </ul>	<p>Les tests d'amplification d'acides nucléiques sont des procédés d'amplification enzymatiques in vitro permettant de faire de multiples copies d'une courte séquence d'ADN ou d'ARN, et ce, jusqu'à ce que la quantité de copies soit détectable. La PCR utilise une enzyme appelée polymérase et comporte des cycles successifs (généralement de 20 à 40) d'amplification menant à une multiplication exponentielle du fragment d'ADN. Pour procéder à l'amplification d'une séquence d'ARN par PCR, il faut d'abord obtenir une copie d'ADN par transcription inverse. Une PCR multiplex permet d'amplifier dans la même réaction plusieurs séquences d'ADN spécifiques (ex. : PCR pour <i>Chlamydia trachomatis</i> et <i>Neisseria gonorrhoeae</i>). Avec la PCR traditionnelle, les copies d'acides nucléiques obtenues après amplification sont détectées par migration (électrophorèse) sur un gel d'agarose contenant du bromure d'éthidium (composé fluorescent) et sont ensuite révélées par exposition à des rayons ultraviolets. Dans la PCR en temps réel ainsi que la plupart des méthodes d'amplification isothermes, grâce à des fluorophores déjà présents dans le mélange réactionnel, les copies d'acides nucléiques engendrent la production de fluorescence au fur et à mesure qu'elles sont synthétisées jusqu'à l'obtention d'un seuil détectable. Les fluorophores utilisés dans les TAAN en temps réel sont souvent couplés à des sondes nucléiques spécifiques à la séquence cible. Contrairement à la PCR, les méthodes d'amplification isothermes utilisent des enzymes différentes et ne requièrent pas de cycles successifs de changement de température. La réaction en chaîne par polymérase numérique (dPCR) est un raffinement biotechnologique des méthodes conventionnelles de réaction en chaîne par polymérase qui peuvent être utilisées pour quantifier directement les acides nucléiques. La ddPCR est un PCR digital réalisé sur une émulsion eau-huile de gouttelette.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Détection de <i>C. trachomatis</i> et <i>N. gonorrhoeae</i> à partir d'écouvillonnages génitaux, anaux ou pharyngés</li> <li>• Détection d'influenza ou autres virus respiratoires dans les spécimens respiratoires</li> <li>• Détection de <i>Clostridioides difficile</i> toxigène dans les selles</li> <li>• Détection de <i>Mycobacterium tuberculosis</i></li> <li>• Détection de VPH à partir de spécimens génitaux</li> <li>• Détection du virus herpes (HSV-1 et HSV-2) à partir d'écouvillonnages (peau ou muqueuses) ou dans le liquide céphalorachidien (LCR)</li> <li>• Détection d'entérovirus dans le LCR</li> <li>• Détection du <i>Staphylococcus aureus</i> résistant à la méthicilline (SARM)</li> <li>• Détection de l'entérocoque résistant à la vancomycine (ERV)</li> <li>• Mesure de charges virales (ex. : VIH, hépatite B, hépatite C, CMV, EBV, adénovirus, JC/BK)</li> </ul>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
Séquençage d'acides nucléiques	<ul style="list-style-type: none"> <li>• DNA sequencing</li> <li>• Méthode Sanger</li> <li>• Pyroséquençage</li> <li>• Séquençage de nouvelle génération (SNG), NGS ou séquençage de 2e génération (séquençage massif en parallèle, séquençage à haut débit, séquençage à « longues lectures »)</li> <li>• Séquençage de 3e génération (séquençage de molécules uniques)</li> </ul>	<p>Le séquençage de l'ADN est la détermination de l'ordonnement linéaire des nucléotides d'une molécule d'ADN. La méthode traditionnelle de Sanger fonctionne par terminaison des chaînes de nucléotides lors de l'amplification grâce à des nucléotides fluorescents qui bloquent l'amplification subséquente. On procède ensuite à la détection de ces chaînes par électrophorèse (de la plus courte à la plus longue) et de leur nucléotide terminal fluorescent. Le pyroséquençage consiste à copier la molécule à séquencer au fur et à mesure en ajoutant des nucléotides un à la fois. Lorsque le bon nucléotide est ajouté au mélange réactionnel, une réaction enzymatique produit de la lumière. Les séquenceurs de 2e génération amplifient de façon très importante des fragments des acides nucléiques à séquencer, et le séquençage se fait soit par pyroséquençage, par synthèse ou par ligation. Le séquençage à « longues lectures » ou long read est une variante du SNG qui permet de lire de plus long fragment d'ADN que la technique de SNG habituelle. Le séquençage de 3e génération permet le séquençage direct d'une seule molécule d'acides nucléiques sans avoir recours à l'amplification et peut séquencer directement de l'ARN sans conversion préalable en ADN.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Génotypage de virus (ex. : VIH, hépatite C, influenza)</li> <li>• Détection de mutations conférant de la résistance à des antimicrobiens (ex. : VIH, hépatite C, CMV)</li> <li>• Identification de microorganismes (ex. : bactéries)</li> <li>• Détection de mutations génétiques humaines associées à certaines maladies (ex. : fibrose kystique)</li> <li>• Détection de mutations génétiques humaines influençant le métabolisme de certains médicaments</li> <li>• Détermination du complexe majeur d'histocompatibilité</li> </ul>
MLPA	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Multiplex ligation-dependent probe amplification</i></li> </ul>	<p>La MLPA (<i>multiplex ligation-dependent probe amplification</i> ou amplification multiplex de sondes dépendant d'une ligation) est une variante de la PCR multiplex dans laquelle les deux parties qui composent la sonde doivent se lier à l'ADN pour que l'amplification ait lieu. Cette méthode semi-quantitative est utilisée pour dénombrer les copies d'une même séquence dans un brin d'ADN.</p>	<p>Identification de délétions et de duplications d'un ou de plusieurs exons</p>

Nom de la technique	Synonyme(s) / Terme(s) anglais / Technique(s) dérivée(s) / Acronyme(s)	Description	Exemples d'utilisation
MALDI-TOF	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionisation – Time of Flight mass spectrometry</i> (MALDI-TOF)</li> </ul>	<p>Un instrument de type MALDI-TOF est un spectromètre de masse couplant une source d'ionisation de type laser assistée par une matrice (MALDI, Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionisation) et un analyseur à temps de vol (TOF, time-of-flight mass spectrometry). Sous l'influence du laser, les différentes biomolécules (protéines, peptides, sucres) sont ionisées et détachées du substrat (la matrice), et en fonction de leur charge électrique mais surtout de leur masse, chaque molécule nécessite un temps précis pour atteindre le détecteur. Lorsque la résolution est de bonne qualité, on obtient un spectre sur lequel chaque molécule génère un pic unique, et ce spectre peut être comparé à une banque de données afin d'obtenir l'identification de différentes substances ou d'un microorganisme.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Identification rapide de microorganismes</li> <li>• Plusieurs autres applications sont en développement</li> </ul>
Cartographie optique du génome (COG)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Optical Genome Mapping (OGM)</i></li> </ul>	<p>La COG permet de détecter les anomalies chromosomiques structurales (ou VS, de l'anglais structural variant) et les variants de nombre de copies (VNC) de l'ADN de tout le génome (ADNg). Il s'agit d'une méthode d'analyse moléculaire effectuée à partir de l'ADN génomique de haut poids moléculaire. À la suite d'un marquage par fluorophore, les anomalies chromosomiques peuvent être visualisées grâce à l'appareil SaphyrMC (Bionano) et sa plateforme bio-informatique.</p>	



Code	Sous-section	Description	Modification	Correspondance nouveau code
19007	H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe I par Luminex)		
19008	H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe I par Luminex)		
19390	H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (dépistage des anti-HLA classe II par Luminex)		
19397	H-Q imm. leucocytaire	Anti-HLA (identification des anti-HLA classe II par Luminex)		
20200	Hémato-hémostase	Protéine S totale (antigène)	Code retiré, le laboratoire désigné ne réalise plus.	
20252	Hémato-hémostase	Test d'inhibition de la thromboplastine tissulaire diluée	Code retiré, aucun volume depuis 2023-2024.	
20685	Hémato-immunologie	Anti-centromères	L'analyse est incluse avec le code 20717. Utiliser 20020 si le marqueur est demandé spécifiquement.	20717 ou 20020
20702	Hémato-immunologie	Anti-mitochondries	Fusion avec le code 20684 (marquage fait en même temps et sur la même lame).	20684
20703	Hémato-immunologie	Anti-muscle lisse	Fusion avec le code 20684 (marquage fait en même temps et sur la même lame).	20684
25015	D. mol. hématologie	Bêta-thalassémie; HBB; (séquençage, régions codantes complètes)	Fusion avec le code 25011.	25011
25022	D. mol. hématologie	Facteur VIII haplotype (hémophilie A) (TAAN)	Aucun volume.	
25038	D. mol. hématologie	Leucémie LMA et Syndromes myélo dysplasiques, (GATA2) (séquençage)	Le code n'est plus utilisé.	55393
25070	D. mol. hématologie	Von Willebrand type 2 (2A, 2B, 2M, 2N) ; VWF (exons 18 à 21 et 28 à 31) mutations associées (séquençage)		
30024	Bio-clinique	Alpha-1 antitrypsine (selles)	Retrait du Répertoire. Procéder par envoi hors Québec au besoin.	
30300	Bio-clinique	Lactate déshydrogénase (électrophorèse) (LD)	Le laboratoire désigné ne produit plus.	
30361	Bio-hormone	Oestrone plasmatique	Aucune volumétrie.	
40330	Micro-bact.	Selles (vérocytotoxine E. coli) (culture cellulaire)	Aucune volumétrie.	
40661	Micro-imm-séro.	Virus Epstein Barr (EBV-EA) IgG ou Ac totaux (immunofluorescence)	Le laboratoire désigné ne produit plus.	
41281	Micro-viro.	Herpes simplex type I et II (culture cellulaire et typage)		
41282	Micro-viro.	Herpes simplex type I ou II (détection rapide sur spécimen clinique incluant typage) (par immunofluorescence)		
50411	Génétique-bio.	Acides aminés (qualitatif)		
50486	Dépistage néonatal	Amyotrophie spinale (SMA); Trousse C2 (SMN2) - test de 2e intention, partie 2.2; (TAAN) sur sang séché	Fusion avec le code 50484. Ces deux codes sont toujours réalisés ensemble.	50484
50490	Dépistage néonatal	Dépistage néonatal maladies métaboliques sur urine (qualitatif)	Programme fermé, retrait du code.	
55044	D. mol. Maladie héréditaire	Recherche de délétions et duplications familiales ou confirmation de délétions et duplications (cardiogénétique) (compilation seulement)	Retrait du code. Utiliser le code générique.	55318 ou 55319
55045	D. mol. Maladie héréditaire	Recherche de délétions et duplications familiales ou confirmation de délétions et duplications (dyslipidémies familiales) (compilation seulement)	Retrait du code. Utiliser le code générique.	
55111	D. mol. maladie héréditaire	Hypercholestérolémie familiale (HF); LDLR; (recherche de larges variations génétiques par MLPA)	Aucune volumétrie.	

Code	Sous-section	Description	Modification	Correspondance nouveau code
55146	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM; (MLPA, analyse de délétion et duplication)	Code retiré. Utiliser le code générique de confirmation.	55318 ou 55319
55148	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MLH1, MSH2, MSH6, PMS2; (séquençage, mutation individuelle)	Retrait du code. Utiliser le code générique.	55318
55152	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MLH1, MSH2, MSH6; recherche d'une mutation, (TPT)	Ce code n'est plus utilisé.	
55154	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MLH1; régions codantes complètes (séquençage)	Ce code n'est plus utilisé.	
55158	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MSH2; régions codantes complètes (séquençage)	Ce code n'est plus utilisé.	
55160	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MSH6; régions codantes complètes (séquençage)	Ce code n'est plus utilisé.	
55162	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; MSH6; recherche de mutation, (TPT)	Ce code n'est plus utilisé.	
55164	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du côlon; PMS2; recherche de mutation, (TPT)	Ce code n'est plus utilisé.	
55166	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du sein, cancer de l'ovaire; BRCA1, BRCA2; mutations juives Ashkénazes (TAAN)	Retiré car cette analyse est faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	55171, 65005
55167	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du sein, cancer de l'ovaire; PALB2; détection de l'allèle Q775X (séquençage)	Retiré car cette analyse est faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	55171, 65005
55168	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du sein, cancer de l'ovaire; BRCA1, BRCA2; (mutation individuelle)	Retrait du code. Utiliser le code générique.	55318
55170	D. mol. oncologie héréditaire	Cancer du sein, cancer de l'ovaire; BRCA1, BRCA2; (mutations canadiennes-françaises)	Retiré car cette analyse est faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	55171, 65005
55218	D. mol. maladie héréditaire	Fibrose Kystique (FK); CFTR; (séquençage, mutation individuelle)	Utiliser le code générique 55319.	55319
55268	D. mol. maladie héréditaire	Phénylcétonurie (PCU); PAH; (séquençage, mutation individuelle)	Utiliser le code générique 55318.	55318
55274	D. mol. oncologie héréditaire	Polypose adénomateuse colique; APC; (MLPA) recherche de duplication / délétion	Retiré car cette analyse est faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	65222
55276	D. mol. oncologie héréditaire	Polypose adénomateuse colique; APC, exon 15 (TPT)	Ce code n'est plus utilisé.	
55280	D. mol. oncologie héréditaire	Polypose intestinale multiple; MUTYH (REB), panel de mutations	Retiré car cette analyse est faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	
55290	D. mol. maladie héréditaire	Surdit� non syndromique; GJB2, GJB6 (SNG)	Fusion avec le code 55288.	55288
55312	D. mol. maladie héréditaire	Offre populationnelle – Quatre maladies r�cessives du Saguenay–Lac-Saint-Jean; (ALC-SLSJ; TH1; NSM /ACC; ARSACS) (TAAN) – recherche de mutations individuelles sur pr�lèvement de cellules buccales	Aucune volum�trie.	

Code	Sous-section	Description	Modification	Correspondance nouveau code
55314	D. mol. maladie héréditaire	Quatre maladies récessives du Saguenay-Lac-Saint-Jean; (ALC-SLSJ; TH1; NSM /ACC; ARSACS) (TAAN) – recherche de mutations individuelles sur prélèvement sanguin ou liquide biologique	Ce code n'est plus utilisé.	
55330	D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux dystrophies musculaires analysé à partir de l'exome (compilation seulement)	Ce code est remplacé par le code 55340.	55340
55332	D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux myopathies congénitales analysé à partir de l'exome (compilation seulement)	Ce code est remplacé par le code 55340.	55340
55334	D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux myasthénies congénitales analysé à partir de l'exome (compilation seulement)	Ce code est remplacé par le code 55340.	55340
55338	D. mol. Maladie héréditaire	Panel virtuel ciblé de gènes associés aux rhabdomyolyses analysé à partir de l'exome (compilation seulement)	Ce code est remplacé par le code 55340.	55340
60130	Pathologie clinique	Coronavirus (SRAS-CoV-2); Détection par hybridation in situ chromogénique (RNA Scope)	Ce code n'est plus utilisé.	
60490	Hémo-immunocytométrie	Ploïdie sur tissus frais ou congelés	L'analyse n'est plus réalisée par le laboratoire désigné.	
65003	D. mol. oncologie	Cancer colorectal, KRAS, NRAS (codon 12, 13, 59, 61, 117, 146), BRAF (codon 600) (SNG)	Ce code n'est plus utilisé. Transition vers les panels de séquençage de nouvelle génération (SNG).	
65013	D. mol. oncologie	Cancer du sein ; PIK3CA; recherche de 11 mutations (exons 7, 9 et 20) (TAAN)	Analyse faite par séquençage de nouvelle génération (SNG).	
65021	D. mol. oncologie	Détection du virus du papillome humain (VPH) par hybridation in situ chromogénique (RNAScope)	Ce code n'est plus utilisé.	
65040	D. mol. oncologie	Fibrosarcome congénital t(12;15) (TAAN)	Analyse incluse dans le code 65174.	65174
65136	D. mol. oncologie	Lymphome de Burkitt recherche de translocation cMYC (TAAN)	L'analyse n'est plus réalisée par les laboratoires désignés.	
80008	CTQ	Alprazolam (sérum) (LC-MS-MS)		
80049	CTQ	Diazépam (sérum) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80063	CTQ	Lorazépam (Ativan®) (sérum) (LC-MS-MS)		
80066	CTQ	Maprotiline (Ludiomil®) (sérum) (LC-MS-MS)		
80075	CTQ	Nitrazépam (Mogadon®) (sérum) (LC-MS-MS)		
80082	CTQ	Oxazépam (sérum) (LC-MS-MS)		
80084	CTQ	Paroxétine (sérum) (LC-MS-MS)		
80102	CTQ	Triazolam (sérum) (LC-MS-MS)		
80113	CTQ	Argent (cheveux/ongles) (ICP-MS)		
80139	CTQ	Flurazépam (sérum) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80167	CTQ	Témazépam (sérum) (LC-MS-MS)		
80183	CTQ	Chlorpromazine (sérum) (LC-MS-MS)		
80186	CTQ	Cyclobenzaprine (sérum) (LC-MS-MS)		

Code	Sous-section	Description	Modification	Correspondance nouveau code
80210	CTQ	Chlordiazépoxyde (sérum) (LC-MS-MS)		
80216	CTQ	Flunitrazépam (sérum) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80218	CTQ	MDA (sérum) (LC-MS-MS)		
80219	CTQ	MDEA (sérum) (LC-MS-MS)		
80224	CTQ	Midazolam (sérum) (LC-MS-MS)		
80226	CTQ	Oxymorphone (urine) (GC-MS)		
80227	CTQ	PMA (sérum) (LC-MS-MS)		
80372	CTQ	6-acétylmorphine (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80375	CTQ	Butorphanol (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80376	CTQ	Codéine (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80377	CTQ	Dextrométophane (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80378	CTQ	Dextrorphanol/lévorphanol (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80379	CTQ	Dihydrocodéine (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80380	CTQ	Fentanyl (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80381	CTQ	Hydrocodone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80382	CTQ	Hydromorphone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80383	CTQ	Mépéridine (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80386	CTQ	Naloxone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80387	CTQ	Naltrexone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80388	CTQ	Oxycodone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80389	CTQ	Oxymorphone (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80390	CTQ	Pentazocine (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80391	CTQ	Propoxyphène (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80392	CTQ	Tapentadol (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS)		
80393	CTQ	Tramadol (sang/sérum/plasma) (LC-MS-MS) inclut 2 substances		
80416	CTQ	Cholestérol libre et phospholipides (sérum) (immunoenzymatique; analyseur Indiko Plus)		
80417	CTQ	Opioides libres (sang/sérum/plasma) (UPLC-MS-MS)		
82012	LSPQ - bact. spéciale	Yersinia spp.; détection (anticorps)	Cette analyse n'est plus offerte depuis novembre 2025.	

Code	Sous-section	Description	Modification	Correspondance nouveau code
83035	LSPQ - virologie	Hépatite C (VHC); confirmation (anti-VHC) (anticorps)	Arrêt de l'analyse au LSPQ.	
84007	LSPQ - mycobact. -actino.	Mycobacterium tuberculosis; détection résistance rifampicine (TAAN) sur spécimen primaire	Retrait de l'analyse par le LSPQ.	
86005	LSPQ - parasito.	Entamoeba histolytica/dispar (amibiase); détection (TAAN) sur spécimen clinique		



Tableau 1 – Liste des phénotypes communs (code 10136)

Code TL	Libellé	Code TL	Libellé
1050	C phénotype (Grand)	4140	k (Cellano) phénotype culot
1060	c phénotype (Petit)	4145	k (Cellano) phénotype culot (reprise)
1070	CDE Phénotype	4180	Lea phénotype culot
1170	E phénotype (Grand)	4185	Lea phénotype culot (reprise)
1180	e phénotype (Petit)	4190	Leb phénotype culot
1290	Fya phénotype	4195	Leb phénotype culot (reprise)
1300	Fyb phénotype	4220	M phénotype culot
1430	Jka phénotype	4225	M phénotype culot (reprise)
1440	Jkb phénotype	4230	N phénotype culot
1460	K (Kell) phénotype	4235	N phénotype culot (reprise)
1470	k (Cellano) phénotype	4240	P1 phénotype culot
1490	Lea phénotype	4245	P1 phénotype culot (reprise)
1500	Leb phénotype	4250	S phénotype (Grand) culot
1510	Lectine A1	4255	S phénotype (Grand) culot (reprise)
1520	Lectine H	4260	s phénotype (Petit) culot
1540	M phénotype	4265	s phénotype (Petit) culot (reprise)
1550	N phénotype	15092	l phénotype
1560	P1 phénotype	20005	A1 phénotype segment 1
1670	S phénotype	20010	C phénotype (Grand) segment 1
1680	s phénotype	20015	c phénotype (Petit) segment 1
4000	A1 Phénotype culot	20020	E phénotype (Grand) segment 1
4005	A1 Phénotype culot (reprise)	20025	e phénotype (Petit) segment 1
4010	C phénotype (Grand) culot	20030	Fya phénotype segment 1
4015	C phénotype (Grand) culot (reprise)	20035	Fyb phénotype segment 1
4020	c phénotype (Petit) culot	20040	Jka phénotype segment 1

Tableau 1 – Liste des phénotypes communs (code 10136)

Code TL	Libellé	Code TL	Libellé
4025	c phénotype (Petit) culot (reprise)	20045	Jkb phénotype segment 1
4030	CDE phénotype culot	20060	K (Kell) phénotype segment 1
4035	CDE Phénotype culot (reprise)	20065	k (Cellano) phénotype segment 1
4050	E phénotype (Grand) culot	20080	Lea phénotype segment 1
4055	E phénotype (Grand) culot (reprise)	20085	Leb phénotype segment 1
4060	e phénotype (Petit) culot	20100	M phénotype segment 1
4065	e phénotype (Petit) culot (reprise)	20105	N phénotype segment 1
4070	Fya phénotype culot	20110	P1 phénotype segment 1
4075	Fya phénotype culot (reprise)	20115	S phénotype segment 1
4080	Fyb phénotype culot	20120	s phénotype segment 1
4085	Fyb phénotype culot (reprise)	30005	A1 phénotype segment 2
4090	Jka phénotype culot	30010	C phénotype (Grand) segment 2
4095	Jka phénotype culot (reprise)	30015	c phénotype (Petit) segment 2
4100	Jkb phénotype culot	30020	E phénotype (Grand) segment 2
4105	Jkb phénotype culot (reprise)	30025	e phénotype (Petit) segment 2
4130	K (Kell) phénotype culot	30030	Fya phénotype segment 2
4135	K (Kell) phénotype culot (reprise)	30035	Fyb phénotype segment 2
30045	Jkb phénotype segment 2	30040	Jka phénotype segment 2
30060	K (Kell) phénotype segment 2	50025	e phénotype (Petit) segment 4
30065	k (Cellano) phénotype segment 2	50030	Fya phénotype segment 4
30080	Lea phénotype segment 2	50035	Fyb phénotype segment 4
30085	Leb phénotype segment 2	50040	Jka phénotype segment 4
30100	M phénotype segment 2	50045	Jkb phénotype segment 4
30105	N phénotype segment 2	50060	K (Kell) phénotype segment 4
30110	P1 phénotype segment 2	50065	k (Cellano) phénotype segment 4

Tableau 1 – Liste des phénotypes communs (code 10136)

Code TL	Libellé	Code TL	Libellé
30115	S phénotype segment 2	50080	Lea phénotype segment 4
30120	s phénotype segment 2	50085	Leb phénotype segment 4
40005	A1 phénotype segment 3	50100	M phénotype segment 4
40010	C phénotype (Grand) segment 3	50105	N phénotype segment 4
40015	c phénotype (Petit) segment 3	50110	P1 phénotype segment 4
40020	E phénotype (Grand) segment 3	50115	S phénotype segment 4
40025	e phénotype (Petit) segment 3	60005	A1 phénotype segment 5
40030	Fya phénotype segment 3	60010	C phénotype (Grand) segment 5
40035	Fyb phénotype segment 3	60015	c phénotype (Petit) segment 5
40040	Jka phénotype segment 3	60020	E phénotype (Grand) segment 5
40045	Jkb phénotype segment 3	60025	e phénotype (Petit) segment 5
40060	K (Kell) phénotype segment 3	60030	Fya phénotype segment 5
40065	k (Cellano) phénotype segment 3	60035	Fyb phénotype segment 5
40080	Lea phénotype segment 3	60040	Jka phénotype segment 5
40085	Leb phénotype segment 3	60045	Jkb phénotype segment 5
40100	M phénotype segment 3	60060	K (Kell) phénotype segment 5
40105	N phénotype segment 3	60065	k (Cellano) phénotype segment 5
40110	P1 phénotype segment 3	60080	Lea phénotype segment 5
40115	S phénotype segment 3	60085	Leb phénotype segment 5
40120	s phénotype segment 3	60100	M phénotype segment 5
50005	A1 phénotype segment 4	60105	N phénotype segment 5
50010	C phénotype (Grand) segment 4	60110	P1 phénotype segment 5
50015	c phénotype (Petit) segment 4	60115	S phénotype segment 5
50020	E phénotype (Grand) segment 4	60120	s phénotype segment 5
50120	s phénotype segment 4		

Tableau 2 – Liste des phénotypes rares (code 10137)

Code TL	Libellé	Code TL	Libellé
1150	Cw phénotype	15088	Cob phénotype
1475	K11 Phénotype	20070	Kpa phénotype segment 1
1480	Kpa Phénotype	20075	Kpb phénotype segment 1
1485	Kpb Phénotype	20090	Lua phénotype segment 1
1530	Lua phénotype	20095	Lub phénotype segment 1
1535	Lub phénotype	30070	Kpa phénotype segment 2
1830	Wright phénotype	30075	Kpb phénotype segment 2
4040	Cw phénotype culot	30090	Lua phénotype segment 2
4045	Cw phénotype culot (reprise)	30095	Lub phénotype segment 2
4150	K11 Phénotype culot	40070	Kpa phénotype segment 3
4155	K11 Phénotype culot (reprise)	40075	Kpb phénotype segment 3
4160	Kpa phénotype culot	40090	Lua phénotype segment 3
4165	Kpa phénotype culot (reprise)	40095	Lub phénotype segment 3
4170	Kpb phénotype culot	50070	Kpa phénotype segment 4
4175	Kpb phénotype culot (reprise)	50075	Kpb phénotype segment 4
4200	Lua phénotype culot	50090	Lua phénotype segment 4
4205	Lua phénotype culot (reprise)	50095	Lub phénotype segment 4
4210	Lub phénotype culot	60070	Kpa phénotype segment 5
4215	Lub phénotype culot (reprise)	60075	Kpb phénotype segment 5
4280	Wright phénotype culot	60090	Lua phénotype segment 5
4285	Wright phénotype culot (reprise)	60095	Lub phénotype segment 5
15078	Dia phénotype		

**Tableau 3 – Liste des phénotypes par méthode automatisée (code 10134)**

Code	Libellé	Code	Libellé
829	Rh/Kell Automatisé	1557	M N S s Fya Fyb phénotypes automatisés
833	Rh Kell Automatisé #2	1685	S s phénotypes automatisés
1051	C phénotype (Grand) Automatisé	4037	CcEe phénotype culot automatisé
1061	c phénotype (Petit) Automatisé	4087	Fya Fyb phénotypes automatisés culot
1072	CcEe phénotype automatisé	4107	Jka Jkb phénotypes automatisés culot
1171	E phénotype (Grand) Automatisé	4147	k Jka Jkb Kpa Kpb phénotypes automatisés culot
1181	e phénotype (Petit) Automatisé	4217	Lua Lub phénotypes automatisés culot
1301	Fya Fyb phénotype automatisé	4237	M N phénotypes automatisés culot
1445	Jka Jkb phénotype automatisé	4238	M N S s Fya Fyb phénotypes automatisés culot
1461	K (Kell) phénotype Automatisé	4247	P1 Lea Leb Lua Lub phénotypes automatisés culot
1472	k Jka Jkb Kpa Kpb phénotypes automatisés	4267	S s phénotypes automatisés culot
1505	P1 Lea Leb Lua Lub phénotypes automatisés	5085	Rh/Kell Automatisé pour culot
1537	Lua Lub phénotypes automatisés	5087	Rh Kell Automatisé pour culot #2
1555	M N phénotypes automatisés		

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10000		Agglutinines froides (dépistage) (qualitatif) autocontrôles inclus	1160	Dépistage aggl. froides	Inclut le code 1164, mais il ne doit pas être calculé en plus.
			1161	Dépist. agg. froides cordon	
			1162	Dépist. ISO. agg. froides	
			1163	Dépistage agglutinines froides OI	
			1330	Identification d'agglutinines froides	
10001		Agglutinines froides (titrage par amplitude thermique) autocontrôles inclus	1691	Titrage agg. froides cell.OI à 37 °C	Élément de compte « par rapport » : compter un seul des quatre codes.
			1692	Titrage agg. froides cell.OI à 22 °C	
			1693	Titrage agg. froides cell.OI à 4 °C	
			1694	Titrage agg. froides cell.OI à 30 °C	
			1711	Titrage agg. froides cell.OI (petit) à 37 °C	Élément de compte « par rapport » : compter un seul des quatre codes.
			1712	Titrage agg. froides cell.OI (petit) à 22 °C	
			1713	Titrage agg. froides cell.OI (petit) à 4 °C	
			1714	Titrage agg. froides cell.OI (petit) à 30 °C	
10002		Agglutinines froides (titrage) (quantitatif) autocontrôles inclus	1690	Titrage agg. froides cell.OI	Inclut le code 1730, mais il ne doit pas être calculé en plus.
			1710	Titrage agg. froides cell.OI (petit)	
			1731	Titrage agg. Froide ISO	
			1732	Titrage agg. Froide ISO #2	
			1090	Allo-Absorption Anti-HLA sur HPC	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10007	*	Anticorps irréguliers (identification manuelle)	1082	Identification d'anticorps sur sérum absorbé	<p>Exemple de compilation pour code : Un panel initial de 11 cellules suivi d'un panel enzymé de 11 cellules compte pour 2 panels. L'ajout de 9 cellules discriminantes supplémentaires (même usager et même investigation) porte le compte final à 3 panels.</p> <p>Panel initial = 1 panel Panel enzymé = trousse commerciale = 1 panel 9 cellules discriminantes = 1 panel Total : 3 panels (3 x 10007 ou 3 x 10111)</p> <p>Décompte par tranche de 5 cellules discriminantes : 0-4 = 0 panel 5-9 = 1 panel 10 = 2 panels</p> <p>Pour plus de détails, consulter la partie texte du Répertoire.</p>
			1340	Identification d'anticorps	
			12000	Panel supplémentaire #1	
			12001	Panel supplémentaire #2	
			12002	Panel supplémentaire #3	
			12003	Panel supplémentaire #4	
			12004	Panel supplémentaire #5	
10008	*	Allo ou auto adsorption à chaud	1086	Adsorption à chaud #1	
			1087	Adsorption à chaud #2	
			1088	Adsorption à chaud #3	
			1089	Adsorption à chaud #4	
10009	*	Allo ou auto adsorption à froid	1091	Adsorption à froid #1	
			1092	Adsorption à froid #2	
			1093	Adsorption à froid #3	
			1094	Adsorption à froid #4	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10020	*	Cellules fœtales (agglutination) (dépistage) (qualitatif)	1310	HB foetale (dépistage)	
10021		Cellules fœtales (quantitatif) (Kleihauer)	1320	HB foetale (Kleihauer)	Ce code est classé en hémato-cyto-chimie dans le Répertoire. Vous pouvez compiler cette activité si elle est réalisée en banque de sang dans votre installation.
10024	*	Compatibilité (manuelle ou automatisée)	1110	Compatibilité post-distribution #1	Attention à la distinction entre les codes d'analyses et les ajouts techniques.  Attention : les codes 5010, 5020, 5030, 5040, 5060 et 5070 ne peuvent être ajoutés qu'une seule fois par rapport, donc si plus d'un culot est comptabilisé, les calculs devront être faits manuellement.
			1111	Compatibilité post-distribution #2	
			1112	Compatibilité post-distribution #3	
			1113	Compatibilité post-distribution #4	
			1114	Compatibilité post-distribution #5	
			1115	Compatibilité post-distribution #6	
			1116	Compatibilité post-distribution #7	
			1117	Compatibilité post-distribution #8	
			1118	Compatibilité post-distribution #9	
			1119	Compatibilité post-distribution #10	
			1120	Compatibilité post-distribution #11	
			1121	Compatibilité post-distribution #12	
			1122	Compatibilité post-distribution #13	
			1123	Compatibilité post-distribution #14	
			1124	Compatibilité post-distribution #15	
			5000	Compatibilité	
5010	Compatibilité centrifugation immédiate				
5020	Compatibilité albumine				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10024 (suite)	*	Compatibilité (manuelle ou automatisée)	5030	Compatibilité Liss	
			5040	Compatibilité en PEG	
			5050	Compatibilité en GEL	
			5060	Compatibilité donneur vs bébé	
			5070	Compatibilité donneur vs mère	
			5080	Compatibilité automatisée	
			5081	Compatibilité post-distribution automatisée	
			6201	Compatibilité pré-transfusionnel #1	
			6202	Compatibilité pré-transfusionnel #2	
			6203	Compatibilité pré-transfusionnel #3	
			6204	Compatibilité pré-transfusionnel #4	
			6205	Compatibilité pré-transfusionnel #5	
			6501	Compatibilité post-transfusionnel #1	
			6502	Compatibilité post-transfusionnel #2	
			6503	Compatibilité post-transfusionnel #3	
			6504	Compatibilité post-transfusionnel #4	
			6505	Compatibilité post-transfusionnel #5	
			20150	Compatibilité sur segment 1	
			30150	Compatibilité sur segment 2	
			40150	Compatibilité sur segment 3	
50150	Compatibilité sur segment 4				
60150	Compatibilité sur segment 5				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10032 10034		Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (technique en tube (10032) ou technique en gel (10034)) (manuelle)	880	Coombs direct polyvalent	L'élément de compte est par résultat. Par exemple, pour un même usager, Coombs polyspécifique positif, fraction IgG positive et fraction C3 négative = 3 résultats
			881	Coombs direct polyvalent 22 °C	
			882	Coombs direct à 22 °C en Salin	
			883	Coombs direct à 22 °C en Sérum AB	
			884	Coombs direct à 22 °C en Salin Plasma	
			885	Coombs direct polyvalent 37	
			886	Coombs direct à 37 °C en Salin	
			887	Coombs direct à 37 °C en Sérum AB	
			899	Coombs direct gel BB	
			900	Coombs direct polyvalent BB	
			901	Coombs direct en IgG gel BB	
			902	Coombs direct polyvalent BB plasma	
			903	Coombs direct polyvalent plasma	
			904	Coombs direct polyvalent en gel plasma	
			905	Coombs direct IgG en gel sur plasma	
920	Coombs direct C3				
921	Coombs direct C3 Plasma				
922	Coombs direct C3 Gel				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10032 10034 (suite)		Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (technique en tube (10032) ou technique en gel (10034)) (manuelle)	925	Coombs direct à 37 °C en C3	
			940	Coombs direct IgG	
			941	Coombs direct IgG BB	
			942	Coombs direct IgG plasma	
			943	Coombs direct IgG BB plasma	
			944	Coombs direct à 22 °C en Salin BB plasma	
			945	Coombs direct à 37 °C en IgG	
			950	Coombs direct IgG gel	
			951	Coombs direct à 22 °C en Salin BB	
			952	Coombs direct polyvalent 37 BB	
			953	Coombs direct C3 BB	
			954	Coombs direct C3 BB plasma	
			960	Coombs direct Gel	
			964	Coombs direct polyspécifique en gel	
			1625	Coombs direct sur le culot	
			1860	Coombs direct sur le culot #2	
1861	Coombs direct sur le culot #3				
1862	Coombs direct sur le culot #4				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10032 10034 (suite)		Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (technique en tube (10032) ou technique en gel (10034)) (manuelle)	1863	Coombs direct sur le culot #5	
			1864	Coombs direct sur le culot #6	
			1865	Coombs direct sur le culot #7	
			1866	Coombs direct sur le culot #8	
			1867	Coombs direct sur le culot #9	
			1868	Coombs direct sur le culot #10	
			6080	Coombs direct pré-transfusionnel	
			6082	Coombs direct IgG pré-transfusionnel	
			6084	Coombs direct C3 pré-transfusionnel	
			6380	Coombs direct post-transfusionnel	
			6382	Coombs direct IgG post-transfusionnel	
			6384	Coombs direct C3 post-transfusionnel	
			20160	Coombs direct sur segment 1	
			30160	Coombs direct sur segment 2	
			40160	Coombs direct sur segment 3	
50160	Coombs direct sur segment 4				
60160	Coombs direct sur segment 5				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10028		Coombs direct polyspécifique ou monospécifique (automatisé)	923	Coombs direct C3 automatisé	
			961	Coombs direct polyspécifique automatisé	
			963	Coombs direct IgG automatisé	
			965	Coombs direct IgG automatisé #2	
10040	*	Différentiation IgG-IgM (dithiothréitol-DTT)	1095	Différenciation IgG-IgM (DTT)	Section héματο-immunologie
10044		Donath Landsteiner	1165	Donath Landsteiner	
10060	*	Élution	1195	Elution	
			1200	Élution 56 °C	
			1270	Elution GEL	
10085	*	Groupe sanguin ABO-Rh (automatisé)	806	ABO automatisé	Inclut les codes pour les analyses Rh; ils ne doivent pas être calculés en plus.
			827	ABOBB automatisé	
10086	*	Groupe sanguin ABO-Rh (manuel)	800	ABO groupe	Inclut les codes pour les analyses Rh; ils ne doivent pas être calculés en plus.  Les codes indiqués en bleu sont utilisés pour les automates par le CHUM et comptés dans la VP du code 10085.
			801	ABO groupe plasma	
			802	ABO BB groupe plasma	
			803	ABO gel	
			824	ABO BB groupe	
			1020	ABO BB groupe confirmation	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10086 (suite)	*	Groupe sanguin ABO-Rh (manuel)	1030	ABO confirmation receveur #2	Inclut les codes pour les analyses Rh; ils ne doivent pas être calculés en plus.  Les codes indiqués en bleu sont utilisés pour les automates par le CHUM et comptés dans la VP du code 10085.
			1031	ABO confirmation receveur #3	
			1032	ABO confirmation receveur #4	
			1033	ABO confirmation receveur #5	
			1034	ABO confirmation receveur #6	
			1036	ABO confirmation receveur #7	
			1037	ABO confirmation receveur #8	
			1038	ABO confirmation receveur #9	
			1039	ABO confirmation receveur #10	
			1660	ABO maternel	
			1805	Tube surplus	
			1806	Tube surplus (2)	
			6020	ABO groupe pré-transfusionnel	
6320	ABO groupe post-transfusionnel				
10111	*	Anticorps irréguliers (identification automatisée)	1004	Identification d'anticorps automatisée	
			12005	Panel automatisé supplémentaire #1	
			12006	Panel automatisé supplémentaire #2	
			12007	Panel automatisé supplémentaire #3	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10111 (suite)	*	Anticorps irréguliers (identification automatisée)	12008	Panel automatisé supplémentaire #4	
			12009	Panel automatisé supplémentaire #5	
10115	*	Investigation RhD faible	1187	D phénotype	Investigation pour un RhD faible, faite en cas de discordance de groupe ou chez un usager, <b>une seule fois dans sa vie</b> , qui appartient à l'une des populations ciblées. L'extraction peut être réalisée à l'aide des codes eTrace Line 1187 D phénotype, 840 D faible ou 845 D faible BB, par exemple. Il importe <b>de ne pas extraire de doublons</b> en fonction du paramétrage local, d'exclure les résultats « <b>non testés</b> » et tous les résultats de génotypage se terminant par « <b>(Géno connu)</b> ».
			840	D faible	
			845	D faible BB	
			...	Autre, selon paramétrage local	
10134		Phénotype érythrocytaire commun ou rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (automatisé)	829	Rh/Kell automatisé	
			833	Rh Kell automatisé #2	
			1051	C phénotype (grand) automatisé	
			1061	c phénotype (petit) automatisé	
			1072	CcEe phénotype automatisé	
			1171	E phénotype (grand) automatisé	
			1181	e phénotype (petit) automatisé	
			1301	Fya Fyb phénotype automatisé	
			1445	Jka Jkb phénotype automatisé	
			1461	K (Kell) phénotype automatisé	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10134 (suite)		Phénotype érythrocytaire commun ou rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (automatisé)	1472	k Jka Jkb Kpa Kpb phénotypes automatisés	
			1505	P1 Lea Leb Lua Lub phénotypes automatisés	
			1537	Lua Lub phénotypes automatisés	
			1555	M N phénotypes automatisés	
			1557	M N S s Fya Fyb phénotypes automatisés	
			1685	S s phénotypes automatisés	
			4037	CcEe phénotype culot automatisé	
			4087	Fya Fyb phénotypes automatisés culot	
			4107	Jka Jkb phénotypes automatisés culot	
			4147	k Jka Jkb Kpa Kpb phénotypes automatisés culot	
			4217	Lua Lub phénotypes automatisés culot	
			4237	M N phénotypes automatisés culot	
			4238	M N S s Fya Fyb phénotypes automatisés culot	
			4247	P1 Lea Leb Lua Lub phénotypes automatisés culot	
			4267	S s phénotypes automatisés culot	
5085	Rh/Kell automatisé pour culot				
5087	Rh/Kell automatisé pour culot #2				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	1050	C phénotype (grand)	
			1060	c phénotype (petit)	
			1070	CDE Phénotype	
			1170	E phénotype (grand)	
			1180	e phénotype (petit)	
			1290	Fya phénotype	
			1300	Fyb phénotype	
			1430	Jka phénotype	
			1440	Jkb phénotype	
			1460	K (Kell) phénotype	
			1470	k (Cellano) phénotype	
			1490	Lea phénotype	
			1500	Leb phénotype	
			1510	Lectine A1	
			1520	Lectine H	
			1540	M phénotype	
1550	N phénotype				
1560	P1 phénotype				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	1670	S phénotype	
			1680	s phénotype	
			4000	A1 Phénotype culot	
			4005	A1 Phénotype culot (confirmation)	
			4010	C phénotype (grand) culot	
			4015	C phénotype (grand) culot (confirmation)	
			4020	c phénotype (petit) culot	
			4025	c phénotype (petit) culot (confirmation)	
			4030	CDE phénotype culot	
			4035	CDE Phénotype culot (confirmation)	
			4050	E phénotype (grand) culot	
			4055	E phénotype (grand) culot (confirmation)	
			4060	e phénotype (petit) culot	
			4065	e phénotype (petit) culot (confirmation)	
			4070	Fya phénotype culot	
			4075	Fya phénotype culot (confirmation)	
4080	Fyb phénotype culot				
4085	Fyb phénotype culot (confirmation)				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	4090	Jka phénotype culot	
			4095	Jka phénotype culot (confirmation)	
			4100	Jkb phénotype culot	
			4105	Jkb phénotype culot (confirmation)	
			4130	K (Kell) phénotype culot	
			4135	K (Kell) phénotype culot (confirmation)	
			4140	k (Cellano) phénotype culot	
			4145	k (Cellano) phénotype culot (confirmation)	
			4180	Lea phénotype culot	
			4185	Lea phénotype culot (confirmation)	
			4190	Leb phénotype culot	
			4195	Leb phénotype culot (confirmation)	
			4220	M phénotype culot	
			4225	M phénotype culot (confirmation)	
			4230	N phénotype culot	
			4235	N phénotype culot (confirmation)	
4240	P1 phénotype culot				
4245	P1 phénotype culot (confirmation)				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	4250	S phénotype (grand) culot	
			4255	S phénotype (grand) culot (confirmation)	
			4260	s phénotype (petit) culot	
			4265	s phénotype (petit) culot (confirmation)	
			15092	I phénotype	
			20005	A1 phénotype segment 1	
			20010	C phénotype (grand) segment1	
			20015	c phénotype (petit) segment 1	
			20020	E phénotype (grand) segment 1	
			20025	e phénotype (petit) segment 1	
			20030	Fya phénotype segment 1	
			20035	Fyb phénotype segment 1	
			20040	Jka phénotype segment 1	
			20045	Jkb phénotype segment 1	
			20060	K (Kell) phénotype segment 1	
			20065	k (Cellano) phénotype segment 1	
20080	Lea phénotype segment 1				
20085	Leb phénotype segment 1				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	20100	M phénotype segment 1	
			20105	N phénotype segment 1	
			20110	P1 phénotype segment 1	
			20115	S phénotype segment 1	
			20120	s phénotype segment 1	
			30005	A1 phénotype segment 2	
			30010	C phénotype (grand) segment 2	
			30015	c phénotype (petit) segment 2	
			30020	E phénotype (grand) segment 2	
			30025	e phénotype (petit) segment 2	
			30030	Fya phénotype segment 2	
			30035	Fyb phénotype segment 2	
			30040	Jka phénotype segment 2	
			30045	Jkb phénotype segment 2	
			30060	K (Kell) phénotype segment 2	
			30065	k (Cellano) phénotype segment 2	
			30080	Lea phénotype segment 2	
30085	Leb phénotype segment 2				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	30100	M phénotype segment 2	
			30105	N phénotype segment 2	
			30110	P1 phénotype segment 2	
			30115	S phénotype segment 2	
			30120	s phénotype segment 2	
			40005	A1 phénotype segment 3	
			40010	C phénotype (grand) segment 3	
			40015	c phénotype (petit) segment 3	
			40020	E phénotype (grand) segment 3	
			40025	e phénotype (petit) segment 3	
			40030	Fya phénotype segment 3	
			40035	Fyb phénotype segment 3	
			40040	Jka phénotype segment 3	
			40045	Jkb phénotype segment 3	
			40060	K (Kell) phénotype segment 3	
			40065	k (Cellano) phénotype segment 3	
			40080	Lea phénotype segment 3	
40085	Leb phénotype segment 3				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	40100	M phénotype segment 3	
			40105	N phénotype segment 3	
			40110	P1 phénotype segment 3	
			40115	S phénotype segment 3	
			40120	s phénotype segment 3	
			50005	A1 phénotype segment 4	
			50010	C phénotype (grand) segment 4	
			50015	c phénotype (petit) segment 4	
			50020	E phénotype (grand) segment 4	
			50025	e phénotype (petit) segment 4	
			50030	Fya phénotype segment 4	
			50035	Fyb phénotype segment 4	
			50040	Jka phénotype segment 4	
			50045	Jkb phénotype segment 4	
			50060	K (Kell) phénotype segment 4	
			50065	k (Cellano) phénotype segment 4	
			50080	Lea phénotype segment 4	
50085	Leb phénotype segment 4				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	50100	M phénotype segment 4	
			50105	N phénotype segment 4	
			50110	P1 phénotype segment 4	
			50115	S phénotype segment 4	
			50120	s phénotype segment 4	
			60005	A1 phénotype segment 5	
			60010	C phénotype (grand) segment 5	
			60015	c phénotype (petit) segment 5	
			60020	E phénotype (grand) segment 5	
			60025	e phénotype (petit) segment 5	
			60030	Fya phénotype segment 5	
			60035	Fyb phénotype segment 5	
			60040	Jka phénotype segment 5	
			60045	Jkb phénotype segment 5	
			60060	K (Kell) phénotype segment 5	
			60065	k (Cellano) phénotype segment 5	
			60080	Lea phénotype segment 5	
60085	Leb phénotype segment 5				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10136 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire commun (patient ou produit / par antigène / excluant ABO, D et incluant contrôles) (manuel)	60100	M phénotype segment 5	
			60105	N phénotype segment 5	
			60110	P1 phénotype segment 5	
			60115	S phénotype segment 5	
			60120	s phénotype segment 5	
10137	*	Phénotype érythrocytaire rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (manuel)	1150	Cw phénotype	
			1475	K11 Phénotype	
			1480	Kpa Phénotype	
			1485	Kpb Phénotype	
			1530	Lua phénotype	
			1535	Lub phénotype	
			1830	Wright phénotype	
			4040	Cw phénotype culot	
			4045	Cw phénotype culot (confirmation)	
			4150	K11 Phénotype culot	
			4155	K11 Phénotype culot (confirmation)	
			4160	Kpa phénotype culot	
			4165	Kpa phénotype culot (confirmation)	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10137 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (manuel)	4170	Kpb phénotype culot	
			4175	Kpb phénotype culot (confirmation)	
			4200	Lua phénotype culot	
			4205	Lua phénotype culot (confirmation)	
			4210	Lub phénotype culot	
			4215	Lub phénotype culot (confirmation)	
			4280	Wright phénotype culot	
			4285	Wright phénotype culot (confirmation)	
			15078	Dia phénotype	
			15088	Cob phénotype	
			20070	Kpa phénotype segment 1	
			20075	Kpb phénotype segment 1	
			20090	Lua phénotype segment 1	
			20095	Lub phénotype segment 1	
			30070	Kpa phénotype segment 2	
			30075	Kpb phénotype segment 2	
			30090	Lua phénotype segment 2	
30095	Lub phénotype segment 2				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10137 (suite)	*	Phénotype érythrocytaire rare (patient ou produit / par antigène / incluant contrôles) (manuel)	40070	Kpa phénotype segment 3	
			40075	Kpb phénotype segment 3	
			40090	Lua phénotype segment 3	
			40095	Lub phénotype segment 3	
			50070	Kpa phénotype segment 4	
			50075	Kpb phénotype segment 4	
			50090	Lua phénotype segment 4	
			50095	Lub phénotype segment 4	
			60070	Kpa phénotype segment 5	
			60075	Kpb phénotype segment 5	
			60090	Lua phénotype segment 5	
			60095	Lub phénotype segment 5	
10150		Anticorps irréguliers (recherche manuelle)	805	Cellules A1 37 °C	
			847	Recherche d'anticorps Salin plasma	
			848	Recherche d'anticorps Salin BB	
			850	Recherche d'anticorps Contrôle	
			851	Recherche d'anticorps en PEG plasma	
			852	Recherche d'anticorps en LISS plasma	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10150 (suite)		Anticorps irréguliers (recherche manuelle)	853	Recherche d'anticorps en LISS BB	
			854	Recherche d'anticorps en GEL plasma	
			855	Recherche d'anticorps en GEL BB	
			856	Recherche d'anticorps en GEL BB plasma	
			858	Recherche d'anticorps Salin Coombs	
			859	Recherche d'anticorps immediate spin 2	
			861	Recherche d'anticorps en SALIN	
			862	Recherche d'anticorps en ALBUMINEUX	
			863	Recherche d'anticorps en ALBUMINE ANTIGLOBULINE	
			864	Recherche d'anticorps en LISS	
			865	Recherche d'anticorps en PEG	
			866	Recherche d'anticorps en GEL	
			867	RECHERCHE D'ANTICORPS IMMEDIATE SPIN	
			868	Recherche d'anticorps en phase solide	
			869	Recherche d'anticorps avec ANTI-GLOBULINE	
			870	Recherche d'anticorps avec ENZYME EN GEL	
871	Recherche d'anticorps avec ENZYME EN TUBE				
872	RAI préchauffage Salin Coombs				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10150 (suite)		Anticorps irréguliers (recherche manuelle)	873	Recherche d'anticorps ANTIGLOBULINE LISS	
			875	Recherche d'anticorps avec ENZYME ANTIGLOBULINE	
			876	Recherche d'anticorps Préchauffage ANTIGLOBULINE	
			877	Recherche d'anticorps Préchauffage LISS	
			878	Recherche d'Anticorps dilution 1:3	
			879	Recherche d'Anticorps dilution 1:5	
			1570	Rech. d'anti-A IgG	
			1580	Rech. d'anti-B IgG	
			1581	Rech. d'anti-A IgG Gel	
			1582	Rech. d'anti-B IgG Gel	
			1664	RAI maternel	
			5090	Recherche d'anticorps en gel sur produit	
			6060	Recherche d'anticorps pré-transfusionnel	
6360	Recherche d'anticorps post-transfusionnel				
10151		Recherche d'hémoglobinurie paroxystique nocturne (PNH)	Aucun code		
10153		Anticorps irréguliers (recherche automatisée) (carte de gel)	846	Recherche d'anticorps automatisée	
			857	Recherche d'anticorps automatisée #2	

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10154		Anticorps irréguliers (recherche automatisée) (phase solide)	874	Recherche d'anticorps en phase solide automatisée	
10170	*	Titration anticorps (par anticorps)	1770	Titration nouveau spécimen	
			1771	Titration nouveau (anticorps 2)	
			1772	Titration nouveau (anticorps 3)	
			1773	Titration nouveau (anticorps 4)	
			1774	Titration nouveau (anticorps 5)	
			1780	Titration TEFA #1	
			1781	Titration TEFA #2	
			1790	Titration	
			1791	Titration (anticorps 2)	
			1792	Titration (anticorps 3)	
			1793	Titration (anticorps 4)	
			1794	Titration (anticorps 5)	
			1795	Titration isohémaggl.Cell A1	
			1796	Titration isohémaggl.Cell A1 Coombs	
			1797	Titration isohémaggl.Cell A2	
1798	Titration isohémaggl.Cell A2 Coombs				
1799	Titration isohémaggl.Cell B				
1800	Titration isohémaggl.Cell B Coombs				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10170 (suite)	*	Titration anticorps (par anticorps)	1951	Titre isohémagglutinine dans plaquettes 1/50 Anti-A	
			1952	Titre isohémagglutinine dans plaquettes 1/50 Anti-B	
10173	*	Traitement cellules (méthode EGA KIT)	4500	Traitement cellules (Phénotype) #1	
			4502	Traitement cellules (Phénotype) #2	
10174	*	Traitement enzymatique (Ex : ficine) pour identification d'anticorps	4510	Traitement enzymatique identification d'anticorps	
10510	*	Réception et manipulation d'un échantillon non analysé à la réception (à l'usage exclusif de la banque de sang)	200	Spécimen congelé	
			1810	Tube reçu	
10512		Étude de don antérieur (par cas) (fait par technologiste)	750	Étude de don antérieur	
10513	*	Étude de réaction transfusionnelle (fait par technologiste)	700	Réaction transfusionnelle post	
10730	*	Confirmation du groupe sanguin (culots globulaire)	1620	Retypage ABO globulaire	
			1630	Retypage ABO plasmatique	
			1850	Retypage ABO globulaire #2	
			1851	Retypage ABO globulaire #3	
			1852	Retypage ABO globulaire #4	
			1853	Retypage ABO globulaire #5	
			1854	Retypage ABO globulaire #6	
			1855	Retypage ABO globulaire #7	
1856	Retypage ABO globulaire #8				

Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
10730 (suite)	*	Confirmation du groupe sanguin (culots globulaire)	1857	Retypage ABO globulaire #9	
			1858	Retypage ABO globulaire #10	
			1870	Retypage ABO plasmatique #2	
			1871	Retypage ABO plasmatique #3	
			1872	Retypage ABO plasmatique #4	
			1873	Retypage ABO plasmatique #5	
			1874	Retypage ABO plasmatique #6	
			1875	Retypage ABO plasmatique #7	
			1876	Retypage ABO plasmatique #8	
			1877	Retypage ABO plasmatique #9	
			1878	Retypage ABO plasmatique #10	
			20001	ABO groupe sur segment 1	
			30001	ABO groupe sur segment 2	
			40001	ABO groupe sur segment 3	
			50001	ABO groupe sur segment 4	
60001	ABO groupe sur segment 5				

**Tableau 4 – Correspondance entre les codes du *Répertoire* et les codes Trace Line**

Code	Réf. texte	Libellé	Code TL	Libellé	Précision
70002	*	Envoi intergrappes (entre les laboratoires de deux grappes différentes)	1280	Envoi inter-établissement	Décompte manuel des échantillons requis
70003	*	Envoi intragrappe (entre les laboratoires d'une même grappe)	1283	Envoi interinstallations	Décompte manuel des échantillons requis
70006	*	Envoi hors Québec (par établissement)	1282	Envoi hors Québec	



**CALENDRIER DE TRANSMISSION DES DONNÉES D'ACTIVITÉ DE LABORATOIRE  
POUR L'ANNÉE FINANCIÈRE DÉBUTANT LE 1<sup>ER</sup> AVRIL 2026**

Périodes	Date de fin de la période financière	Date limite de transmission des données par les installations	Date limite de transmission et de validation des données dans Centralab	Commentaires
12 (2026)	2026-03-31	2026-04-24	<b>2026-05-15</b>	<p><b>Validation</b> signifie : s'assurer de l'<u>exactitude</u> des <u>codes utilisés</u> et des <u>données d'activité inscrites</u>.</p> <p>La fermeture de l'année financière 2026-2027 est fixée au <b>15 mai 2027</b>.</p> <p>À cette date, toutes les données contenues dans <b>Centralab</b> devront avoir été préalablement validées par tous les intervenants dans ce dossier.</p> <p>Une lettre signée par les codirecteurs de la grappe doit attester les données de la banque de données et doit être transmise dans l'application.</p>
1	2026-04-30	2026-05-31	2026-06-14	
2	2026-05-31	2026-06-30	2026-07-14	
3	2026-06-30	2026-07-31	2026-08-14	
4	2026-07-31	2026-08-31	2026-09-14	
5	2026-08-31	2026-09-30	2026-10-14	
6	2026-09-30	2026-10-31	2026-11-14	
7	2026-10-31	2026-11-30	2026-12-14	
8	2026-11-30	2026-12-31	2027-01-14	
9	2026-12-31	2027-01-31	2027-02-14	
10	2027-01-31	2027-02-28	2027-03-14	
11	2027-02-28	2027-03-31	2027-04-14	
12 (2027)	2027-03-31	2027-04-25	<b>2027-05-15</b>	

Les personnes mandatées de la grappe ont l'**obligation, à chaque période de l'année financière**, de **valider** et de **transmettre** les données d'activité de laboratoire au ministère de la Santé et des Services sociaux (Centralab).

Les données compilées de l'installation qui effectue des activités de laboratoire sont transmises aux personnes mandatées de la grappe, selon l'entente convenue préalablement avec les intervenants dans ce dossier.



TESTS DE DÉPISTAGE	
DÉPISTAGE NÉONATAL SANGUIN (sang séché) (1/3)	
ÉTABLISSEMENT MANDATÉ PAR LE MSSS : CHU DE QUÉBEC – UL	
Première intention	Seconde intention/validation
Erreurs innées du métabolisme (PKU, TYR1, MCADD, VLCADD, LCHADD-TFPD, ASA, GA1, MMA, PA, Cbs, CUD) <i>Voir le tableau de tests de confirmation diagnostique pour l'appellation complète des maladies</i>	
50802 – Dépistage néonatal d'erreurs innées du métabolisme (MS-MS)	50802 – Dépistage néonatal d'erreurs innées du métabolisme (MS-MS)
	50804 – Homocystéine et acides méthylmalonique, propionique et méthylcitrique

TESTS DE CONFIRMATION DIAGNOSTIQUE	ÉTABLISSEMENTS MANDATÉS PAR LE MSSS			
	CHU SAINTE-JUSTINE	CUSM	CHUS	CHU DE QUÉBEC – UL
PLASMA (SÉRUM)/URINE/SANG				
Phénylcétonurie (PKU)				
50412 – Acides aminés (quantitatif)		✓		
50390 - Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)	✓		✓	
55268 – Phénylcétonurie (PKU); PAH; (séquençage, mutation individuelle)		✓		
55266 – Phénylcétonurie (PCU); PAH; (séquençage, régions codantes complètes)		✓		
Tyrosinémie type 1 (TYR1)				
50624 – Succinylacétone (quantitatif) (GC-MS)			✓	
55314 – Quatre maladies récessives du Saguenay-Lac-Saint-Jean; (ALC-SLSJ; TH1; NSM/ACC; ARSACS) (TAAN) - recherche de mutations individuelles sur prélèvement sanguin ou liquide biologique				✓
50412 – Acides aminés (quantitatif)		✓		
50390 - Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)	✓		✓	
Acidurie argininosuccinique (ASA)				
50412 – Acides aminés (quantitatif)		✓		
50390 - Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)	✓		✓	
50405 – Acide orotique			✓	
Déficit en acyl Co-A déshydrogénase des acides gras à chaîne moyenne (MCADD)				
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50440 – Acylglycines urinaires (LC-MS/MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
55196 – Déficit en acyl-CoA déshydrogénase à chaîne moyenne (MCAD); ACADM (Lys304Glu/Lys329Glu)		✓		
Déficit en déshydrogénase des hydroxyacyl-CoA à longue chaîne (LCHADD) / Protéine trifonctionnelle mitochondriale (TFPD)				
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
Déficit en déshydrogénase des acyl-CoA à chaîne très longue (VLCADD)				
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
Acidurie glutarique de type 1 (GA1)				
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
50433 – Acidurie glutarique de type 1 (GA-1); Dosage de l'acide 3-hydroxyglutarique sur spécimen urinaire (GC-MS)			✓	

TESTS DE DÉPISTAGE	
DÉPISTAGE NÉONATAL SANGUIN (sang séché) (2/3)	
ÉTABLISSEMENT MANDATÉ PAR LE MSSS : CHU DE QUÉBEC – UL	
Première intention	Seconde intention/validation
Erreurs innées du métabolisme (PKU, TYR1, MCADD, VLCADD, LCHADD-TFPD, ASA, GA1, MMA, PA, Cbs, CUD) <i>Voir le tableau de tests de confirmation diagnostique pour l'appellation complète des maladies</i>	
50802 – Dépistage néonatal d'erreurs innées du métabolisme (MS-MS)	50802 – Dépistage néonatal d'erreurs innées du métabolisme (MS-MS)  50804 – Homocystéine et acides méthylmalonique, propionique et méthylcitrique
<b>Hypothyroïdie congénitale</b>	
50800 – TSH sur sang séché	50641 – Thyroxine (T4) totale sur sang séché 50800 – TSH sur sang séché
<b>Syndromes drépanocytaires majeurs</b>	
50488 – Dépistage néonatal des syndromes drépanocytaires majeurs (HPLC)	50489 – Dépistage néonatal des syndromes drépanocytaires majeurs - test de 2 <sup>e</sup> intention (électrophorèse capillaire)
<b>Fibrose kystique du pancréas</b>	
50646 – Trypsine immunoréactive (IRT) sur sang séché	50646 – Trypsine immunoréactive (IRT) sur sang séché 55219 – Fibrose kystique (FK); <i>CFTR</i> ; (panel de 71 mutations) sur sang séché

TESTS DE CONFIRMATION DIAGNOSTIQUE	ÉTABLISSEMENTS MANDATÉS PAR LE MSSS			
	CHU SAINTE-JUSTINE	CUSM	CHUS	CHU DE QUÉBEC – UL
PLASMA (SÉRUM)/URINE/SANG				
<b>Acidémie méthylmalonique (MMA)</b>				
50390 – Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)			✓	
50404 – Acide méthylmalonique			✓	
30234 – Homocystéine			✓	
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
50409 – Acidémie méthylmalonique + homocystéinémie, diagnostic par complémentarité cellulaire		✓		
50410 – Acidémie méthylmalonique avec homocystéinémie, dosage des cofacteurs cobalamine		✓		
55132 – Acidémie méthylmalonique avec homocystinurie; MMACHC, LMBR1D; (TAAN, mutation individuelle)		✓		
<b>Acidémie propionique (PA)</b>				
50390 – Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)			✓	
50404 – Acide méthylmalonique			✓	
30234 – Homocystéine			✓	
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
50415 – Acides organiques (analyse quantitative et qualitative)			✓	
50604 – Propionyl-coA-carboxylase, indice d'incorporation de propionate		✓		
<b>Homocystinurie classique par déficit en cystathionine bêta synthase (CbS)</b>				
50390 – Acides aminés (quantitatif) (LC-MS)			✓	
30234 – Homocystéine			✓	
<b>Déficit systémique en carnitine (CUD)</b>				
50417 – Acylcarnitines et carnitine libre (profil sérique) (MS-MS)			✓	
<b>Hypothyroïdie congénitale</b>				
TSH sérique (régional)	✓	✓	✓	✓
T4 libre (régional)	✓	✓	✓	✓
<b>Syndromes drépanocytaires majeurs</b>				
20765 – Hémoglobine chromatographie	✓	✓	✓	✓
<b>Fibrose kystique du pancréas</b>				
30517 – Sueur (test à la) (dosage du chlorure) (titration)	✓	✓	✓	✓
Également désignés : CISSS du Bas-Saint-Laurent, CISSS de l'Abitibi-Témiscamingue, CIUSSS du Saguenay – Lac Saint-Jean				

TESTS DE DÉPISTAGE	
DÉPISTAGE NÉONATAL SANGUIN (sang séché) (3/3)	
ÉTABLISSEMENT MANDATÉ PAR LE MSSS : CHU DE QUÉBEC – UL	
Première intention	Seconde intention/validation
Amyotrophie Spinale	
50483 – Amyotrophie spinale (SMA), Déficit immunitaire combiné sévère (SCID); Trousse A ( <i>TREC</i> ; <i>SMN1</i> ); (TAAN) sur sang séché	50484 – Amyotrophie spinale (SMA); Trousse B ( <i>SMN1</i> ; <i>TREC</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention, partie 1; (TAAN) sur sang séché
	50485 – Amyotrophie spinale (SMA); Trousse C1 ( <i>SMN1</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention, partie 2.1; (TAAN) sur sang séché
	50486 – Amyotrophie spinale (SMA) Trousse C2 ( <i>SMN2</i> ) - test de 2 <sup>e</sup> intention partie 2.2; (TAAN) sur sang séché
Déficit immunitaire combiné sévère (SCID)	
50483 – Amyotrophie spinale (SMA), Déficit immunitaire combiné sévère (SCID); Trousse A ( <i>TREC</i> ; <i>SMN1</i> ); (TAAN) sur sang séché	50487 – Déficit immunitaire combiné sévère (SCID); Trousse B ( <i>TREC</i> ; <i>SMN1</i> ) – test de 2 <sup>e</sup> intention; (TAAN) sur sang séché

TESTS DE CONFIRMATION DIAGNOSTIQUE	ÉTABLISSEMENTS MANDATÉS PAR LE MSSS			
	CHU SAINTE-JUSTINE	CUSM	CHUS	CHU DE QUÉBEC – UL
PLASMA (SÉRUM)/URINE/SANG				
Amyotrophie spinale				
55133 – Amyotrophie spinale (SMA); délétion exon 7 <i>SMN1</i> , <i>SMN2</i> (TAAN)	✓			
Déficit immunitaire combiné sévère (SCID)				
Première intention				
21004 – Marqueurs de surface lymphocytaire T-B-NK ( <i>CD3/4/8/19/16+56/45RA/45RO</i> , <i>CD31</i> )	✓			✓
Deuxième intention				
55405 – Panel virtuel ciblé de gènes associés au déficit immunitaire combiné sévère (SCID) (interprétation seulement)	✓			



Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.1 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
i1	Abeille domestique (venin)	√	√		√	√
D2	Acarien ( <i>Dermatophagoides farinae</i> ) (mites)	√	√	√	√	√
D1	Acarien ( <i>Dermatophagoides pteronyssinus</i> ) (mites)	√	√	√	√	√
F47	Ail	√	√		√	√
F76	Alpha-lactalbumine (nBos d4 alpha-lactalbumine)	√	√	√	√	
M6	<i>Alternaria tenuis</i> / <i>Alternaria alternata</i> (moisissures)	√	√	√	√	√
F20	Amande	√	√	√	√	√
F13	Arachides	√	√	√	√	√
W6	Armoise commune		√	√		
M3	<i>Aspergillus fumigatus</i> (IgE spécifique) (moisissures)	√	√	√	√	√
M207	<i>Aspergillus niger</i> (IgE spécifique) (moisissures)	√	√	√		
F7	Avoine	√	√	√	√	√
F77	Bêta-lactoglobuline (nBos d5 bêta-lactoglobuline)	√	√	√	√	
F1	Blanc d'œuf	√	√	√	√	√
F4	Blé	√	√	√	√	√
F27	Bœuf (viande)	√	√	√	√	√
T3	Bouleau	√	√	√	√	√
F78	Caséine (nBos d8 caséine)	√	√	√	√	
E1	Chat (squames)	√	√	√	√	√
T7	Chêne		√	√		
E3	Cheval (squames)	√	√		√	√
E5	Chien (squames)	√	√	√	√	√
M2	<i>Cladosporium hebarum</i> (moisissures)	√	√		√	√
F23	Crabe	√	√	√	√	√
F24	Crevette	√	√	√	√	√
T1	Érable	√	√	√		
F11	Farine sarrasin	√	√	√		

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.1 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
i2	Frelon à face blanche / Frelon tête blanche (venin)	√	√		√	√
i5	Frelon jaune (venin)	√	√		√	√
F10	Graine de sésame	√	√	√	√	√
K84	Graine de tournesol	√	√	√		√
i4	Guêpe (poliste) (venin)	√	√		√	√
i3	Guêpe de l'est jaune	√	√		√	√
W3	H. Ambroisie trilobée / Herbe à poux grande		√	√	√	
W1	Herbe à poux (herbacée)	√	√	√	√	√
F80	Homard	√	√	√	√	√
F290	Huître	√	√	√		
F75	Jaune d'œuf	√	√	√	√	√
F84	Kiwi	√	√	√	√	√
F2	Lait de vache	√	√	√	√	√
K82	Latex (allergène professionnel)	√	√		√	√
F235	Lentille	√	√	√	√	
F8	Maïs	√	√	√	√	√
F3	Morue	√	√	√	√	√
F37	Moule bleue	√	√	√	√	√
F17	Noisette	√	√	√	√	√
F202	Noix de cajou	√	√	√	√	√
F36	Noix de coco	√	√	√		√
F256	Noix de Grenoble	√	√	√	√	√
F345	Noix de macadam	√	√	√	√	
F201	Noix de pacane / Noix d'hickory	√	√	√	√	√
F18	Noix du Brésil	√	√	√	√	√
F6	Orge (farine)	√	√	√	√	√
F232	Ovalbumine (nGal d2 ovalbumine)	√	√	√	√	√

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.1 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
F233	Ovomucoïde (nGal d1 ovomucoïde)	√	√	√	√	√
C1	Pénicilline G	√	√		√	√
C2	Pénicilline V	√	√		√	√
M1	<i>Penicillium notatum</i> ( <i>P. chrysogenum</i> )	√	√		√	√
F338	Pétoncle	√	√	√	√	
T14	Peuplier		√	√	√	
G6	Phléole des prés (graminée)	√	√	√	√	
F253	Pignon de pin	√	√	√	√	
F203	Pistache	√	√	√	√	√
W9	Plantain lancéolé (herbacée)		√	√	√	
F12	Pois	√	√	√	√	√
F309	Pois chiche	√	√	√	√	
F49	Pomme	√	√		√	√
H1	Poussière de maison (Lab. Greer)	√	√			√
F9	Riz	√	√	√	√	√
F41	Saumon	√	√	√	√	√
F5	Seigle	√	√	√	√	√
F337	Sole	√	√	√		
F14	Soya / Soja	√	√	√	√	√
F40	Thon	√	√	√	√	√
F414	Tilapia		√		√	
F204	Truite	√	√	√	√	√

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.2 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
C1	Pénicilline G	√	√		√	√
C2	Pénicilline V	√	√		√	√
D1	Acarien ( <i>Dermatophagoides pteronyssinus</i> ) (mites)	√	√	√	√	√
D2	Acarien ( <i>Dermatophagoides farinae</i> ) (mites)	√	√	√	√	√
E1	Chat (squames)	√	√	√	√	√
E3	Cheval (squames)	√	√		√	√
E5	Chien (squames)	√	√	√	√	√
F1	Blanc d'œuf	√	√	√	√	√
F10	Graine de sésame	√	√	√	√	√
F11	Farine sarrasin	√	√	√		
F12	Pois	√	√	√	√	√
F13	Arachides	√	√	√	√	√
F14	Soya / Soja	√	√	√	√	√
F17	Noisette	√	√	√	√	√
F18	Noix du Brésil	√	√	√	√	√
F2	Lait de vache	√	√	√	√	√
F20	Amande	√	√	√	√	√
F201	Noix de pacane / Noix d'hickory	√	√	√	√	√
F202	Noix de cajou	√	√	√	√	√
F203	Pistache	√	√	√	√	√
F204	Truite	√	√	√	√	√
F23	Crabe	√	√	√	√	√
F232	Ovalbumine (nGal d2 ovalbumine)	√	√	√	√	√
F233	Ovomucoïde (nGal d1 ovomucoïde)	√	√	√	√	√
F235	Lentille	√	√	√	√	
F24	Crevette	√	√	√	√	√
F253	Pignon de pin	√	√	√	√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.2 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
F256	Noix de Grenoble	√	√	√	√	√
F27	Bœuf (viande)	√	√	√	√	√
F290	Huître	√	√	√		
F3	Morue	√	√	√	√	√
F309	Pois chiche	√	√	√	√	
F337	Sole	√	√	√		
F338	Pétoncle	√	√	√	√	
F345	Noix de macadam	√	√	√	√	
F36	Noix de coco	√	√	√		√
F37	Moule bleue	√	√	√	√	√
F4	Blé	√	√	√	√	√
F40	Thon	√	√	√	√	√
F41	Saumon	√	√	√	√	√
F414	Tilapia		√		√	
F47	Ail	√	√		√	√
F49	Pomme	√	√		√	√
F5	Seigle	√	√	√	√	√
F6	Orge (farine)	√	√	√	√	√
F7	Avoine	√	√	√	√	√
F75	Jaune d'œuf	√	√	√	√	√
F76	Alpha-lactalbumine (nBos d4 alpha-lactalbumine)	√	√	√	√	
F77	Bêta-lactoglobuline (nBos d5 bêta-lactoglobuline)	√	√	√	√	
F78	Caséine (nBos d8 caséine)	√	√	√	√	
F8	Maïs	√	√	√	√	√
F80	Homard	√	√	√	√	√
F84	Kiwi	√	√	√	√	√
F9	Riz	√	√	√	√	√

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 1.2 - Liste des allergènes communs (code 30286)

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine	CHUS	CUSM
G6	Phléole des prés (graminée)	√	√	√	√	
H1	Poussière de maison (Lab. Greer)	√	√			√
i1	Abeille domestique (venin)	√	√		√	√
i2	Frelon à face blanche / Frelon tête blanche (venin)	√	√		√	√
i3	Guêpe de l'est jaune	√	√		√	√
i4	Guêpe (poliste) (venin)	√	√		√	√
i5	Frelon jaune (venin)	√	√		√	√
K82	Latex (allergène professionnel)	√	√		√	√
K84	Graine de tournesol	√	√	√		√
M1	<i>Penicillium notatum</i> ( <i>P. chrysogenum</i> )	√	√		√	√
M2	<i>Cladosporium hebarum</i> (moisissures)	√	√		√	√
M207	<i>Aspergillus niger</i> (IgE spécifique) (moisissures)	√	√	√		
M3	<i>Aspergillus fumigatus</i> (igE spécifique) (moisissures)	√	√	√	√	√
M6	<i>Alternaria tenuis</i> / <i>Alternaria alternata</i> (moisissures)	√	√	√	√	√
T1	Érable	√	√	√		
T14	Peuplier		√	√	√	
T3	Bouleau	√	√	√	√	√
T7	Chêne		√	√		
W1	Herbe à poux (herbacée)	√	√	√	√	√
W3	H. Ambroisie trilobée / Herbe à poux grande		√	√	√	
W6	Armoise commune		√	√		
W9	Plantain lancéolé (herbacée)		√	√	√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F237	Abricot		√	
F297	<i>Acacia</i> ssp. (gomme arabique)	√		
M202	<i>Acremonium kiliense</i> ( <i>Cephalosporium</i> )		√	
G9	Agrostide stolonifère / <i>Agrostis stolonifera</i>	√	√	
F42	Aiglefin		√	
W14	Amarante	√		
W2	Ambrosie à épi grêle / Herbe à poux Western USA		√	
F210	Ananas	√	√	√
F313	Anchois		√	√
F277	Aneth	√		
F271	Anis		√	
F261	Asperge		√	
F262	Aubergine		√	
T2	Aulne	√	√	
F96	Avocat	√	√	√
F92	Banane	√	√	√
F269	Basilic	√		
F319	Betterave		√	
F288	Bleuet		√	
F260	Brocoli		√	
F93	Cacao (chocolat)		√	
F221	Café		√	
F258	Calmar	√	√	√
E86	Canard (plumes)	√		
E201	Canari (plumes)	√		
M5	<i>Candida albicans</i>		√	
F341	Canneberge		√	
F220	Cannelle	√	√	
F31	Carotte	√	√	
F296	Caroube	√		
T17	Cèdre		√	
C7	Cefaclor	√		
F85	Céleri	√	√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F242	Cerise		√	
F212	Champignon		√	
F299	Chataigne	√		
E80	Chèvre (épithélium)	√		
F279	Chili (piment)	√		
C8	Chlorhexidine		√	
F216	Chou		√	
F291	Chou-fleur	√		
F217	Choux de Bruxelles	√		
F208	Citron		√	
F302	Clémentine / Mandarine / Tangerine		√	
F268	Clou girofle	√		
E6	Cobaye (épithélium)	√		
F244	Concombre		√	
i6	Coquerelle		√	
F317	Coriandre	√		
F265	Cumin	√		
G3	Dactyle pelotonné (graminée)	√	√	√
F289	Datte		√	
D3	<i>Dermatophagoides microceras</i> (acarien)	√		
E89	Dinde (plumes)	√		
F284	Dinde (viande)		√	
F124	Épeautre	√		
F214	Épinard / <i>Spinacia oleracea</i>		√	
T11	Érable faux platane / Platane anglais		√	
F314	Escargot	√	√	
F272	Estragon	√		
D74	<i>Euroglyphus maynei</i> (acarien)	√		
F276	Fenouil	√		
G4	Fétuque des prés (graminée)		√	
F278	Feuille de laurier	√		
F182	Fève de Lima	√		
F328	Figue		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F303	Flétan	√	√	√
i70	Fourmi rouge	√		
F44	Fraise	√	√	
F343	Framboise	√	√	
T15	Frêne blanc		√	
F81	Fromage cheddar		√	
F294	Fruit de la passion		√	
E217	Furet	√		
C74	Gélatine	√		
T6	Genévrier		√	
F270	Gingembre	√	√	
F79	Gluten	√	√	
F246	Gomme de guar (agar)	√		
F226	Graine de citrouille		√	√
F333	Graine de lin	√	√	√
F335	Graine de lupin	√		
F224	Graine de pavot	√		
F147	Gulf flounder	√		
E84	Hamster (épithélium)	√		
F205	Hareng		√	√
F15	Haricot blanc	√	√	√
F287	Haricot rouge	√	√	√
F315	Haricot vert	√	√	√
M8	<i>Helminthosporium halodes</i> (moisissure)		√	
t5	Hêtre		√	
K75	Isocyanate TDI (allergène professionnel)	√		
G5	Ivraie (graminée)		√	
F325	Lait de brebis	√	√	
F300	Lait de chèvre	√	√	
F215	Laitue		√	
F304	Langouste	√	√	√
E82	Lapin (épithélium)	√		
E211	Lapin (urine)	√		

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F213	Lapin (viande)	√		
D71	<i>Lepidoglyphus destructor</i> (acarien)	√		
F45	Levure (bière)	√		
F90	Malt	√		
F91	Mangue	√	√	√
F206	Maquereau	√		
F274	Marjolaine	√		
F87	Melon (miel, cantaloup)		√	
F329	Melon d'eau (pastèque)		√	
F332	Menthe	√		
F55	Millet		√	
i71	Moustique		√	
F89	Moutarde	√	√	√
E81	Mouton (épithélium)	√		
F88	Mouton (viande)		√	
M4	<i>Mucor racemosus</i> (moisissure)		√	
F211	Mûre		√	
T4	Noisetier		√	
F282	Noix de muscade		√	
T10	Noyer		√	
E70	Oie (plumes)		√	
F48	Oignon	√		
F342	Olive noire		√	
T9	Olivier européen		√	
F33	Orange	√	√	
F283	Origan	√		
T8	Orme		√	
F207	Palourde	√	√	√
F209	Pamplemousse		√	
F293	Papaye		√	
F218	Paprika (piment doux)	√		
G8	Paturin des prés (graminée)	√	√	√
F95	Pêche	√	√	√

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Nom de l'allergène en ordre alphabétique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
M209	<i>Penicillium frequentans</i>		√	√
E213	Perroquet (plumes)	√		
E78	Perruche (plumes)	√		
F86	Persil	√		
W13	Petite bardane (lampourde)		√	
T16	Pin blanc		√	
W8	Pissenlit (herbacée)		√	
F94	Poire		√	
F280	Poivre noir	√		
F263	Poivre vert		√	
F35	Pomme de terre		√	
E83	Porc (épithélium)	√		
F26	Porc (viande)	√	√	
E85	Poulet (plumes)	√		
F83	Poulet (viande)	√	√	√
F59	Poulpe		√	
H2	Poussière de maison (Lab. Hollister-Stier)		√	
F255	Prune		√	
F347	Quinoa		√	
F259	Raisin		√	
E87	Rat (épithélium + protéines sériques + protéines urinaires)	√		
E73	Rat (épithélium)	√		
E74	Rat (urine)	√		
M11	<i>Rhizopus nigricans</i>		√	
E214	Roselin (plumes)	√		
F61	Sardine		√	√
T12	Saule		√	
G10	Sorgho d'Alep		√	
E71	Souris (épithélium)	√		
E88	Souris (épithélium, protéines sériques et protéines urinaires)	√		
E72	Souris (protéines urinaires)	√		
o70	Sperme (IgE spécifique)		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

**Tableau 2.1 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)**

**Nom de l'allergène en ordre alphabétique**

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
i204	Taon	√		
F222	Thé		√	
F273	Thym	√		
T208	Tilleul		√	
F25	Tomate	√	√	
E4	Vache (squames)		√	
F234	Vanille	√		
W12	Verge d'or (herbacée)		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

**Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)**  
**Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique**

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
C7	Cefaclor	√		
C74	Gélatine	√		
C8	Chlorhexidine		√	
D3	<i>Dermatophagoides microceras</i> (acarien)	√		
D71	<i>Lepidoglyphus destructor</i> (acarien)	√		
D74	<i>Euroglyphus maynei</i> (acarien)	√		
E201	Canari (plumes)	√		
E211	Lapin (urine)	√		
E213	Perroquet (plumes)	√		
E214	Roselin (plumes)	√		
E217	Furet	√		
E4	Vache (squames)		√	
E6	Cobaye (épithélium)	√		
E70	Oie (plumes)		√	
E71	Souris (épithélium)	√		
E72	Souris (protéines urinaires)	√		
E73	Rat (épithélium)	√		
E74	Rat (urine)	√		
E78	Perruche (plumes)	√		
E80	Chèvre (épithélium)	√		
E81	Mouton (épithélium)	√		
E82	Lapin (épithélium)	√		
E83	Porc (épithélium)	√		
E84	Hamster (épithélium)	√		
E85	Poulet (plumes)	√		
E86	Canard (plumes)	√		
E87	Rat (épithélium + protéines sériques + protéines urinaires)	√		
E88	Souris (épithélium, protéines sériques et protéines urinaires)	√		
E89	Dinde (plumes)	√		
F124	Épeautre	√		
F147	Gulf flounder	√		
F15	Haricot blanc	√	√	√
F182	Fève de Lima	√		

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

**Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)**  
**Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique**

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F205	Hareng		√	√
F206	Maquereau	√		
F207	Palourde	√	√	√
F208	Citron		√	
F209	Pamplemousse		√	
F210	Ananas	√	√	√
F211	Mûre		√	
F212	Champignon		√	
F213	Lapin (viande)	√		
F214	Épinard / <i>Spinacia oleracea</i>		√	
F215	Laitue		√	
F216	Chou		√	
F217	Choux de Bruxelles	√		
F218	Paprika (piment doux)	√		
F220	Cannelle	√	√	
F221	Café		√	
F222	Thé		√	
F224	Graine de pavot	√		
F226	Graine de citrouille		√	√
F234	Vanille	√		
F237	Abricot		√	
F242	Cerise		√	
F244	Concombre		√	
F246	Gomme de guar (agar)	√		
F25	Tomate	√	√	
F255	Prune		√	
F258	Calmar	√	√	√
F259	Raisin		√	
F26	Porc (viande)	√	√	
F260	Brocoli		√	
F261	Asperge		√	
F262	Aubergine		√	
F263	Poivre vert		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

**Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)**  
**Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique**

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F265	Cumin	√		
F268	Clou girofle	√		
F269	Basilic	√		
F270	Gingembre	√	√	
F271	Anis		√	
F272	Estragon	√		
F273	Thym	√		
F274	Marjolaine	√		
F276	Fenouil	√		
F277	Aneth	√		
F278	Feuille de laurier	√		
F279	Chili (piment)	√		
F280	Poivre noir	√		
F282	Noix de muscade		√	
F283	Origan	√		
F284	Dinde (viande)		√	
F287	Haricot rouge	√	√	√
F288	Bleuet		√	
F289	Datte		√	
F291	Chou-fleur	√		
F293	Papaye		√	
F294	Fruit de la passion		√	
F296	Caroube	√		
F297	<i>Acacia</i> ssp. (gomme arabique)	√		
F299	Chataigne	√		
F300	Lait de chèvre	√	√	
F302	Clémentine / Mandarine / Tangerine		√	
F303	Flétan	√	√	√
F304	Langouste	√	√	√
F31	Carotte	√	√	
F313	Anchois		√	√
F314	Escargot	√	√	
F315	Haricot vert	√	√	√

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F317	Coriandre	√		
F319	Betterave		√	
F325	Lait de brebis	√	√	
F328	Figue		√	
F329	Melon d'eau (pastèque)		√	
F33	Orange	√	√	
F332	Menthe	√		
F333	Graine de lin	√	√	√
F335	Graine de lupin	√		
F341	Canneberge		√	
F342	Olive noire		√	
F343	Framboise	√	√	
F347	Quinoa		√	
F35	Pomme de terre		√	
F42	Aiglefin		√	
F44	Fraise	√	√	
F45	Levure (bière)	√		
F48	Oignon	√		
F55	Millet		√	
F59	Poulpe		√	
F61	Sardine		√	√
F79	Gluten	√	√	
F81	Fromage cheddar		√	
F83	Poulet (viande)	√	√	√
F85	Céleri	√	√	
F86	Persil	√		
F87	Melon (miel, cantaloup)		√	
F88	Mouton (viande)		√	
F89	Moutarde	√	√	√
F90	Malt	√		
F91	Mangue	√	√	√
F92	Banane	√	√	√
F93	Cacao (chocolat)		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
F94	Poire		√	
F95	Pêche	√	√	√
F96	Avocat	√	√	√
G10	Sorgho d'Alep		√	
G3	Dactyle pelotonné (graminée)	√	√	√
G4	Fétuque des prés (graminée)		√	
G5	Ivraie (graminée)		√	
G8	Paturin des prés (graminée)	√	√	√
G9	Agrostide stolonifère / <i>Agrostis stolonifera</i>	√	√	
H2	Poussière de maison (Lab. Hollister-Stier)		√	
i204	Taon	√		
i6	Coquerelle		√	
i70	Fourmi rouge	√		
i71	Moustique		√	
K75	Isocyanate TDI (allergène professionnel)	√		
M11	<i>Rhizopus nigricans</i>		√	
M202	<i>Acremonium kiliense</i> ( <i>Cephalosporium</i> )		√	
M209	<i>Penicillium frequentans</i>		√	√
M4	<i>Mucor racemosus</i> (moisissure)		√	
M5	<i>Candida albicans</i>		√	
M8	<i>Helminthosporium halodes</i> (moisissure)		√	
o70	Sperme (IgE spécifique)		√	
T10	Noyer		√	
T11	Érable faux platane / Platane anglais		√	
T12	Saule		√	
T15	Frêne blanc		√	
T16	Pin blanc		√	
T17	Cèdre		√	
T2	Aulne	√	√	
T208	Tilleul		√	
T4	Noisetier		√	
t5	Hêtre		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

**Tableau 2.2 - Liste des allergènes occasionnels (code 30287)**

Identifiant de l'allergène en ordre alphanumérique

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHU de Québec – UL	CHUM	CHU Sainte-Justine
T6	Genévrier		√	
T8	Orme		√	
T9	Olivier européen		√	
W12	Verge d'or (herbacée)		√	
W13	Petite bardane (lampourde)		√	
W14	Amarante	√		
W2	Ambroisie à épi grêle / Herbe à poux Western USA		√	
W8	Pissenlit (herbacée)		√	

Légende :	Allergènes alimentaires
	Allergènes environnementaux

Tableau 3 - Liste des allergènes moléculaires (code 30288)

Identifiant de l'allergène	Allergènes	CHUM	CHUS
o215	alpha-Gal; nGal- alpha-1,3 Thyroglobuline (Bœuf)	√	
F443	Ana o 3 (Cajou)	√	√
F422	Ara h 1 (Arachides)	√	√
F423	Ara h 2 (Arachides)	√	√
F424	Ara h 3 (Arachides)	√	√
F352	Ara h 8; PR-10 (Arachides)	√	√
F427	Ara h 9; LTP (Arachides)	√	√
W233	Art v 3 (Armoise commune)	√	
T215	Bet v 1 (Bouleau)	√	
T216	Bet v 2; Profiline (Bouleau)	√	
F428	Cor a 1 (Noisette)	√	√
F439	Cor a 14 (Noisette)	√	√
F425	Cor a 8; LTP (Noisette)	√	√
F440	Cor a 9 (Noisette)	√	√
D202	Der p 1 (Dermatophagoides pteronyssinus)	√	
D205	Der p 10; Tropomyosine ( <i>Dermatophagoïdes Pteronyssinus</i> )	√	
D203	Der p 2 (Dermatophagoides pteronyssinus)	√	
D209	Der p 23 (Dermatophagoides pteronyssinus)	√	
F323	Gal d3; Conalbumine (Œuf)	√	
F353	Gly m 4; PR-10 (Soya)	√	
F431	Gly m 5; Bêta-conglycinine (Soya)	√	
F432	Gly m 6; Glycinine (Soya)	√	
F441	Jug r 1 (Noix de Grenoble)	√	
F442	Jurg r 3; LTP (Noix de Grenoble)	√	
F434	Mal d 1; PR-10 (Pomme)	√	
F435	Mal d 3; LTP (Pomme)	√	
F351	Pen a 1; Tropomysine (Crevette)	√	
G205	Phl p 1 (Phléole des prés)	√	
G212	Phl p 12 (Phléole des prés)	√	
G213	Phl p 5b (Phléole des prés)	√	
F419	Pru p 1 (Pêche)	√	√
F420	Pru p 3 (Pêche)	√	√
F421	Pru p 4 (Pêche)	√	√
F416	Tri a 19; Omega-5 Gliadine (Blé)	√	



Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
002445	Phénotype f	002543	Phénotype CE
002449	Phénotype G	002547	Phénotype CEAG
001564	Phénotype Js(a)	002550	Phénotype CELO
001565	Phénotype Js(b)	002554	Phénotype CENR
001537	Phénotype Do(a)	002558	Phénotype CEST
001538	Phénotype Do(b)	002562	Phénotype C(G)
002465	Phénotype ABTI	002566	Phénotype Ch1
002469	Phénotype ALe(b)	002570	Phénotype Ch2
002473	Phénotype An(a)	002574	Phénotype Ch3
001575	Phénotype AnWj	002578	Phénotype Ch4
002480	Phénotype At(a)	002582	Phénotype Ch5
002484	Phénotype Au(a)	002586	Phénotype Ch6
002488	Phénotype Au(b)	002590	Phénotype Cl(a)
002492	Phénotype BARC	002594	Phénotype c-like
002496	Phénotype Be(a)	002598	Phénotype Co3
002503	Phénotype Bi	002602	Phénotype Co4
002507	Phénotype BLe(b)	001533	Phénotype Co(a)
002511	Phénotype BOW	001534	Phénotype Co(b)
002515	Phénotype Bp(a)	002612	Phénotype Chr(a)
002519	Phénotype Bx(a)	002616	Phénotype Cr(a)
002523	Phénotype By	002620	Phénotype CRAM
002527	Phénotype Can	002624	Phénotype Crawford
002531	Phénotype CD99	002628	Phénotype CROV
002535	Phénotype Ce	002632	Phénotype CROZ
002539	Phénotype cE	001569	Phénotype Cs(a)

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
002639	Phénotype Cs(b)	002736	Phénotype ENKT
002643	Phénotype C(x)	002740	Phénotype Er3
002647	Phénotype DAK	001540	Phénotype Er(a)
002651	Phénotype DANE	001541	Phénotype Er(b)
002655	Phénotype Dantu	002750	Phénotype ERIK
002659	Phénotype Dav	002754	Phénotype Es(a)
002663	Phénotype Dh(a)	002758	Phénotype Evans
001535	Phénotype Di(a)	002762	Phénotype E(W)
001536	Phénotype Di(b)	002766	Phénotype Far
002673	Phénotype DISK	002770	Phénotype FORS
002677	Phénotype DOLG	002774	Phénotype FPTT
002681	Phénotype DOMR	002778	Phénotype Fr(a)
002685	Phénotype DOYA	002782	Phénotype Fy3
002689	Phénotype Dr(a)	002786	Phénotype Fy5
002693	Phénotype DSLK	002790	Phénotype Fy6
002697	Phénotype Duclos	002794	Phénotype Ge2
002701	Phénotype D(W)	002798	Phénotype Ge3
002705	Phénotype ELO	002802	Phénotype Ge4
002709	Phénotype Emm	002806	Phénotype GEAT
001539	Phénotype En(a)	002810	Phénotype GEIS
002716	Phénotype ENAV	002814	Phénotype GEPL
002720	Phénotype ENDA	002818	Phénotype GETI
002724	Phénotype ENEH	002822	Phénotype GIL
002728	Phénotype ENEP	002826	Phénotype Go(a)
002732	Phénotype ENEV	002830	Phénotype GUTI

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
001543	Phénotype Gy(a)	002936	Phénotype JAHK
002837	Phénotype H	002940	Phénotype JAL
002845	Phénotype HAG	002944	Phénotype Je(a)
002849	Phénotype He	002948	Phénotype JFV
002853	Phénotype Hg(a)	002952	Phénotype Jk3
002857	Phénotype Hil	002956	Phénotype JMH
002861	Phénotype HJK	002960	Phénotype JMHG
002865	Phénotype HOFM	002964	Phénotype JMHK
002869	Phénotype Hop	002968	Phénotype JMHL
002873	Phénotype Hr	002972	Phénotype JMHM
002877	Phénotype Hr0	002976	Phénotype JMHQ
002881	Phénotype Hr(B)	002980	Phénotype Jn(a)
002885	Phénotype hr(B)	002984	Phénotype Jo(a)
002889	Phénotype hr(H)	002988	Phénotype JONES
002893	Phénotype hr(s)	001547	Phénotype Jr(a)
002897	Phénotype Hu	001550	Phénotype K11
002901	Phénotype Hut	002998	Phénotype K12
001544	Phénotype Hy	003002	Phénotype K13
002908	Phénotype I	003004	Phénotype K14
002912	Phénotype i	003008	Phénotype K16
002916	Phénotype IFC	003012	Phénotype K17
002920	Phénotype In(a)	003016	Phénotype K18
002924	Phénotype In(b)	003019	Phénotype K19
002928	Phénotype INF1	003023	Phénotype K22
002932	Phénotype INJA	003027	Phénotype K23

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
003031	Phénotype K24	003129	Phénotype LKE
003035	Phénotype KALT	003133	Phénotype LOCR
003039	Phénotype KANT	003137	Phénotype Ls(a)
003043	Phénotype KASH	003141	Phénotype Lu11
003047	Phénotype KCAM	001553	Phénotype Lu12
003051	Phénotype KELP	003148	Phénotype Lu13
003055	Phénotype KETI	003152	Phénotype Lu14
003059	Phénotype Kg	003156	Phénotype Lu16
003063	Phénotype KHUL	001554	Phénotype Lu17
003067	Phénotype Km	003163	Phénotype Lu20
001571	Phénotype Kn(a)	003167	Phénotype Lu21
003074	Phénotype Kn(b)	003171	Phénotype Lu3
003078	Phénotype Kp(c)	003175	Phénotype Lu4
003082	Phénotype KREP	003179	Phénotype Lu5
003086	Phénotype KTIM	001551	Phénotype Lu6
003090	Phénotype Ku	003186	Phénotype Lu7
003094	Phénotype KUCI	001552	Phénotype Lu8
003098	Phénotype Kx	003193	Phénotype Lu9
003102	Phénotype KYO	003197	Phénotype LURC
001556	Phénotype Lan	001531	Phénotype Lw(a)
003109	Phénotype Le(ab)	003204	Phénotype Lw(ab)
003113	Phénotype Le(bH)	001532	Phénotype Lw(b)
003117	Phénotype Le(c)	003211	Phénotype M1
003121	Phénotype Le(d)	003215	Phénotype MAM
003125	Phénotype Li(a)	003219	Phénotype MAR

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
003223	Phénotype MARS	003321	Phénotype OKVM
003227	Phénotype M(c)	003325	Phénotype OI(a)
001572	Phénotype McC(a)	003329	Phénotype Or
003234	Phénotype McC(b)	003333	Phénotype Os(a)
003238	Phénotype M(e)	003337	Phénotype P
003242	Phénotype MER2	001558	Phénotype PEL
003246	Phénotype M(g)	003344	Phénotype P(k)
003250	Phénotype Mi(a)	003348	Phénotype PP1P(k)
003254	Phénotype Milne	003352	Phénotype Pt(a)
003258	Phénotype MINY	003356	Phénotype PX2
003262	Phénotype Mit	003360	Phénotype RASM
003266	Phénotype MNTD	003364	Phénotype RAZ
003270	Phénotype Mo(a)	003368	Phénotype Rb(a)
003274	Phénotype Mt(a)	003372	Phénotype Rd
003278	Phénotype Mur	003376	Phénotype Re(a)
003282	Phénotype MUT	003380	Phénotype REIT
003285	Phénotype M(v)	003384	Phénotype Rg1
003289	Phénotype "N"	003388	Phénotype Rg2
003293	Phénotype NFLD	003392	Phénotype Rh29
003297	Phénotype Nob	003396	Phénotype Rh32
003301	Phénotype NOR	003400	Phénotype Rh33
003305	Phénotype Nou	003404	Phénotype Rh35
003309	Phénotype Ny(a)	003408	Phénotype Rh39
003313	Phénotype Ok(a)	003412	Phénotype Rh41
003317	Phénotype OKGV	003416	Phénotype Rh42

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
003420	Phénotype RHAG4	003517	Phénotype Tc(a)
003424	Phénotype Ri(a)	003521	Phénotype Tc(b)
003428	Phénotype Riv	003525	Phénotype Tc(c)
003432	Phénotype SARA	003529	Phénotype Tm
003436	Phénotype SAT	003533	Phénotype To(a)
001560	Phénotype Sc1	003537	Phénotype TOU
001561	Phénotype Sc2	003541	Phénotype Tr(a)
003446	Phénotype Sc3	003545	Phénotype TSEN
003450	Phénotype SCAN	001511	Phénotype U
003454	Phénotype SCER	003553	Phénotype Ul(a)
003458	Phénotype s(D)	003557	Phénotype UMC
001573	Phénotype Sd(a)	003561	Phénotype V
003465	Phénotype Sec	001529	Phénotype Vel
003469	Phénotype SERF	003568	Phénotype Vg(a)
003473	Phénotype Sext	003572	Phénotype VLAN
003477	Phénotype Sj	003576	Phénotype VONG
003481	Phénotype Sl(a)	003580	Phénotype Vr
003485	Phénotype Vil	003584	Phénotype VS
003489	Phénotype Sl3	003588	Phénotype Vw
003493	Phénotype St(a)	003592	Phénotype WARR
003497	Phénotype STAR	003596	Phénotype Wb
003501	Phénotype STEM	003600	Phénotype Wd(a)
003505	Phénotype SW1	003604	Phénotype WES(a)
003509	Phénotype Sw(a)	003608	Phénotype WES(b)
003513	Phénotype Tar	003612	Phénotype WH

Code H-Q	Libellé	Code H-Q	Libellé
001528	Phénotype Wr(b)		
003622	Phénotype Wu		
001566	Phénotype Xg(a)		
001570	Phénotype Yk(a)		
001562	Phénotype Yt(a)		
001563	Phénotype Yt(b)		
003638	Phénotype ZENA		



Secteur	Examens de biologie médicale délocalisée (EBMD)	Grappe											
		Bsl-Gaspésie	SLSJ-CN-NdQ	Capitale-Nationale	Mauricie	Estrie	Mtl - CHU Sainte-Justine	Montréal-CHUM	Montréal-CUSM	Outaouais	Chaudière-Appalaches	LLL	Montréal
Biochimie	Bandelettes pour drogues de rue	x	x			x		x				x	x
	Bandelettes urinaires	x	x	x	x	x	x	x	x	x		x	x
	Bilirubine transcutanée	x	x	x	x	x		x	x	x	x	x	x
	Calcium ionisé					x							
	Cétonémie		x	x			x	x	x				
	Chlorure dans la sueur						x						
	Densité urinaire				x	x	x	x	x	x		x	
	Électrolytes (sodium, potassium, chlorure)	x	x		x	x			x	x	x	x	
	Fibronectine fœtal, ActimPartus (travail prématuré)	x	x		x						x		x
	Gaz sanguins	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
	Glucose (sanguin, capillaire ou interstitiel)	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
	Hémoglobine glyquée (HbA1c)					x			x	x			x
	Hydrogène (H <sub>2</sub> ) et méthane (CH <sub>4</sub> ) dans l'haleine						x		x			x	
	Hydroxyde de potassium (KOH)	x				x		x				x	
	Lactate	x	x	x		x		x	x	x	x	x	
	pH gastrique		x			x		x	x			x	x
	pH (lacrymal ou surface oculaire)	x				x		x				x	x
pH liquide amniotique				x	x			x				x	
pH vaginal					x								

Secteur	Examens de biologie médicale délocalisée (EBMD)	Grappe											
		Bsl-Gaspésie	SLSJ-CN-NdQ	Capitale-Nationale	Mauricie	Estrie	Mtl - CHU Sainte-Justine	Montréal-CHUM	Montréal-CUSM	Outaouais	Chaudière-Appalaches	LLL	Montréal
Biochimie (suite)	Sang dans les selles (qualitatif)	x						x	x				
	Test de grossesse qualitatif (β-hCG)	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
	Test de rupture des membranes	x	x	x	x	x		x	x		x	x	x
	Troponine (quantitative ou qualitative)	x	x						x	x	x		
Coagulation	Temps de céphaline activée								x				x
	Temps de coagulation activé		x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
	Temps de prothrombine/rapport international normalisé (INR)	x	x		x			x	x	x	x		x
Hématologie	Décompte neutrophiles							x	x	x		x	x
	Différentiel hématologie									x			
	Hémoglobininémie et/ou hémocrite	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
	RH sur lame							x					
	Thromboélastométrie rotationnelle (ROTEM)							x	x				
	Thromboélastographie (TEG)		x				x		x				
Microbiologie	Frottis vaginal pour détection de cellules cibles « clue cells »							x					
	Test rapide Covid-19	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
	Test rapide grippe (influenza A et B)	x	x	x			x	x	x		x	x	
	Test rapide streptocoque A	x	x	x	x	x		x		x	x	x	x
	Test rapide virus respiratoire syncytial (VRS)											x	

## TABLES DES MATIÈRES

R1	Orientations concernant l'utilisation d'une stratégie de classification et de stratification des variants somatiques du profilage moléculaire réalisés dans le cadre des activités en oncologie .....	168
R2	Orientations concernant l'accès aux analyses pédiatriques de séquençage de nouvelle génération réalisées dans le cadre des activités du RQDM.....	171
R3	Orientations concernant les principes et critères encadrant le recours au séquençage pangénomique et ciblé en génétique constitutionnelle réalisé dans le cadre des activités en génétique du RQDM.....	172
R3.1	Comparaison des principales caractéristiques techniques et organisationnelles .....	172
R3.2	Comparaison des principales caractéristiques analytiques .....	172
R3.3	Enjeux Éthiques.....	173
R3.4	Rendement Diagnostique .....	173
R4	Recommandations du comité stratégique ministériel du RQDM et positionnement du MSSS.....	174
R4.1	Recommandations pour le séquençage pangénomique.....	174
R4.2	Recommandations pour le séquençage ciblé (panel de gènes) .....	174
R4.3	Étapes analytiques à suivre lors d'un séquençage pangénomique en contexte clinique.....	175
R5	Divulgence des trouvailles fortuites à la suite d'un séquençage des acides nucléiques dans le cadre du RQDM .....	176
R5.1	Principes directeurs concernant la divulgation des trouvailles fortuites .....	176
R5.2	Principes guidant la divulgation des trouvailles fortuites.....	177
R5.3	Recommandations sur la divulgation des trouvailles fortuites .....	178
R5.4	Addendum 1 : 6 juin 2022 : Divulgence de trouvailles fortuites dans le contexte d'analyses somatiques .....	182
R5.5	Addendum 2 : Liste de gènes visés par la divulgation de trouvailles fortuites en âge pédiatrique .....	183
R5.6	Addendum 3 : Gestion de la divulgation de trouvailles fortuites en prénatal.....	185
R5.6.1	Approche de gestion des trouvailles fortuites en prénatal .....	186
R5.6.2	Processus d'évaluation d'une trouvaille fortuite en prénatal.....	188
R6	Orientations concernant les principes et critères encadrant le recours au séquençage pangénomique en trio « parents-enfant » en génétique constitutionnelle réalisé dans le cadre des activités en génétique du RQDM.....	191

**R1 Orientations concernant l'utilisation d'une stratégie de classification et de stratification des variants somatiques du profilage moléculaire réalisés dans le cadre des activités en oncologie**

En cohérence avec son mandat de soutien aux travaux du Réseau québécois de diagnostic moléculaire (RQDM), l'Institut national d'excellence en santé et en services sociaux (INESSS) a produit un état des connaissances portant sur les meilleures pratiques visant à stratifier et standardiser les informations générées par l'utilisation des panels multigéniques. Ces panels permettent l'analyse simultanée de plusieurs biomarqueurs somatiques associés à différents types de cancers. Cinq documents provenant de pays d'Europe, de l'Australie, des États-Unis et du Canada ont été recensés sur ce sujet. Chacun propose un système de classification des biomarqueurs ou des thérapies en catégories, appelées « tiers ». Dans son état des connaissances, l'INESSS souligne que :

- Même si la constitution des tiers devrait se définir par la qualité de la preuve scientifique entourant la relation entre un biomarqueur, une thérapie et un type de cancer, plusieurs défis se posent pour adapter les systèmes de classification existants à la réalité du système de santé québécois;
- Le besoin de standardisation des rapports à l'intérieur et entre les établissements de santé ainsi que l'évolution rapide des connaissances en oncologie imposent une mise à jour fréquente de la classification des biomarqueurs ainsi que de leur utilité clinique en fonction de leur implication diagnostique, pronostique ou prédictive d'une réponse à un traitement;
- Les disparités d'accès à certaines thérapies peuvent être exacerbées s'il n'y a pas de réglementation claire entourant la divulgation des résultats du laboratoire de pathologie au médecin traitant. Plusieurs traitements peuvent être accessibles uniquement par des essais cliniques qui ne sont pas toujours disponibles localement;
- La disponibilité de l'analyse peut aussi augmenter l'utilisation de thérapies dont la valeur thérapeutique n'a pas été démontrée et qui peuvent constituer un risque pour le patient.

Le Comité stratégique ministériel du RQDM, avec l'aide de son comité de coordination oncologie, a abordé ces différents enjeux associés aux séquençages réalisés par les laboratoires du RQDM ainsi qu'à la gestion du changement qui y est associée. À la suite des discussions, le Comité stratégique ministériel du RQDM a émis différentes recommandations au ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS). Le MSSS a entériné ces recommandations et les officialise dans le texte suivant. Ainsi :

- Le MSSS souhaite encadrer l'utilisation de l'information générée par ces tests comme le proposent plusieurs organisations, considérant la croissance anticipée du nombre de demandes d'analyses et afin d'éviter de créer des disparités dans l'accès aux services ou aux traitements;
- Le MSSS adopte un système de classification des variants ou des thérapies, fondé sur les niveaux de preuves scientifiques disponibles, sur l'utilité clinique (actionnabilité) pour un type de cancer donné et adapté au contexte local. Il s'agit d'une étape importante dans l'implantation judicieuse d'analyses permettant le profilage moléculaire des tumeurs solides;

- Le système de classification adopté pour le Québec repose sur la stratégie de classification des variants somatiques publiée conjointement par l'Association for Molecular Pathology (AMP), l'American Society of Clinical Oncology (ASCO) et le College of American Pathologists (CAP). Cette stratégie, communément désignée sous l'appellation AMP/ASCO/CAP, propose une classification en quatre tiers fondée sur le niveau de preuve clinique disponible, tout en tenant compte des approbations réglementaires de la Food and Drug Administration (FDA);
- Le regroupement AMP/ASCO/CAP propose un classement des variants somatiques en quatre tiers en fonction de l'interprétation moléculaire du variant et de sa signification clinique.
  - I. variants avec une signification clinique élevée;
  - II. variants avec une signification clinique potentielle;
  - III. variants de signification clinique inconnue;
  - IV. variants bénins ou probablement bénins.

Tiers	Classification des variants somatiques basée sur AMP/ASCO/CAP
Tiers supérieurs	IA : Thérapies approuvées par Santé Canada / inclusion dans des guides de pratiques cliniques (GPC) comme biomarqueurs diagnostiques, pronostiques ou prédictifs de la réponse à un traitement
	IB : Études de haut niveau de preuve avec consensus d'experts dans le domaine
Tiers intermédiaires supérieurs	IIC : Thérapies approuvées par Santé Canada pour un type tumoral différent / critères d'inclusion pour des essais cliniques / plusieurs études publiées avec un certain consensus
Tiers intermédiaires inférieurs	IID : Études précliniques / quelques rapports de cas sans consensus
Tiers inférieurs	III : Variants de signification clinique inconnue ou incertaine (non observé à une fréquence allélique significative dans les bases de données populationnelles, de sous-populations, pan-cancer ou de tumeur spécifique / absence de preuves d'association avec le cancer)
	IV : Variants bénins ou probablement bénins (observés à une fréquence allélique significative dans des bases de données populationnelles / aucune preuve d'une association avec un cancer)

- Le MSSS recommande que seuls les variants appartenant aux tiers supérieurs (IA et IB) et aux tiers intermédiaires supérieurs (IIC) soient rapportés dans les conclusions des rapports de laboratoire de biologie médicale, sans mention des sous-catégories. Les variants des tiers intermédiaires inférieurs (IID) peuvent être abordés dans la section des commentaires, lorsque cela est jugé pertinent. En revanche, il n'est pas recommandé d'inclure les variants des tiers inférieurs (III et IV) dans les rapports, puisqu'ils ne devraient pas être pris en compte dans la prise de décision clinique.

- Les résultats négatifs pertinents devraient également être rapportés de manière spécifique au cancer, ou de façon générique, pour les biomarqueurs des tiers supérieurs (IA et IB);
- Le regroupement AMP/ASCO/CAP recommande de rapporter les tiers par ordre décroissant de leur importance clinique;
- La fréquence allélique des variants peut être incluse dans le rapport particulièrement lorsque la signification clinique des différents niveaux est connue;
- Les rapports devraient être clairs, concis, tenir sur une ou deux pages tout au plus et avoir en évidence les renseignements les plus pertinents tels que les résultats des analyses et les conclusions;
- Un suivi régulier de la littérature et une mise à jour fréquente de la classification des biomarqueurs rapportés pour chaque type de cancer seront effectués par le Comité de coordination cancérologie du RQDM en collaboration avec la Direction de la cancérologie.

**R2 Orientations concernant l'accès aux analyses pédiatriques de séquençage de nouvelle génération réalisées dans le cadre des activités du RQDM**

Le comité de coordination en cancérologie du RQDM a examiné l'utilisation des outils diagnostiques de séquençage de nouvelle génération, habituellement destinés à une clientèle pédiatrique, chez une clientèle adolescente et jeune adulte pour laquelle ces outils pourraient être pertinents. Dans son état des connaissances portant sur les panels de cancers pédiatriques analysés par séquençage de nouvelle génération de l'exome et du transcriptome somatiques, l'INESSS indique qu'il serait pertinent d'inclure, parmi les populations ciblées, les adultes atteints de cancer de type pédiatrique, en fixant une limite d'âge supérieure à 30 ans. À la suite de ces discussions, le comité de coordination en cancérologie du RQDM a formulé différentes recommandations, lesquelles ont été entérinées par le MSSS.

Le MSSS souhaite soutenir les prescripteurs au moyen de recommandations visant à harmoniser les pratiques, l'information rapportée ainsi que les soins et services offerts aux adolescents et aux jeunes adultes atteints d'une tumeur de type pédiatrique.

Ainsi, il a été décidé de ne pas fixer de limite d'âge supérieure pour la clientèle adolescente et jeune adulte atteinte de cancer de type pédiatrique comme critère d'accès aux tests pédiatriques de séquençage de nouvelle génération offerts par les laboratoires du RQDM.

**R3 Orientations concernant les principes et critères encadrant le recours au séquençage pangénomique et ciblé en génétique constitutionnelle réalisé dans le cadre des activités en génétique du RQDM**

En cohérence avec son mandat de soutien aux travaux du RQDM, l'INESSS a produit un état des connaissances résumant les meilleures pratiques ainsi que les principaux principes et critères servant à orienter la décision de recourir à des analyses pangénomiques ou à des analyses ciblées (panel de gènes).

**R3.1 Comparaison des principales caractéristiques techniques et organisationnelles**

Les principaux constats issus de l'analyse comparative des caractéristiques techniques, organisationnelles et économiques du séquençage de nouvelle génération (SNG) pangénomique — incluant le whole exome sequencing (WES) et le whole genome sequencing (WGS) — et du SNG ciblé, selon ce qui est rapporté dans la littérature, sont les suivants :

- Le WGS présente un risque de biais de séquençage moindre par rapport au WES et aux panels ciblés puisqu'il ne nécessite généralement pas d'étape de capture ou d'amplification des séquences d'intérêt.
- Le séquençage pangénomique (WES et WGS) est généralement plus polyvalent que le SNG ciblé, puisqu'il permet notamment :
  - La mise à jour rapide et fréquente des listes de gènes des panels virtuels *in silico* de l'offre de service d'un laboratoire;
  - La personnalisation de l'analyse génétique en fonction du phénotype du patient à l'aide de panels *ad hoc*, répondant ainsi aux besoins liés aux maladies rares et complexes;
  - La recherche de nouveaux gènes par des analyses exploratoires fondées sur les données génotypiques et phénotypiques;
  - La réévaluation des cas cliniques au fil du temps, en fonction de l'évolution des connaissances ou d'une évolution du phénotype;
  - L'uniformisation de la trajectoire des échantillons.

Toutefois, le coût élevé et la quantité importante de données générées constituent des désavantages majeurs du WGS. À l'inverse, puisque le temps d'analyse est généralement plus court pour les panels ciblés, ces derniers devraient être privilégiés lorsque les indications cliniques le permettent.

**R3.2 Comparaison des principales caractéristiques analytiques**

Sur le plan analytique, les approches pangénomiques présentent les caractéristiques suivantes :

- Elles permettent d'interroger simultanément l'ensemble du génome nucléaire et mitochondrial;
- Elles offrent une couverture plus complète de l'exome que le WES seul;
- Elles sont moins influencées par le contenu en GC de l'ADN;
- Elles reposent sur une approche non biaisée, nécessitant une profondeur de lecture moyenne minimale inférieure à celle requise pour le WES.

Les panels ciblés, quant à eux, se caractérisent par :

- Une conception visant une couverture optimale des régions d'intérêt;
- Une profondeur de lecture moyenne variant de 500X à 1 000X, ce qui améliore la sensibilité de détection de certains variants;
- Une efficacité accrue pour identifier les variants de faible fréquence allélique ainsi que le mosaïcisme.

### **R3.3 Enjeux éthiques**

Sur le plan éthique, les approches pangénomiques sont plus susceptibles de générer des variants de signification incertaine (VSI) ainsi que des découvertes fortuites. L'utilisation de filtres et de panels *in silico* permet toutefois de limiter les risques associés à ces découvertes.

Les panels ciblés ne sont généralement pas concernés par le risque de découvertes fortuites, puisque les gènes et les régions analysés sont spécifiquement associés à une maladie ou à un groupe de maladies donné.

### **R3.4 Rendement diagnostique**

En ce qui concerne le rendement diagnostique, les analyses pangénomiques présentent un rendement généralement plus élevé que les panels ciblés, en particulier pour les phénotypes complexes. Ce rendement est également significativement supérieur dans les populations pédiatriques et chez les patients présentant des indications neurologiques.

**R4 Recommandations du comité stratégique ministériel du RQDM et positionnement du MSSS**

Le Comité stratégique ministériel du RQDM, avec l'appui de son comité de coordination en génétique, a examiné les différents avantages et enjeux associés au séquençage pangénomique et au séquençage ciblé réalisés par les laboratoires du RQDM, ainsi qu'à la gestion du changement qui en découle. À la suite des discussions, le Comité stratégique ministériel du RQDM a émis différentes recommandations au ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS). Le MSSS a entériné ces recommandations et les officialise dans le présent document.

À cet égard :

- Le MSSS souhaite harmoniser l'offre de services au Québec en matière d'approches analytiques par séquençage pangénomique et par séquençage ciblé dans le contexte du diagnostic moléculaire des maladies génétiques rares;
- Le MSSS souhaite soutenir les prescripteurs au moyen de recommandations visant à harmoniser les pratiques, l'information rapportée ainsi que les soins et services offerts aux patients.

**R4.1 Recommandations pour le séquençage pangénomique**

Le séquençage pangénomique est recommandé dans les situations suivantes :

- **Présence d'un phénotype rare ou non spécifique**, en particulier lorsqu'aucun test diagnostique adapté n'est disponible ou lorsque l'évolution clinique est précoce ou inattendue.
- **Phénotype complexe ou atteint multisystémique**, caractérisé par une hétérogénéité génétique ou phénotypique modérée à élevée, ou par la présence d'au moins deux diagnostics différentiels.
- **Risque de retards thérapeutiques**, lorsque plusieurs tests séquentiels seraient requis et que le coût du séquençage pangénomique s'avère inférieur aux autres options diagnostiques disponibles.

**R4.2 Recommandations pour le séquençage ciblé (panel de gènes)**

Le séquençage ciblé, par panel de gènes, est recommandé dans les contextes suivants :

- **Phénotype hautement spécifique et bien défini**, lorsque les gènes potentiellement causaux peuvent être facilement circonscrits et que l'hétérogénéité phénotypique ou génétique est faible à modérée.
- **Phénotype appartenant à une seule catégorie clinique**, lorsqu'un panel phénotypique plus rentable que le WES est disponible.
- **Suspicion de mosaïcisme génétique**, notamment pour des conditions liées à des variations post-zygotiques.

### R4.3 Étapes analytiques à suivre lors d'un séquençage pangénomique en contexte clinique

En contexte clinique, l'analyse d'un séquençage pangénomique (SNG) devrait suivre une approche progressive, souvent décrite comme une approche en « entonnoir ».

#### 1. Analyse initiale

Dans un premier temps, l'analyse devrait débuter par l'utilisation de panels de gènes *in silico* validés ou conçus *ad hoc*, en fonction du phénotype du patient.

#### 2. Étapes suivantes

Si aucun diagnostic n'est établi à cette étape, l'analyse peut être élargie au mendéliome, soit l'ensemble des gènes associés aux maladies monogéniques. À défaut de résultats probants, l'analyse de l'exome complet, puis du génome entier, peut être envisagée, si nécessaire.

#### 3. Stratégies de filtrage et de priorisation

Tout au long du processus, des stratégies de filtrage et de priorisation basées sur le génotype et le phénotype doivent être appliquées afin d'optimiser la sensibilité diagnostique et de limiter le nombre de variants nécessitant une analyse approfondie.

#### 4. Divulgence des variants

Une attention particulière doit être portée aux critères de divulgation des variants, en fonction du niveau de preuve établissant l'association entre le gène analysé et le phénotype observé.

Cette approche vise à optimiser l'efficacité diagnostique tout en assurant une gestion appropriée du volume de données et des ressources analytiques.

**R5 Divulgence des trouvailles fortuites à la suite d'un séquençage des acides nucléiques dans le cadre du RQDM**

Le présent texte a pour objectif de présenter les recommandations visant à guider et à uniformiser les pratiques de divulgation des trouvailles fortuites au sein de l'ensemble des laboratoires du RQDM, dans le contexte de l'implantation du séquençage par panels étendus et du séquençage génomique.

Ces recommandations ont été formulées à la suite des travaux et des orientations du Comité stratégique ministériel du RQDM, puis entérinées par le MSSS.

Elles s'appuient sur les travaux d'un groupe de travail permanent du RQDM consacré aux trouvailles fortuites. Ce groupe a été formé afin de s'aligner sur les recommandations du Collège canadien des généticiens médicaux (CCMG), lesquelles privilégient la minimisation des découvertes fortuites et la définition d'un cadre strict pour leur divulgation. Les recommandations applicables aux contextes adulte, pédiatrique et prénatal, de même que les listes de gènes associées, sont présentées dans les sections subséquentes du document. Le groupe de travail sur les découvertes fortuites a également pour mandat d'assurer la mise à jour régulière de ces listes pour chacun des contextes cliniques.

**R5.1 Principes directeurs concernant la divulgation des trouvailles fortuites****Préambule**

Dans le cadre de l'implantation du séquençage par panels étendus et du séquençage génomique, le groupe de travail sur la divulgation des trouvailles fortuites a été mandaté afin de proposer des recommandations visant à guider et à uniformiser les pratiques de divulgation des trouvailles fortuites dans l'ensemble des laboratoires du RQDM.

Les travaux du groupe se sont fondés sur de nombreuses sources de données et ont pris en considération la qualité des preuves disponibles, notamment pour évaluer l'efficacité et la pertinence clinique des traitements ou des mesures de prévention associés aux gènes étudiés. Les membres du groupe ont également tenu compte de la pression additionnelle que la gestion des trouvailles fortuites est susceptible d'exercer sur le réseau, dans un contexte de ressources humaines déjà limitées en laboratoire et en clinique.

**Recommandations**

Les recommandations reposent sur des principes directeurs, accompagnés d'une liste de gènes élaborée en cohérence avec ces principes. Cette approche vise à faciliter leur application et à assurer l'uniformité des pratiques entre les laboratoires, en évitant des interprétations variables d'un établissement à l'autre.

Une liste de gènes a été jugée plus pertinente qu'une liste de phénotypes, puisque les connaissances relatives aux variants de certains gènes récemment associés à des phénotypes connus ne sont pas encore suffisamment établies pour justifier leur divulgation lorsqu'ils sont identifiés fortuitement. Les principes directeurs ont servi à l'élaboration de la liste initiale et continueront d'orienter les révisions, les mises à jour et l'interprétation de situations exceptionnelles.

**R5.2 Principes guidant la divulgation des trouvailles fortuites**

1. Une trouvaille fortuite n'est divulguée que si elle est retrouvée dans un gène analysé et interprété dans le cadre du test demandé. Le RQDM privilégie en effet une approche dite « stumble upon » plutôt que de dépistage opportuniste. Ainsi, le laboratoire n'a pas l'obligation de rechercher activement des variants dans les gènes inclus dans les listes de trouvailles fortuites, mais doit divulguer ceux qui sont identifiés de manière fortuite lors des analyses effectuées pour le test demandé. Il est recommandé que les laboratoires masquent, lorsque cela est possible, les gènes ne faisant pas partie de l'analyse afin de limiter les trouvailles fortuites à celles qui sont inévitables. La divulgation de trouvailles fortuites ne constitue donc pas une activité de dépistage opportuniste.
2. Spécifiquement, cela signifie que le laboratoire n'est tenu de divulguer que les variants découverts dans les gènes analysés avec la couverture prévue pour le test demandé. Lorsqu'un variant est identifié dans un gène analysé, mais que la qualité des données est jugée insuffisante, le laboratoire peut décider soit de valider le variant au moyen de tests additionnels, soit de le rapporter en précisant dans le rapport que la qualité des données est faible et qu'un test de confirmation est requis.
3. Les variants pathogéniques et probablement pathogéniques dans des gènes associés à des conditions monogéniques ne devraient être divulgués que lorsqu'ils exposent le patient à un risque de développer la condition concernée.
4. Dans le cadre des analyses en trio, il est recommandé de rapporter uniquement les trouvailles fortuites identifiées chez le cas index. Conformément au principe de « stumble upon », le laboratoire ne recherchera pas systématiquement les trouvailles fortuites ni chez le cas index ni chez ses parents. Il est préconisé de cibler prioritairement l'analyse des variants présents chez l'enfant et de masquer, dans la mesure du possible, les gènes associés à des conditions à manifestation à l'âge adulte. Cette approche centrée sur le cas index constitue la pratique recommandée et vise à minimiser les risques pour l'enfant.

Dans des situations exceptionnelles, une trouvaille fortuite peut être identifiée à la fois chez le cas index et chez un parent, notamment pour un gène associé à une condition se manifestant à l'âge adulte. Dans un tel cas, le variant ne devrait pas être rapporté chez l'enfant en raison de son âge. Toutefois, il pourrait être envisagé de divulguer la trouvaille fortuite au parent porteur, à condition que celui-ci ait préalablement consenti à recevoir de telles informations dans le cadre de l'analyse en trio. Cette divulgation se ferait exclusivement auprès du parent, sans révéler le statut de l'enfant, afin de préserver son autonomie future. Ce type de situation relève d'une zone grise et doit être évalué au cas par cas, avec l'appui du groupe de travail sur les trouvailles fortuites au besoin. La décision finale de divulguer ou non une trouvaille fortuite revient au médecin de laboratoire responsable de l'analyse et signataire du rapport, incluant sur le plan médico-légal.

5. Pour l'instant, il n'est pas recommandé de divulguer les états de porteur pour des conditions autosomiques récessives ou liées à l'X. Cette recommandation fera l'objet d'une réévaluation lors des mises à jour futures du présent document.

6. Une approche dite « opt in » est recommandée. Cela signifie que le patient doit consentir explicitement à la divulgation des trouvailles fortuites dans le cadre du processus de consentement. La seule exception concerne l'identification, chez un enfant, d'un variant pathogénique ou probablement pathogénique associé à une condition « actionnable », pour laquelle une surveillance ou un traitement est recommandé à l'âge pédiatrique. La liste de gènes applicable au contexte pédiatrique est en cours d'élaboration. Des modalités particulières peuvent également s'appliquer en contexte prénatal (voir les recommandations du groupe de travail prénatal).
7. Des listes distinctes par groupe d'âge (adulte, pédiatrique et prénatal) sont à privilégier. Toutefois, une liste unique est initialement proposée afin qu'un outil soit disponible dans les meilleurs délais. La liste de gènes applicable au contexte pédiatrique sera distincte, afin d'assurer la cohérence avec les recommandations professionnelles relatives aux tests prédictifs en âge pédiatrique. Le meilleur intérêt de l'enfant et le respect de son autonomie future prévalent sur les intérêts de ses apparentés.
8. Compte tenu des enjeux propres à chacun des contextes, il est recommandé que des formulaires de consentement distincts soient disponibles pour les contextes adulte, pédiatrique et prénatal.
9. Les choix exprimés par le patient au sujet de la divulgation de trouvailles fortuites lors du consentement doivent être facilement accessibles aux laboratoires.
10. Des recommandations spécifiques doivent encore être élaborées concernant la divulgation des trouvailles fortuites dans le contexte du séquençage d'échantillons tumoraux, notamment en ce qui concerne la distinction entre mutations somatiques et germinales.
11. Les présentes recommandations, ainsi que la liste de gènes, devront être mises à jour au minimum tous les deux ans.
12. Un comité permanent devrait être mis sur pied pour gérer les demandes *ad hoc* des laboratoires, suivre l'application des recommandations par les laboratoires et assurer sa mise à jour périodique.

### **R5.3 Recommandations sur la divulgation des trouvailles fortuites**

1. Il est recommandé que le présent document, incluant la liste de gènes, soit disponible sur le site Web du RQDM. Les laboratoires peuvent ainsi y référer dans leur rapport.
2. Il est recommandé que les trouvailles fortuites soient rapportées dans une section distincte du rapport de laboratoire.
3. Le groupe de travail propose de développer des recommandations « types » à inclure dans le rapport de laboratoire pour les trouvailles fortuites dans les gènes inclus dans la liste pour faciliter le travail des laboratoires et standardiser les pratiques, ce travail reste à faire. Par ailleurs, le groupe de travail a évoqué la possibilité d'algorithmes d'évaluation initiale pour les médecins prescripteurs, ainsi que la possibilité de désigner des centres de référence pour l'évaluation des individus chez qui une trouvaille fortuite est identifiée.

## Exemples de scénarios :

Principe : Une trouvaille fortuite n'est divulguée que si elle est identifiée dans un gène analysé et interprété dans le cadre du test demandé et qu'elle répond aux critères établis, notamment l'inclusion du gène dans la liste approuvée et le caractère pathogénique ou probablement pathogénique du variant.

- Exemple 1 : Un gène est séquencé parce que le test est réalisé sur une plateforme d'exome, mais l'analyse est effectuée à l'aide d'un panel virtuel. Dans ce contexte, seules les trouvailles fortuites identifiées dans les gènes couverts et analysés par le panel virtuel doivent être divulguées. Les trouvailles fortuites dans des gènes séquencés, mais non analysés, ne sont pas divulguées.
- Exemple 2 : Un test est réalisé sur une plateforme qui séquence systématiquement un ensemble de gènes associés à une vaste catégorie de phénotypes (par exemple, le cancer ou les maladies cardiovasculaires). Toutefois, l'analyse est effectuée à l'aide de panels spécifiques définis selon l'indication clinique ou le test demandé. Si un variant pathogénique est présent dans un gène non associé au phénotype ciblé et non inclus dans le panel analysé (par exemple *BRCA1* ou *FBN1*), ce variant ne sera pas identifié et ne doit donc pas être divulgué.
- Exemple 3 : Dans le cas de panels larges couvrant plusieurs phénotypes, un gène peut être séquencé et analysé sans correspondre au phénotype présenté par le patient. Par exemple, un panel de malformations congénitales peut inclure le gène *RET* en lien avec le risque de maladie de Hirschsprung et permettre l'identification d'un variant pathogénique également associé à une néoplasie endocrinienne multiple de type II. Si le gène *RET* figure sur la liste de gènes établie, ce variant doit être divulgué, même s'il n'est pas en lien direct avec le phénotype observé.
- Exemple 4 : Dans le cas d'un séquençage de l'exome ou du génome, toute trouvaille fortuite identifiée lors de l'analyse, correspondant à un gène figurant sur la liste établie et respectant les critères définis, doit être divulguée.

L'élaboration de la liste de gènes a reposé sur les réflexions et les propositions des membres du comité, selon la démarche suivante.

- Dans un premier temps, les gènes inclus dans les listes de référence des groupes suivants ont été révisés : ClinGen Actionability Working Group (AWG), ACMGG, eMERGE, SFMPP (cancer seulement). Le ClinGen AWG rend disponibles les résultats de ses évaluations (c.-à-d. scores) et les met à jour régulièrement. Il fait aussi des évaluations distinctes en pédiatrie et en adulte (pas d'évaluation en prénatal).
- Le groupe de travail a ensuite été divisé en trois sous-groupes, organisés selon les grandes familles de phénotypes, soit : les phénotypes oncologiques, cardiovasculaires, ainsi que métaboliques et autres.
- L'évaluation des gènes s'est appuyée sur plusieurs critères, incluant le score du ClinGen AWG (tenant compte de la sévérité de la condition, de la probabilité de survenue, de la nature de l'intervention, de son efficacité et de la qualité des données disponibles), la présence du gène dans d'autres listes reconnues (ACMG SF 3.0, eMERGE, SFMPP pour le cancer), ainsi que le poids accordé aux différents critères, en particulier à la qualité des données probantes par rapport aux autres paramètres. À titre d'exemple, le ClinGen AWG inclut les gènes ayant un score de onze ou douze (score maximal de douze),

indépendamment de la qualité des données, alors que la SFMPP retient les gènes ayant un score d'au moins douze (score maximal de quinze) uniquement lorsque la qualité des données est jugée A ou B.

- Les caractéristiques propres aux groupes d'âge ont également été considérées, notamment l'âge de présentation, la pénétrance selon l'âge, l'âge auquel l'intervention peut avoir un impact, ainsi que la pertinence d'inclure le gène pour l'ensemble des groupes d'âge ou uniquement pour les contextes adulte, pédiatrique ou prénatal. De plus, tout autre facteur jugé pertinent par les membres du comité a été pris en compte et documenté dans le processus d'évaluation.
- Sur la base de ces éléments, les membres du comité ont classé les gènes selon trois catégories : « à rapporter », « à ne pas rapporter » ou « indécis/à discuter ».

Une première version de la liste des gènes visés par la divulgation des trouvailles fortuites a ainsi été élaborée. À la suite de l'exercice d'évaluation individuelle réalisé par les membres du comité, les listes ont été discutées collectivement en comité.

Compte tenu de l'objectif initial de disposer d'une liste relativement restreinte afin de faciliter l'implantation dans les laboratoires et de limiter l'impact sur les cliniques spécialisées, le comité a retenu, dans un premier temps, les gènes pour lesquels un consensus clair se dégagait en faveur de leur divulgation. Cette sélection comprend vingt-cinq gènes de prédisposition au cancer, douze gènes associés à des phénotypes cardiovasculaires, sept gènes liés à des maladies métaboliques et cinq gènes associés à d'autres types de phénotypes.

**Tableau 1. Liste de gènes visés par la divulgation de trouvailles fortuites (adulte)**

Cancer (25 gènes)		Cardiovasculaire (12 gènes)	Métaboliques et autres (12 gènes)
<i><b>MEN1</b></i>	<i>BRCA1</i>	<i><b>APOB<sup>2</sup></b></i>	<i>ATP7B<sup>3</sup></i>
<i><b>RET</b></i>	<i>BRCA2</i>	<i><b>PCSK9<sup>2</sup></b></i>	<i>GAA<sup>3</sup></i>
<i><b>SDHAF2</b></i>	<i>PTEN</i>	<i><b>LDLR<sup>2</sup></b></i>	<i>GLA<sup>4</sup></i>
<i><b>SDHB</b></i>	<i>STK11</i>	<i><b>ACTA2</b></i>	<i>OTC<sup>4</sup></i>
<i><b>SDHC</b></i>	<i>MLH1</i>	<i><b>FBN1</b></i>	<i>ABCD1<sup>4</sup></i>
<i><b>SDHD</b></i>	<i>MSH2</i>	<i><b>SMAD3</b></i>	<i>ALDH7A1<sup>3</sup></i>
<i><b>VHL</b></i>	<i>MSH6</i>	<i><b>TGFBR1</b></i>	<i>ALDOB<sup>3</sup></i>
<i><b>EPCAM<sup>1</sup></b></i>	<i>PMS2</i>	<i><b>TGFBR2</b></i>	<i><b>SMAD4</b></i>
<i><b>MAX</b></i>	<i>TSC1</i>	<i><b>KCNH2</b></i>	<i>ACVRL1</i>
<i><b>SDHA</b></i>	<i>TSC2</i>	<i><b>KCNQ1</b></i>	<i>ENG</i>
<i><b>TMEM127</b></i>	<i>PALB2</i>	<i><b>SCN5A</b></i>	<i><b>RYR1</b></i>
<i><b>APC</b></i>	<i>TP53</i>	<i><b>RYR2</b></i>	<i><b>BTD<sup>3</sup></b></i>
	<i>MUTYH<sup>2</sup></i>		

Les gènes en gras sont inclus dans toutes les listes considérées (ClinGen AWG, ACMG, eMERGE (et SFMPP pour cancer)). Les autres gènes étaient inclus dans au moins une des listes.

1 Pour *EPCAM*, ne rapporter que la délétion fréquente en 3'.

2 Ces trois gènes sont associés à deux phénotypes : hypercholestérolémie familiale hétérozygote (HeFH) ou homozygote (HoFH). Pour ces trois gènes, rapporter les cas potentiels de HoFH, c.-à-d. si deux variants pathogéniques/probablement pathogéniques pouvant potentiellement être en trans sont identifiés (possibles homozygotes ou hétérozygotes composés). Rapporter également les délétions/duplications de *LDLR* à l'état hétérozygote, mais pas les autres types de variants pour l'instant.

- 3 Ces gènes sont associés à des phénotypes transmis selon le mode autosomique récessif. Ne rapporter que si deux variants pathogéniques/probablement pathogéniques pouvant potentiellement être en trans sont identifiés.
- 4 Gènes associés à des phénotypes transmis selon le mode lié à l’X, ne rapporter que chez individus masculins pour l’instant. À discuter pour prochaine itération de la liste si état hétérozygote devrait être rapporté chez individus de sexe féminin.

Certains gènes, bien qu’inclus dans plus d’une liste de référence, n’ont pas été retenus dans cette première version pour diverses raisons. À titre d’exemple, le gène *ACADM*, associé au déficit en MCAD, fait déjà partie du programme de dépistage néonatal. La probabilité d’identifier, par une approche de séquençage opportuniste, un cas non diagnostiqué pour lequel la détection de variants aurait une réelle utilité clinique est jugée faible, en particulier après la période infantile. De plus, il est reconnu qu’une proportion non négligeable des personnes atteintes d’un déficit en MCAD demeurent asymptomatiques. Pour ces raisons, il a été décidé de ne pas inclure le gène *ACADM* dans cette première version de la liste.

D’autres gènes n’ont pas été retenus en raison de la fréquence élevée de certains variants dans la population générale (par exemple *LDLR* à l’état hétérozygote et *HFE*). Cette situation pourrait entraîner une charge importante pour les médecins prescripteurs, tout en offrant une utilité clinique limitée dans le contexte d’un dépistage opportuniste par séquençage. Par ailleurs, pour ces gènes, des stratégies de dépistage établies existent déjà, telles que l’évaluation de l’histoire familiale ou le dépistage par bilan lipidique dans des groupes à risque pour *LDLR*, ainsi que la faible pénétrance observée pour *HFE*. L’utilité clinique d’un dépistage opportuniste par séquençage a donc été jugée insuffisante pour justifier leur inclusion à ce stade.

La réflexion demeure en cours quant à l’élaboration de listes distinctes selon les groupes d’âge, notamment pour les populations adulte et pédiatrique. Il est anticipé que, pour chaque gène, une indication précise sera formulée afin de déterminer s’il doit être rapporté uniquement chez les adultes (par exemple *BRCA1*), uniquement chez les enfants (par exemple *BTD*) ou dans les deux groupes d’âge (par exemple *FBN1*).

Ces recommandations ont été élaborées par le groupe de travail du RQDM sur la divulgation des trouvailles fortuites. Les membres de ce groupe sont les suivants :

- Mme Anne-Marie Laberge (présidente),  
CHU Sainte-Justine
- M. Michel LeBrun, MSSS
- M. Avi Saskin, CHUM
- M. Rafik Tadros, ICM
- M. Jean-François Soucy, CHU Sainte-Justine
- M. Jean-Baptiste Riviere, CUSM
- Mme Annabelle Pratte, CIUSSS du Saguenay –  
Lac-Saint-Jean
- Mme Alexandra Scott,  
CHU Sainte-Justine
- Mme Valérie Désilets, CHUS
- M. François Sanschagrin, MSSS
- Mme Karine Boisvert, CHU de Québec – UL

Les groupes suivants ont également été consultés :

- Association des médecins généticiens du Québec;
- Association des conseillères et conseillers en génétique du Québec;
- Médecins et professionnels (1291) des laboratoires suprarégionaux de diagnostic moléculaire et de cytogénétique du Québec.

**R5.4 Addendum 1 : 6 juin 2022 : Divulgence de trouvailles fortuites dans le contexte d'analyses somatiques**

À la suite de discussions tenues entre des représentants du groupe de travail du RQDM sur la divulgation des trouvailles fortuites (Mme Anne-Marie Laberge, Mme Karine Boisvert et M. Avi Saskin) et du groupe de travail du Comité de coordination clinique en oncologie (M. Sébastien Chénier et M. Dan Tran-Thanh), il a été conclu que les trouvailles fortuites correspondant à des variants germinaux pathogéniques ou probablement pathogéniques, identifiés dans le contexte d'analyses génétiques somatiques réalisées sur du tissu tumoral, devraient être divulguées selon les mêmes principes directeurs que ceux décrits précédemment.

Plus précisément, une trouvaille fortuite n'est divulguée que si elle est identifiée dans un gène analysé et interprété dans le cadre du test demandé, c'est-à-dire des variants sur lesquels le laboratoire « est tombé » (stumbled upon). Il est recommandé que les laboratoires masquent les gènes séquencés qui ne font pas partie de l'analyse demandée, afin de limiter les trouvailles fortuites à celles qui sont inévitables dans le cadre du test clinique requis.

À l'heure actuelle, les panels utilisés dans le cadre des analyses somatiques sont généralement limités et ciblés en fonction du phénotype, ce qui rend peu probable l'identification de trouvailles fortuites germinales. Toutefois, si ces panels venaient à s'élargir ou si des analyses par séquençage de l'exome, du génome ou du transcriptome sur des tissus somatiques étaient introduites, incluant des comparaisons entre les tissus somatiques et germinaux, la divulgation des trouvailles fortuites devrait alors demeurer cohérente avec les principes directeurs établis et nécessiter l'obtention d'un consentement préalable au test.

Ces recommandations devront être réévaluées à la lumière de l'évolution des pratiques et des technologies en matière d'analyses somatiques.

### R5.5 Addendum 2 : Liste de gènes visés par la divulgation de trouvailles fortuites en âge pédiatrique

Afin d'orienter, dès à présent, la divulgation des trouvailles fortuites en contexte pédiatrique, le groupe de travail a examiné différents critères permettant de guider cette pratique. À l'issue des discussions, les principes suivants ont été retenus.

- La proportion de cas avec début en âge pédiatrique est un meilleur critère que l'âge moyen d'apparition des symptômes.
- L'âge d'apparition de la complication à prévenir était un élément plus pertinent que l'âge d'apparition de toute manifestation. À titre d'exemple, bien que des variants pathogéniques du gène *PTEN* puissent entraîner diverses manifestations durant l'enfance, les complications pour lesquelles une surveillance est recommandée apparaissent principalement à l'âge adulte, l'âge médian de survenue du cancer de la thyroïde étant d'environ 37 ans.

Le groupe de travail a également examiné la qualité des données probantes et des recommandations disponibles afin d'évaluer l'utilité clinique des interventions possibles en âge pédiatrique. Cette analyse s'est appuyée, notamment, sur les données du ClinGen Actionability Working Group ainsi que sur les résultats d'un article ayant évalué la notion d'« actionnabilité » en contexte pédiatrique (Laberge et Richer, Secondary findings from next-generation sequencing: what does actionable in childhood really mean? Genet Med. 2019 Jan;21(1):124-132. PMID: 29875419).

Les pratiques cliniques courantes ont également été prises en considération pour les enfants à risque sur la base d'une histoire familiale. En particulier, le groupe s'est interrogé sur l'offre de tests prédictifs et, dans les situations où ceux-ci sont refusés, sur le caractère suffisamment bénéfique des interventions pour justifier la mise en place d'une surveillance ou d'autres mesures chez les enfants à risque. L'objectif était de demeurer cohérent avec les recommandations professionnelles en matière de tests prédictifs en âge pédiatrique.

Pour une première version de la liste pédiatrique, puisque la divulgation sera obligatoire (tel qu'il est indiqué dans le consentement), nous avons convenu de s'en tenir à une liste de gènes pour lesquels :

- une proportion significative des cas se manifestent en âge pédiatrique;
- les données et les pratiques cliniques actuelles appuient le recours à une surveillance/intervention en âge pédiatrique, suite à un test prédictif et/ou chez les enfants à risque sur la base d'une histoire familiale.

Dans un premier temps, le groupe de travail a choisi d'examiner les gènes déjà inclus dans la liste élaborée pour les adultes, auxquels se sont ajoutés certains gènes associés à des conditions pédiatriques jugées actionnables et figurant dans d'autres listes reconnues, notamment *RB1* et *WT1*. Comme pour la liste adulte, chaque gène a été évalué par au moins deux membres du groupe de travail, en s'appuyant sur les données du ClinGen Actionability Working Group.

À l'issue de ce processus, il a été recommandé de divulguer systématiquement les variants identifiés dans les gènes retenus, pour un total de quarante-six gènes. La liste complète est présentée au tableau 2.

**Tableau 2. Liste de gènes visés par la divulgation de trouvailles fortuites (pédiatrique)**

Cancer (22 gènes)		Cardiovasculaire (12 gènes)	Métaboliques et autres (12 gènes)
<i>APC</i>	<i>TP53</i>	<i>APOB</i> <sup>2</sup>	<i>ABCD1</i> <sup>3</sup>
<i>MAX</i>	<i>TSC1</i>	<i>PCSK9</i> <sup>2</sup>	<i>BTD</i> <sup>4</sup>
<i>MEN1</i>	<i>TSC2</i>	<i>LDLR</i> <sup>2</sup>	<i>GLA</i> <sup>3</sup>
<i>RB1</i>	<i>VHL</i>	<i>FBN1</i>	<i>OTC</i> <sup>3</sup>
<i>RET</i>	<i>WT1</i>	<i>TGFBR1</i>	<i>GAA</i> <sup>4</sup>
<i>SDHAF2</i>	<i>BRCA1</i> <sup>1</sup>	<i>TGFBR2</i>	<i>ATP7B</i> <sup>4</sup>
<i>SDHB</i>	<i>BRCA2</i> <sup>1</sup>	<i>SMAD3</i>	<i>ALDOB</i> <sup>4</sup>
<i>SDHC</i>	<i>MLH1</i> <sup>1</sup>	<i>ACTA2</i>	<i>ALDH7A1</i> <sup>4</sup>
<i>SDHD</i>	<i>MSH2</i> <sup>1</sup>	<i>KCNH2</i>	<i>ENG</i>
<i>STK11</i>	<i>MSH6</i> <sup>1</sup>	<i>KCNQ1</i>	<i>SMAD4</i>
<i>TMEM127</i>	<i>PMS2</i> <sup>1</sup>	<i>SCN5A</i>	<i>ACVRL1</i>
		<i>RYR2</i>	<i>RYR1</i>

1. Ces six gènes sont associés à un phénotype pédiatrique dans le cas d'une atteinte biallélique. Seuls les cas où 2 variants pathogéniques/probablement pathogéniques pouvant potentiellement être en trans (possibles homozygotes ou hétérozygotes composés) sont identifiés chez le cas index (l'enfant) devraient être divulgués en contexte pédiatrique. Pour PMS2, ne pas rapporter variants dans exons 11-15 car pseudogène.
2. Ces trois gènes sont associés à deux phénotypes : hypercholestérolémie familiale hétérozygote (HeFH) ou homozygote (HoFH). Pour ces trois gènes, rapporter les cas potentiels de HoFH, c.-à-d. si 2 variants pathogéniques/ probablement pathogéniques pouvant potentiellement être en trans sont identifiés (possibles homozygotes ou hétérozygotes composés). Rapporter également les délétions fréquentes de *LDLR* à l'état hétérozygote, mais pas les autres types de variants pour l'instant.
3. Les variants pathogéniques/probablement pathogéniques dans les gènes associés à des phénotypes liés à l'X (*ABCD1*, *OTC*, *GLA*) ne devraient être rapportés que chez les garçons.
4. Ces gènes sont associés à des phénotypes transmis selon le mode autosomique récessif. Ne rapporter que si 2 variants pathogéniques/probablement pathogéniques pouvant potentiellement être en trans sont identifiés.

Les gènes inclus dans la liste pédiatrique qui ne sont pas sur la liste adulte sont *RB1* et *WT1*. Les gènes présents sur la liste adulte et non retenus sur la liste pédiatrique sont *PALB2*, *EPCAM*, *PTEN*, *SDHA* et *MUTYH*. Les variants hétérozygotes dans les gènes *BRCA1*, *BRCA2*, *MLH1*, *MSH2*, *MSH6*, *PMS2*, *APOB*, *PCSK9* et *LDLR* (sauf pour les délétions hétérozygotes de *LDLR*) ne doivent pas être divulgués en contexte pédiatrique.

La divulgation des variants dans les gènes retenus demeure assujettie aux principes et recommandations énoncés précédemment pour la population adulte, notamment le principe selon lequel seules les trouvailles fortuites identifiées dans des gènes analysés doivent être divulguées. La principale distinction réside dans le fait qu'en contexte pédiatrique, la divulgation des variants est obligatoire pour les gènes figurant au tableau 2, contrairement à l'approche « opt in » adoptée chez les adultes.

Comme chez l'adulte, un variant ne doit être rapporté que s'il est présent chez le cas index. Ainsi, si un variant identifié chez un cas index pédiatrique se situe dans un gène ne faisant pas partie de la liste des gènes à divulguer, il ne doit être communiqué ni à l'enfant ni à ses parents.

Enfin, d'autres gènes pourraient être ajoutés au tableau 2 à l'avenir, en fonction des résultats de nouvelles évaluations et de l'évolution des connaissances scientifiques. Lors d'une prochaine étape de révision, il pourra notamment être envisagé d'élargir l'analyse à d'autres catégories de gènes jugés « actionnables » en contexte pédiatrique, tels que ceux associés à des conditions visées par le dépistage néonatal ou à des maladies plus spécifiquement prévalentes au Québec (par exemple certains troubles congénitaux de la glycosylation ou la cystinose).

### R5.6 Addendum 3 : Gestion de la divulgation de trouvailles fortuites en prénatal

Les recommandations du CCMG sur la divulgation de trouvailles fortuites lors de l'exome foetal sont :

*« There is currently no published information regarding the reporting of incidental or secondary findings in pregnancy, including the benefits and harms to families. We therefore do not endorse the automatic/default reporting of secondary findings for the fetus and the committee recommends that laboratories/ jurisdictions should have clear policies for the reporting of incidental findings that are shared with care providers and families.*

- *Laboratories should not purposefully analyse prenatal GWS data for diseases unrelated to the primary reason for referral (eg, secondary findings), even if the results might be medically actionable for the fetus or the parents.*
- *Incidental findings unintentionally identified that show a pathogenic or likely pathogenic variant that reveals a fetal risk for a significant Mendelian paediatric-onset condition, whether or not medically actionable, should be reported.*
- *Incidental findings unintentionally identified that show a pathogenic or likely pathogenic variant revealing a fetal susceptibility for medically actionable adult-onset diseases should not by default be reported. Should a laboratory have a policy for reporting incidental findings in medically adult-onset conditions, they should only be reported with explicit opt-in consent signed by the tested individuals.*
- *It is recommended that laboratories do not report fetal carrier status unless directly related to the primary indication for testing.*
- *Reporting of parental incidental findings should be limited to only those present in the fetus.*
- *Both laboratories and clinics should have clear policies on how non-biological relationships are conveyed and reported. »<sup>1</sup>*

Il n'y a pas à ce jour de recommandations sur les trouvailles fortuites en prénatal de l'ACMG ou de l'ESHG.

---

1. Lazier J, Hartley T, Brock JA, Caluseriu O, Chitayat D, Laberge AM, Langlois S, Lauzon J, Nelson TN, Parboosingh J, Stavropoulos DJ, Boycott K, Armour CM; Canadian College of Medical Geneticists. Clinical application of fetal genome-wide sequencing during pregnancy: position statement of the Canadian College of Medical Geneticists. *J Med Genet.* 2022 Oct;59(10):931-937. doi: 10.1136/jmedgenet-2021-107897. Epub 2021 Sep 20. PMID: 34544840; PMCID: PMC9554053.

Le groupe de travail souhaite également être cohérent avec les recommandations du groupe de travail en prénatal du RQDM. À l'issue de ses travaux, ce dernier avait conclu ce qui suit.

- Le groupe de travail appuie l'utilisation des lignes directrices du CCMG et l'esprit de la pratique qui y est suggéré quant à l'utilisation de l'exome en contexte prénatal au Québec.
- La divulgation des trouvailles fortuites correspondant à des variants pathogéniques ou probablement pathogéniques associés à une condition mendélienne à apparition foétale ou pédiatrique, de même que celles liées à un statut de porteur lorsqu'il est pertinent au regard de l'indication primaire du test, est recommandée en contexte prénatal.
- La non-divulgation des trouvailles fortuites correspondant à des variants pathogéniques ou probablement pathogéniques associés à des conditions mendéliennes à déclaration à l'âge adulte, qu'elles soient identifiées chez le fœtus ou chez l'un des parents, est également recommandée. Les informations relatives à la non-paternité et à la consanguinité ne doivent pas non plus être rapportées.

Enfin, il a été recommandé qu'un groupe de travail sur les trouvailles fortuites soit constitué par le RQDM afin d'aborder spécifiquement les conditions à déclaration adulte, à pénétrance réduite et/ou à expressivité variable. Le groupe de travail prénatal a suggéré qu'un ou plusieurs de ses membres participent à cette démarche, afin d'y intégrer les éléments propres au contexte prénatal discutés dans le cadre de ses travaux.

À titre informatif, cinq des membres du groupe de travail en prénatal sont aussi membres du groupe de travail sur les trouvailles fortuites.

Le groupe de travail a communiqué avec des équipes d'autres centres au Canada. Toutefois, la majorité de ces centres n'offrent pas directement le séquençage de panels larges ou de l'exome en contexte prénatal ; ils font plutôt appel à des laboratoires externes ou sont eux-mêmes en cours d'élaboration d'une approche en la matière.

Les membres du groupe de travail se sont dits en accord avec les recommandations du Collège canadien des généticiens médicaux (CCMG) ainsi qu'avec celles du groupe de travail prénatal du RQDM. Ils ont toutefois souligné la complexité de leur mise en œuvre, notamment la difficulté de définir de manière opérationnelle ce qui constitue une condition génétique ou mendélienne jugée suffisamment significative pour permettre une application uniforme de ces recommandations.

#### **R5.6.1 Approche de gestion des trouvailles fortuites en prénatal**

La divulgation des trouvailles fortuites en prénatal ne peut donc pas se limiter à une liste de gènes. Dans le contexte de l'élargissement à des conditions significatives, mais pas nécessairement actionnables, il n'est effectivement pas possible d'avoir une liste exhaustive. Il s'agit d'un défi de définir ce qui constitue une condition génétique significative à début prénatal/pédiatrique. Cela nécessitera le recours à un processus d'évaluation plus complexe.

Après discussion et réflexion, le groupe de travail a conclu à une approche comprenant l'élaboration de principes, une liste de gènes (non exhaustive) répondant aux critères de divulgation en prénatal permettant une première étape rapide d'évaluation par le laboratoire, et un processus d'évaluation par comité pour les trouvailles fortuites dans des gènes non inclus sur cette liste de gènes à divulgation prénatale. Cette approche pourra être révisée avec le temps et l'expérience.

## Principes

En cohérence avec les recommandations du CCMG et du groupe de travail en prénatal du RQDM, les principes suivants sont retenus :

- Pas de recherche systématique dans les gènes non reliés à l'indication primaire du test.
- Divulgarion de trouvaille fortuite (variant pathogénique ou probablement pathogénique) dans un gène associé à une condition mendélienne à apparition fœtale et/ou pédiatrique, ou d'un statut de porteur en lien avec l'indication primaire du test.
- Seules les trouvailles fortuites présentes chez le cas index devraient être divulguées (c.-à-d. ne pas rapporter une trouvaille fortuite chez un parent si absent chez le cas index).
- Ne devrait pas être rapportés : une trouvaille fortuite (variant pathogénique ou probablement pathogénique) dans un gène associé à une condition mendélienne à déclaration adulte chez le fœtus et/ou un parent, un état de porteur qui n'est pas en lien avec l'indication primaire du test, la non-paternité, et la consanguinité.
- Contrairement au CCMG, le groupe de travail propose une approche « opt in » pour les trouvailles fortuites en prénatal, afin que la personne enceinte ait le choix de recevoir ou non les trouvailles fortuites identifiées chez son fœtus. Ceci est motivé par la difficulté de prédire l'impact d'une telle trouvaille après la naissance vu la pénétrance incomplète et l'expressivité variable de plusieurs conditions, ainsi que parce que l'évaluation phénotypique du fœtus est limitée, rendant difficile l'interprétation de ces trouvailles. Dans ce contexte, il peut être justifié que la personne enceinte ne désire pas recevoir de telles trouvailles en cours de grossesse.

## Commentaires additionnels aux principes

- Le rôle du comité évaluant les trouvailles fortuites prénatales est consultatif et émet des recommandations aux laboratoires. Le médecin de laboratoire ou le professionnel qui signe le rapport détient la responsabilité médico-légale. De ce fait, il ou elle doit s'assurer de bien documenter la décision de divulguer ou non une découverte fortuite, en incluant le cas échéant l'avis du comité et son argumentaire. Néanmoins, comme le comité recevra l'ensemble des demandes des cas problématiques, une expertise à valeur ajoutée se développera au fil du temps et doit être prise en compte par le médecin de laboratoire.
- Dans les discussions du comité, la recommandation de rapporter ou non une découverte fortuite doit prendre en compte l'autonomie de la patiente enceinte à décider pour elle-même, en s'assurant qu'elle soit accompagnée par les professionnels cliniques compétents pour la conseiller.
- En ce qui concerne la liste de gènes, les principes suivants ont été établis :
  - La liste prénatale doit être cohérente avec la liste pédiatrique;
  - Les gènes à inclure doivent répondre aux critères de validité d'un gène du RQDM;
  - La liste prénatale peut se baser sur d'autres listes de gènes pertinents;
  - Dans l'évaluation du caractère significatif d'une condition génétique à déclaration prénatale/pédiatrique, il est entendu de mettre l'accent sur la sévérité et la pénétrance, tout en reconnaissant que ces caractéristiques ne sont pas toujours faciles à évaluer.

**Élaboration de la liste de gènes en contexte prénatal**

En l'absence de listes spécifiquement établies pour le contexte prénatal, le groupe de travail a identifié des listes de gènes associés à des conditions génétiques jugées cliniquement significatives en âge pédiatrique. À la suite de réflexions et de discussions, il a été proposé que les catégories de gènes suivantes soient, d'emblée, incluses dans la liste des gènes visés par la divulgation des trouvailles fortuites en contexte prénatal :

- Les gènes figurant sur la liste pédiatrique du RQDM;
- Les gènes associés à des maladies incluses dans le Programme québécois de dépistage néonatal sanguin.

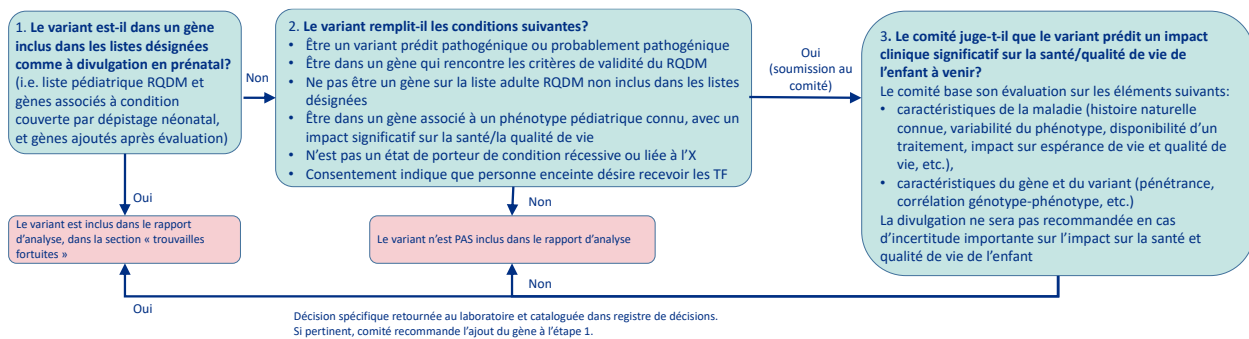
À l'inverse, les gènes figurant sur la liste adulte du RQDM et ne faisant pas partie des catégories mentionnées ci-dessus ne devraient pas faire l'objet d'une divulgation en contexte prénatal.

**R5.6.2 Processus d'évaluation d'une trouvaille fortuite en prénatal**

Dans le cadre des recommandations du CCMG, présentées précédemment, le groupe de travail a conclu qu'il n'était pas possible d'établir une liste exhaustive des trouvailles fortuites à divulguer en contexte prénatal. En conséquence, il est recommandé de mettre en place un comité de révision ainsi qu'un processus structuré permettant d'évaluer, au cas par cas, la divulgation des variants identifiés lors d'analyses génétiques réalisées en contexte prénatal.

Le comité de révision des trouvailles fortuites en contexte prénatal devrait inclure une représentation des quatre centres où sont évalués des cas d'anomalies fœtales, de même que des experts cliniques et de laboratoire, afin d'assurer une analyse rigoureuse, multidisciplinaire et cohérente des situations soumises.

Si une trouvaille fortuite est identifiée lors d'une analyse prénatale faite dans le RQDM, le groupe de travail propose le processus suivant :



1. Le laboratoire vérifie si le gène dans lequel le variant identifié est inclus dans une des listes désignées comme à divulgation en prénatal :

- Liste pédiatrique du RQDM;
- Gène associé à une condition ciblée par le Programme québécois de dépistage néonatal sanguin (PQDNS).

Si le gène est inclus dans une de ces listes, le variant est inclus dans le rapport d'analyse dans la section des trouvailles fortuites.

2. Un ou plusieurs variants, dont le caractère pathogène ou probablement pathogène est prédit, sont identifiés chez le cas index dans un gène non relié à l'indication primaire du test, et répondent aux critères suivants :

- le gène satisfait aux critères de validité établis par le RQDM;
- le gène est associé à une condition génétique à début prénatal ou pédiatrique;
- le consentement indique que le parent souhaite être informé des trouvailles fortuites;
- le variant ne correspond pas à un état de porteur pour une condition récessive ou liée au chromosome X.

3. Si le gène n'est pas inclus dans une des listes au point 2, le laboratoire peut soumettre ce variant au comité de révision, à condition que les critères suivants soient respectés :

- Le gène ne figure pas sur la liste adulte du RQDM;
- Le gène est associé à un phénotype pédiatrique connu entraînant un impact significatif sur la santé ou la qualité de vie.

Lors de la soumission, le laboratoire doit inclure :

- L'identification du gène concerné et la description précise du variant, selon une nomenclature reconnue;
- L'ensemble des analyses déjà réalisées, telles que les analyses *in silico* et les données de fréquence populationnelle issues de bases de données de référence comme gnomAD;
- Le statut d'hérabilité du variant, qu'il soit hérité ou survenu *de novo*;
- Les informations cliniques disponibles, notamment l'indication de l'analyse génétique et les antécédents familiaux pertinents.

4. Si le variant satisfait aux critères justifiant son évaluation, le comité procède à l'analyse du dossier et communique sa recommandation au laboratoire dans un délai maximal de deux semaines, habituellement dans un délai inférieur à une semaine.
  - Les éléments pris en compte par le comité reposent notamment sur :
    - des caractéristiques liées à la maladie (histoire naturelle connue, variabilité du phénotype, disponibilité d'un traitement, impact sur espérance de vie et qualité de vie, etc.);
    - des caractéristiques liées au gène et au variant (pénétrance, corrélation génotype-phénotype, etc.).
  - La divulgation d'un variant ne sera pas recommandée en présence d'une incertitude importante quant à son impact sur la santé et la qualité de vie de l'enfant à naître.
  - La recommandation spécifique formulée par le comité est transmise au laboratoire demandeur et consignée dans un registre de décisions. Le RQDM, par l'entremise du comité sur les trouvailles fortuites ou par tout autre mécanisme approprié, maintient un registre des cas soumis et discutés afin d'assurer une cohérence des décisions entre les centres et dans le temps.
  - Lorsque cela est jugé pertinent, une recommandation de portée générale est diffusée à l'ensemble des laboratoires et, le cas échéant, le gène concerné est ajouté aux listes prévues à l'étape 2.

La composition du comité de révision des trouvailles fortuites devrait être la suivante :

- Représentation des centres où sont évalués des cas d'anomalies fœtales :
  - CHU Sainte-Justine,
  - CHUS,
  - CUSM,
  - CHUL;
- Représentations de diverses expertises :
  - Médecins et PhD des laboratoires,
  - Médecins généticiens cliniciens,
  - Conseillers en génétique,

L'ensemble de ce processus devra être révisé et mis à jour régulièrement (au minimum aux deux ans).

**R6 Orientations concernant les principes et critères encadrant le recours au séquençage pangénomique en trio « parents-enfant » en génétique constitutionnelle réalisé dans le cadre des activités en génétique du RQDM**

En phase avec son mandat visant à soutenir les travaux du RQDM, l'Institut national d'excellence en santé et en services sociaux (INESSS) a produit un état des connaissances résumant les meilleures pratiques ainsi que les principaux principes et critères permettant de guider la décision de réaliser des analyses pangénomiques en trio parents-enfant. Dans son état des connaissances, l'INESSS souligne que :

- Selon la littérature de synthèse et les principales sociétés savantes consultées, l'analyse pangénomique en trio parents-enfant est généralement recommandée dans le contexte d'une maladie génétique rare non spécifique, sans antécédents familiaux pour le phénotype observé ou fréquemment causé par des variants *de novo*, et pour laquelle de nombreux gènes sont potentiellement responsables.
- Dans ce contexte, l'analyse en trio est jugée supérieure à l'analyse en solo parce qu'elle réduit le nombre de résultats incertains et de variants qui doivent être examinés, notamment en excluant les variants familiaux probablement bénins. Ceci favorise le retour des résultats dans un délai cliniquement utile; ce qui est particulièrement important pour les conditions urgentes (p. ex. grossesse en cours, soins intensifs néonataux ou pédiatriques).
- L'analyse en trio augmente la fiabilité de l'appel des variants et permet le phasage immédiat des variants d'intérêt et la détermination du statut de porteur des parents.
- L'analyse en trio parents-enfant permettrait également d'augmenter le rendement diagnostique selon certaines études, notamment dans les populations enrichies d'individus avec atteintes neurologiques ou neurodéveloppementales, de syndromes dysmorphiques non spécifiques ou non isolés (complexes), des atteintes multisystémiques et dans le contexte des conditions néonatales urgentes suspectées d'origine génétique. L'augmentation du rendement diagnostique des analyses en trio serait principalement due à leur capacité à détecter les variants *de novo* et les variants hétérozygotes composés.
- L'analyse en trio est plus coûteuse que l'analyse en solo. Cependant, bien que la généralisation et la transférabilité des résultats au contexte québécois soient incertaines, les études économiques répertoriées suggèrent que le séquençage pangénomique en trio, utilisé en 1<sup>re</sup> ou en 2<sup>e</sup> intention, serait globalement plus efficace que l'analyse en solo dans les contextes évalués suivant :
  - Déficience intellectuelle et retard inexplicable du développement;
  - Encéphalopathies épileptogènes;
  - Autres troubles neurologiques suspectés d'origine génétique;
  - Maladies mitochondriales (analyse des gènes nucléaires);
  - Anomalies congénitales multiples;
  - Maladies rares non diagnostiquées chez l'enfant.
- L'analyse en trio peut toutefois augmenter la charge associée au consentement, au conseil génétique, au stockage des données de séquençage et peut occasionner des retards associés à l'obtention des échantillons parentaux.
- Il existe également un risque potentiellement accru de découvertes secondaires ou fortuites chez les parents ainsi qu'un risque de révéler une non-paternité ou une consanguinité non divulguée.

**Recommandation du Comité stratégique ministériel du RQDM et positionnement du MSSS :**

Le Comité stratégique ministériel du RQDM, avec l'appui de son comité de coordination en génétique, a examiné les avantages et les enjeux associés à la réalisation de séquençages en trio par les laboratoires du RQDM, de même que les aspects liés à la gestion du changement qui en découle. À la suite de ces discussions, le Comité stratégique ministériel du RQDM a formulé plusieurs recommandations à l'intention du ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS). Le MSSS a entériné ces recommandations et les officialise dans le présent document.

À cet égard, le MSSS souhaite harmoniser l'offre de services au Québec concernant l'approche analytique en trio parents-enfant, en comparaison avec l'approche en solo, dans le cadre du séquençage pangénomique utilisé pour le diagnostic moléculaire des maladies génétiques rares. Il souhaite également soutenir les prescripteurs au moyen de recommandations visant à harmoniser les pratiques, l'information rapportée ainsi que les soins et services offerts aux patients.

**Contextes cliniques pour lesquels l'analyse pangénomique en trio parents-enfant devrait être considérée :**

- Conditions fortement hétérogènes pour lesquelles le séquençage pangénomique est généralement recommandé (p. ex. retard de développement, déficience intellectuelle, atteinte multisystémique, anomalies congénitales multiples);
- Enfants (< 18 ans) atteints d'une maladie rare;
- Adultes (> 18 ans) atteints d'une maladie rare sporadique (sans antécédents familiaux);
- Maladies génétiques rares non diagnostiquées et sans antécédents familiaux pour ce phénotype;
- Désordres fréquemment causés par des variants *de novo* ou suspicion d'un variant *de novo*;
- Situations cliniques qui demandent un retour rapide des résultats, comme le contexte prénatal et de soins intensifs.

Dans le contexte où les deux parents ne seraient pas disponibles, l'analyse en duo ou en solo devrait être offerte.

**Contextes cliniques pour lesquels d'autres approches analytiques sont à privilégier :**

Il est à noter qu'il existe certains contextes cliniques dans lesquels l'analyse du cas index réalisée en solo, en duo ou en association avec un ou plusieurs membres affectés d'une même famille est jugée préférable à une analyse en trio, selon les recommandations de certaines sociétés savantes, notamment dans les situations suivantes :

- Consanguinité (l'analyse combinant les individus atteints est préférable, lorsque possible);
- Condition clairement liée à l'X (l'analyse en solo avec filtrage des variants liés à l'X est préférable);
- Conditions héréditaires autosomiques récessives ou dominantes (l'analyse de plusieurs membres affectés, lorsque disponibles, a une valeur ajoutée par rapport au trio).

Dans ces circonstances, on devrait considérer une analyse pangénomique de la personne affectée (proband) seule ou simultanément avec d'autres membres de la famille, affectés ou non affectés. Cette option devrait être intégrée aux algorithmes cliniques et une discussion devrait avoir lieu avec le laboratoire clinique ou le généticien médical afin de confirmer la pertinence, le cas échéant.

**Divulgence des résultats parentaux dans le rapport du proband :**

Pour les analyses de séquençage en trio parents-enfant ou qui impliquent plusieurs membres de la famille, il est généralement recommandé de :

- Rechercher uniquement les variants pathogènes dans les gènes associés au phénotype du proband;
- Spécifier comment les données des parents ou des membres de la famille seront utilisées;
- Spécifier l'origine parentale des variations ou le caractère *de novo* sur le rapport, lorsque pertinent cliniquement;
- Produire des rapports individuels présentant les résultats des analyses réalisées chez les parents lorsqu'il existe une pertinence clinique ou un impact sur la prise en charge de la famille, et lorsque le consentement préalable a été obtenu à cet effet. À titre d'exemple, rapporter le statut de porteur des parents lorsque le test effectué chez l'enfant établit le diagnostic d'une condition autosomique récessive.



26-922-03W