



COVID-19
IMMUNITY
TASK FORCE

GROUPE DE TRAVAIL
SUR L'IMMUNITÉ
FACE À LA COVID-19

ÉLÉMENTS DE DONNÉES ESSENTIELS

pour la production de rapports sur
l'immunité cellulaire

Résultats de dosage
(ELISpot et cytométrie en flux)

Guide de l'utilisateur

OBJECTIF DU GUIDE

INTRODUCTION

Le présent guide a été créé par le Groupe de travail sur l'immunité face à la COVID-19 (GTIC), dans le but de faciliter l'utilisation des éléments de données essentiels pour la présentation des résultats du dosage servant à mesurer l'immunité à médiation cellulaire et le transfert de données.

Il est nécessaire de définir et de formuler les éléments de données essentiels de façon normalisée pour faciliter la saisie électronique et l'harmonisation des données. Le GTIC et ses sous-groupes de travail Recherche in situ et Immunologie ont donc élaboré une liste normalisée d'éléments de données essentiels servant à évaluer l'immunité contre la COVID-19.

Le document Excel qui accompagne ce guide (LIEN) contient la liste des champs utilisés par la plupart des équipes de recherche pour permettre une analyse normalisée, sous la forme d'un dictionnaire de données. Il contient aussi les modèles d'ensembles de données relatifs aux corrélats immunologiques se rapportant à la sérologie et à l'immunité à médiation cellulaire (données obtenues à l'aide d'ELISPOT ou de la cytométrie en flux).
LIEN : [Exemple de guide sur les éléments de données essentiels.](#)

DISTRIBUTION ET RÉVISION

Version 1.2
23 mars 2022

Rédaction : Mariana Bego
Mise à jour : Jaspreet Jain, Varun Anipindi et Hanna Swail
Révision et approbation :

TABLE DES MATIÈRES

	Page
1. Description des éléments de données	4
<u>Dosage ELISpot :</u>	4
1.1. Description de chaque ligne	4
1.2. Modes de présentation des données	6
<u>Dosage par cytométrie en flux :</u>	7
1.3. Description de chaque ligne	7
1.4. Modes de présentation des données	11
2. Termes à privilégier	12
2.1. Codes SCT à privilégier	12
2.2. Nomenclature d'antigènes à privilégier	13

Section 1 – Description des éléments de données

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- **ELISpot**
- **Cytométrie
en flux**

2. Termes à privilegier

Un seul ID?

Dans le cadre d'un projet donné, il est possible que le chercheur ne connaisse que l'ID du participant ou l'ID du spécimen.

Dans un tel cas, laissez le champ inconnu vide.

Tableaux de couplage de données : Quelles que soient les données saisies ici, il est recommandé que le chercheur principal produise un tableau qui indique combien de prélèvements ont été effectués avec chaque participant et la date des prélèvements, et qui établit la correspondance avec l'ID du participant, l'ID du participant et la date de prélèvement du spécimen (lignes 5 à 7).

Voici les types de données pouvant être saisies :

- Texte libre (chaîne alphanumérique sans contrainte)
- Catégoriel (liste restreinte de termes à sélectionner)
- Numérique (chaîne numérique sans contrainte)
- Date (AAAA[MM[JJ]])

Pour créer une liste catégorielle, utilisez les codes SCT fournis dans le tableau 1 – CUI (*Concept Unique Identifiers*, ou « identifiants de concept unique ») à la section suivante.

ELISpot

1.1. Description de chaque ligne

Chaque ligne porte un numéro et une étiquette. Ceux-ci désignent un champ ou une variable de l'ensemble de données à transmettre au GTIC. Voir la description de chaque ligne ci-dessous.

Ligne 1 : ID du projet

Identifiant unique attribué à chaque projet et associé aux documents sur le financement. Voir la liste complète des ID de projets à l'annexe 1.

Ligne 2 : Nom du laboratoire / de l'établissement

Nom du laboratoire ou de l'établissement qui a effectué le dosage, par exemple : Laboratoire Decaluwe / UdeM.

Ligne 3 : Code postal du laboratoire / de l'établissement

Code postal du laboratoire ou de l'établissement qui a effectué le dosage, par exemple : H3T 1C5.

Ligne 4 : Source du spécimen

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- *Sang total (258580003)*
- *PBMC (404798000)*
 - *Frais*
 - *Congelé*

Ligne 5 : ID du participant

L'identifiant de chaque participant doit être une valeur unique, qui sert aussi à identifier le participant dans les autres tableaux d'éléments de données essentiels. Il est recommandé, sans être obligatoire, de respecter le format HL7 pour la nomenclature. Pour en savoir plus sur le format HL7 : <https://www.hl7.org/implement/standards/>

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- **ELISpot**
- **Cytométrie en flux**

2. Termes à privilégier

Il est possible d'ajouter des détails sur les spécimens qui ne passent pas le contrôle de qualité à la ligne 9, « Commentaires ».

Blocs de lignes :

Les lignes 10 à 18 peuvent être répétées plusieurs fois pour permettre la saisie de données sur des dosages séquentiels multiples et les analyses de conformation multiplex.

Voir la page suivante pour en savoir plus.

Ligne 6 : ID du spécimen

Il est possible qu'un même participant fournisse plusieurs échantillons. Par exemple, dans le cadre d'une étude longitudinale, on effectue des prélèvements à différents moments. Chaque spécimen prélevé doit avoir son propre numéro d'identification (ID), qui peut être créé en suivant la norme HL7. Souvent, le code à barres apposé sur le tube de prélèvement correspond à l'ID du spécimen, qui est de type numérique (chaîne numérique sans contrainte).

Ligne 7 : Date de prélèvement du spécimen

Date de prélèvement de l'échantillon, au format AAAA[MM[JJ]].

Ligne 8 : Description générale

Évaluation descriptive globale des résultats individuels du dosage. Choisir un code SCT parmi les suivants :

- *Positif (10828004)*
- *Négatif (260385009)*
- *Peu probant (419984006)*

Ligne 9 : Commentaires

Espace pour des codes d'erreur ou des notes supplémentaires non prévues aux autres lignes (par exemple, ID du lot de tests). Pour inclure des codes d'erreur dans les rapports, consulter la liste des CUI à la section suivante.

Ligne 10 : ID du dosage de GTIC

Il est possible de demander au GTIC le numéro unique attribué aux différents établissements pour chaque dosage. Un protocole s'appliquant au dosage peut être associé à ce numéro. La liste des ID de dosage de GTIC est accessible ici. Si votre dosage ne figure pas sur la liste, adressez-vous au Secrétariat du GTIC (agent de liaison des projets), en ayant en main les détails concernant le dosage.

Ligne 11 : Date du dosage

Date à laquelle le test a été effectué, au format AAAA[MM[JJ]].

Ligne 12 : Nombre de cellules

Nombre de cellules utilisées pour le dosage exprimé en millions, p. ex. 1E+6 cellules.

Ligne 13 : Cytokine analysée

Pour favoriser l'harmonisation des rapports et faciliter l'analyse de données, si vous produisez des données sur plusieurs cytokines, nous recommandons de respecter l'ordre indiqué ici. 1 = IFN- γ , 2 : IL-2, 3 : TNF, etc. (Si d'autres cytokines sont analysées, continuer en suivant le même modèle.)

Ligne 14 : Peptide utilisé

Indiquer le nom du fabricant (ou « fabrication maison ») et utilisez la nomenclature d'antigènes à privilégier, fournie au tableau 2 (page 12).

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Ligne 15 : Résultat

Valeur numérique du résultat obtenu pour cet échantillon avec ce dosage. Indiquer s'il s'agit de SFU (*Spot forming units*, ou « unités formant des points ») / 1 M cellules / PBMC (selon le type de spécimen utilisé avec le dosage)

Ligne 16 : Limite

Valeur au-dessus de laquelle le résultat est considéré comme positif.

Ligne 17 : Maximum

Nombre mesurable le plus élevé pour des données semi-quantitatives ou valeur supérieure de la courbe standard pour des données quantitatives.

Ligne 18 : Description du résultat

Description catégorielle de la valeur numérique du résultat obtenu pour une cytokine ou un peptide avec le dosage. Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Positif (10828004)
- Négatif (260385009)
- Peu probant (419984006)
- Faiblement positif (60408008)
- Quasi élevé (442777001)
- Quasi faible (442779003)

Ligne 19 : Contrôle de qualité passé?

Indiquer le résultat du contrôle de qualité interne. Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Oui (373066001)
- Non (373067005)

1.2. Modes de présentation ou structure des données

Pour présenter les résultats d'un dosage simple (ex. : un seul peptide, ELISpot TNF), il suffit d'utiliser les champs des lignes 1 à 18, sans tenir compte du reste.

Pour présenter les résultats de dosages plus complexes (ex. : plusieurs peptides pour une cytokine ou plusieurs cytokines pour un peptide), utilisez autant de blocs de lignes (10 à 19) que nécessaire. L'ensemble de données peut être présenté au format large ou long. Il est à noter que si vous utilisez le format long, les lignes « ID du dosage de GTIC », « Date du dosage » et « Contrôle de qualité passé? » doivent être répétées.

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Un seul ID?

Dans le cadre de certains projets, il est possible que le chercheur ne connaisse que l'ID du participant ou l'ID du spécimen.

Dans un tel cas, laissez le champ inconnu vide.

Tableaux de couplage de données :

Quelles que soient les données saisies ici, il est recommandé que le chercheur principal produise un tableau qui indique combien de prélèvements ont été effectués avec chaque participant et la date des prélèvements, et qui établit la correspondance avec l'ID du participant, l'ID du participant et la date de prélèvement du spécimen (lignes 5 à 7).

Dosage par cytométrie en flux

1.3. Description de chaque ligne

Chaque ligne porte un numéro et une étiquette Voir la description de chaque ligne ci-dessous.

Ligne 1 : ID du projet

Identifiant unique attribué à chaque projet et associé aux documents sur le financement. Voir la liste complète des ID de projets à l'annexe 1.

Ligne 2 : Nom du laboratoire / de l'établissement

Nom du laboratoire ou de l'établissement qui a effectué le dosage, par exemple : Laboratoire Decaluwe / UdeM.

Ligne 3 : Code postal du laboratoire / de l'établissement

Code postal du laboratoire ou de l'établissement qui a effectué le dosage, par exemple : H3T 1C5.

Ligne 4 : Source du spécimen

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Sang total (258580003)
- PBMC (404798000)
 - Frais
 - Congelé

Ligne 5 : ID du participant

L'identifiant de chaque participant doit être une valeur unique, qui sert aussi à identifier le participant dans les autres tableaux d'éléments de données essentiels. Il est recommandé, sans être obligatoire, de respecter le format HL7 pour la nomenclature. Pour en savoir plus sur le format HL7 : <https://www.hl7.org/implementation/standards/>

Ligne 6 : ID du spécimen

Il est possible qu'un même participant fournisse plusieurs échantillons. Par exemple, dans le cadre d'une étude longitudinale, on effectue des prélèvements à différents moments. Chaque spécimen prélevé doit avoir son propre numéro d'identification (ID), qui peut être créé en suivant la norme HL7. Souvent, le code à barres apposé sur le tube de prélèvement correspond à l'ID du spécimen.

Ligne 7 : Date de prélèvement du spécimen

Date de prélèvement de l'échantillon, au format AAAA[MM[JJ]].

Ligne 8 : ID du dosage de GTIC

Il est possible de demander au GTIC le numéro unique attribué aux différents établissements pour chaque dosage. Un protocole s'appliquant au dosage peut être associé à ce numéro. La liste des ID de dosage de GTIC est accessible ici. Si votre dosage ne figure pas sur la liste, adressez-vous au Secrétariat du GTIC (agent de liaison des projets), en ayant en main les détails concernant le dosage.

Ligne 9 : Date du dosage

Date à laquelle le test a été effectué, au format AAAA[MM[JJ]].

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Il est possible d'ajouter des détails sur les spécimens qui ne passent pas le contrôle de qualité IFN- γ la ligne 13, « Commentaires ».

Blocs de lignes :

Les lignes 19 à 21 peuvent être répétées plusieurs fois pour permettre la saisie de données sur plusieurs cytokines intracellulaires – au maximum 3 – en suivant l'ordre recommandé ici.
1 : IFN- γ , 2 : IL-2, 3 : TNF.

Ligne 10 : Stimuli (peptide utilisé, ou aucun stimulus)

Indiquer le nom du fabricant (ou « fabrication maison ») et utilisez la nomenclature d'antigènes à privilégier, fournie au tableau 2 (page 12).

Ligne 11 : Description générale

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Positif (10828004)
- Négatif (260385009)
- Peu probant (419984006)

Ligne 12 : Contrôle de qualité passé?

Indiquer le résultat du contrôle de qualité interne. Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Oui (373066001)
- Non (373067005)

Ligne 13 : Commentaires

Espace pour des codes d'erreur ou des notes supplémentaires non prévues aux autres lignes (par exemple, ID du lot de tests). Pour inclure des codes d'erreur dans les rapports, consulter la liste des CUI à la section suivante.

Résultats essentiels (lignes 14 à 17)

Ligne 14 : Nombre total de cellules

Indiquer le nombre total de cellules (ou événements) de la « porte vivante », ou *live gate*, (en millions).

Ligne 15 : % de CD3+

Indiquer le pourcentage de cellules de la « porte vivante », ou *live gate*, qui sont CD3+.

Ligne 16 : % de CD3+/CD4+

Indiquer le pourcentage de cellules de la « porte » CD3+ qui sont CD4+.

Ligne 17 : % de CD3+/CD8+

Indiquer le pourcentage de cellules de la « porte » CD3+ qui sont CD8+.

Blocs sur la coloration intracellulaire (ICS, ou *Intracellular staining*) (lignes 18 à 27)

Ligne 18 : Dosage ICS?

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Non (373067005)
- Oui (373066001) – Si la réponse est oui, remplir les lignes 19 à 21 autant de fois que nécessaire.

Ligne 19 : Cytokine analysée

Pour favoriser l'harmonisation des rapports et faciliter l'analyse de données, si vous produisez des données sur plusieurs cytokines, nous recommandons de respecter l'ordre indiqué ici. 1 = IFN- γ , 2 : IL-2, 3 : TNF, 4 et + : indiquer les noms dans le tableau.

Ligne 20 : % de CD3+/CD4+

Indiquer le pourcentage de cellules des « portes » CD3+/CD4+ qui sont positives à cette cytokine.

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Puisque les résultats varient beaucoup d'une étude à l'autre et que le potentiel d'harmonisation est donc faible, les données sur le dosage AIM (*Activation induced markers*, « marqueurs d'activation ») des différentes études ne seront pas harmonisées. Cependant, il est toujours recommandé de suivre le format indiqué.

Si ce formulaire est utilisé pour saisir les éléments de données essentiels :

AIM sans phénotypes mémoire :

Indiquer Oui à la ligne 28, Non à la ligne 29, laisser la ligne 30 vide (population de cellules mémoire) et remplir seulement les lignes 31 à 34.

Blocs de lignes :

Les lignes 30 à 34 peuvent être répétées 4 fois pour les quatre différentes populations de cellules mémoire.

Ligne 21 : % de CD3+/CD8+

Indiquer le pourcentage de cellules des « portes » CD3+/CD8+ qui sont positives à cette cytokine.

Lignes 22 à 27 :

Répéter les lignes 19 à 21 autant que nécessaire selon le nombre de cytokines.

Blocs sur le dosage AIM et les phénotypes mémoire (lignes 28 et suivantes)

Ligne 28 : Dosage AIM?

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Non (373067005)
- Oui (373066001) – Si la réponse est oui, remplir les lignes 30 et suivantes au besoin.

Ligne 29 : Phénotype mémoire?

Choisir un code SCT parmi les suivants :

- Non (373067005)
- Oui (373066001) – Si la réponse est oui, remplir les lignes 30 et suivantes au besoin.

Deux options sont suggérées pour la présentation des résultats : Le style 1 (activation des différents sous-ensembles de cellules mémoire) ou le style 2 (phénotype mémoire des cellules activées). Dans les deux cas, les portes s'appliquent d'abord aux cellules CD3+ et ensuite aux cellules CD4+ ou CD8+.

- Si vous utilisez le style 1, il faut ensuite délimiter les cellules (par des « portes ») à l'aide de marqueurs de mémoire (CCR7 et CD45RA), en définissant la population de cellules mémoire mentionnée à la ligne 30 ci-dessous. Enfin, on extrait le pourcentage de cellules activées dans chaque population (à l'aide des marqueurs d'activation des populations de cellules CD4+ ou CD8+, comme CD134+/CD137+ ou CD69+/CD137+, respectivement).

Résultats, style 1 – Activation de différents sous-ensembles de cellules mémoire (lignes 30 à 49). Répéter les blocs au besoin (jusqu'à un maximum de 4).

Ligne 30 : Population de cellules mémoire

Saisir le nom des marqueurs ou de la population pour chacune des 4 populations de cellules mémoire : **Naïve** (Tn) (CCR7+/CD45RA+), **Effecteur mémoire** (Tem) (CCR7-/CD45RA-), **Effecteur mémoire CD45RA+** (Temra) (CCR7-/CD45RA+), ou **Mémoire centrale** (Tcm) (CCR7+/CD45RA-).

Ligne 31 : Marqueurs d'activation pour CD3+/CD4+

Indiquer les marqueurs d'activation utilisés pour les cellules CD3+ et CD4+, par exemple : CD134+/CD137+.

Ligne 32 : % de cellules

Indiquer le pourcentage de cellules activées pour chaque population de cellules mémoire (cellules des portes CD3+/CD4+ qui avaient ce phénotype mémoire particulier de la ligne 30 et le marqueur d'activation de la ligne 31).

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Blocs de lignes :

Les lignes 50 à 55 peuvent être répétées 4 fois pour les quatre différentes populations de cellules mémoire.

- **Ligne 33 : Marqueurs d'activation pour CD3+/CD8+**
- Indiquer les marqueurs d'activation utilisés pour les cellules CD3+ et CD8+, par exemple : CD69+/CD137+.
- **Ligne 34 : % de cellules**
- Indiquer le pourcentage de cellules activées pour chaque population de cellules mémoire (cellules des portes CD3+/CD8+ qui avaient ce phénotype mémoire particulier de la ligne 30 et le marqueur d'activation de la ligne 33).
- *Si vous utilisez le style 2, il faut ensuite délimiter les cellules (par des « portes ») à l'aide de marqueurs d'activation (par exemple, CD134+/CD137+ pour les cellules CD4+ et CD69+/CD137+ pour les cellules CD8+). Enfin, on note le pourcentage des différents sous-types de cellules mémoire parmi les cellules activées à l'aide de marqueurs de mémoire (CCR7 et CD45RA), en définissant la population de cellules mémoire mentionnée à la ligne 51.*

Résultats, style 2 – Phénotype mémoire des cellules activées (lignes 50 à 73). Répéter les blocs au besoin (jusqu'à un maximum de 4).

Ligne 50 : Marqueurs d'activation pour CD3+/CD4+

Indiquer les marqueurs utilisés pour les cellules CD3+ et CD4+, par exemple : CD134+/CD137+.

Ligne 51 : Population de cellules mémoire

Saisir le nom des marqueurs ou de la population pour chacune des 4 populations de cellules mémoire : **Naïve** (Tn) (CCR7+/CD45RA+), **Effecteur mémoire** (Tem) (CCR7-/CD45RA-), **Effecteur mémoire CD45RA+** (Temra) (CCR7-/CD45RA+) ou **Mémoire centrale** (Tcm) (CCR7+/CD45RA-).

Ligne 52 : % de cellules

Indiquer le pourcentage de cellules activées pour chaque population de cellules mémoire (cellules des portes activement CD3+/CD4+ qui avaient ce phénotype mémoire particulier). La somme des quatre phénotypes ou des blocs devrait être 100 %.

Ligne 53 : Marqueurs d'activation pour CD3+/CD8+

Indiquer les marqueurs utilisés pour les cellules CD3+ et CD8+, par exemple : CD69+/CD137+

Ligne 54 : Population de cellules mémoire

Saisir le nom des marqueurs ou de la population pour chacune des 4 populations de cellules mémoire de la ligne 51.

Ligne 55 : % de cellules

Indiquer le pourcentage de cellules activées pour chaque population de cellules mémoire (cellules des portes activement CD3+/CD8+ qui avaient ce phénotype mémoire particulier). La somme des quatre phénotypes ou des blocs devrait être 100 %.

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Blocs de lignes :

Les lignes 50 à 55 peuvent être répétées 4 fois pour les quatre différentes populations de cellules mémoire.

1.4. Modes de présentation des données

Les chercheurs peuvent choisir entre différents modes de présentation des données : l'un est très simple (seulement le pourcentage de cellules CD4+ et CD8+, en remplissant le formulaire jusqu'à la ligne 17) et peut comprendre la coloration intracellulaire (lignes 18 à 27) et les marqueurs d'activation sans phénotypes mémoire (lignes 28 à 34).

Si les chercheurs choisissent d'ajouter les phénotypes mémoire, en fonction des méthodes de délimitation (portes) et des styles proposés, ils peuvent ajouter les champs (format large) ou les blocs de lignes (format long) qui correspondent aux lignes 30 à 49 ou 50 à 73.

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

Que signifie l'acronyme SCT?

Le **S** signifie SNOMED, ou *Systematized Nomenclature of Medicine* (« nomenclature médicale systématisée »)

et **CT** signifie *Clinical Terms* (« termes cliniques »)

Section 2 – Termes à privilégier

Pour créer une liste catégorielle, utilisez les codes SCT fournis dans le tableau 1 – CUI (*Concept Unique Identifiers*, ou « identifiants de concept unique ») à la section suivante. Le CUI est un code numérique unique attribué à chaque concept en fonction des codes SCT. Pour décrire l'antigène utilisé pour votre dosage, utilisez autant que possible les termes définis au tableau 2.

2.1. Codes SCT à privilégier

S'il vous est impossible d'utiliser le code SCT fourni, remplacez-le par le texte du tableau ci-dessous. Si c'est impossible, veuillez fournir avec vos données un seul fichier plat faisant la correspondance entre la terminologie utilisée et les codes ci-dessous.

Tableau 1 – CUI pour les listes catégorielles.

Ligne	Étiquette	Contenu	Code SCT
4	Source du spécimen	Sang total	258580003
		PBMC (frais/congelé)	404798000
8	Description générale	Positif	10828004
14	Description du résultat	Négatif	260385009
		Peu probant	419984006
15	Contrôle de qualité passé?	Oui	373066001
		Non	373067005
<i>* Si la réponse est non, il est possible d'ajouter des détails à la ligne 9, « Commentaires » (voir ci-dessous).</i>			
9	Commentaires	Faiblement positif	60408008
		Quasi élevé	442777001
		Quasi faible	442779003
		Détails sur l'échec du contrôle de qualité :	
		Spécimen insatisfaisant pour l'évaluation	125154007
		Échantillon insuffisant	281268007
		Échantillon contaminé	123840003
		Échantillon décomposé	733480003
		Échantillon inadéquat pour ce dosage	281273001
		Stockage inadéquat de l'échantillon	712743008

Plan des sections :

1. Description des éléments de données

- ELISpot
- Cytométrie en flux

2. Termes à privilégier

2.2. Nomenclature d'antigènes à privilégier

Pour favoriser l'harmonisation des rapports et faciliter l'analyse de données, il est recommandé d'utiliser la nomenclature ci-dessous pour désigner les antigènes utilisés dans votre dosage. Ces noms sont aussi indiqués dans le tableau « Dosages de GTIC ». Lorsqu'un nouveau dosage pour un nouvel antigène est ajouté à la liste, (voir l'annexe, qui mène à la liste des dosages), le nouvel antigène est ajouté à cette liste.

Si c'est impossible, veuillez fournir avec vos données un seul fichier plat faisant la correspondance entre la terminologie utilisée et les codes ci-dessous.

Tableau 2 – Nomenclature d'antigènes à privilégier. Aussi dans l'ID du dosage de GTIC.

Nomenclature	Fabricant	Virus	Antigène
JPT-SARS-CoV-2-Full	JPT	SRAS-CoV-2	Virus entier
MLTBIO-SARS-CoV-2-S	JPT	SRAS-CoV-2	Spicule
JPT-SARS-CoV-2-S1	JPT	SRAS-CoV-2	S1
JPT-SARS-CoV-2-S1_NTD	JPT	SRAS-CoV-2	S1 NTD
JPT-SARS-CoV-2-S1_RBD	JPT	SRAS-CoV-2	S1 RBD
JPT-SARS-CoV-2-S1/S2	JPT	SRAS-CoV-2	S1/S2
JPT-SARS-CoV-2-S2	JPT	SRAS-CoV-2	S2
JPT-SARS-CoV-2-N	JPT	SRAS-CoV-2	Nucléocapside
MLTBIO-SARS-CoV-2-Full	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	Virus entier
MLTBIO-SARS-CoV-2-S	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	Spicule
MLTBIO-SARS-CoV-2-S1	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	S1
MLTBIO-SARS-CoV-2-S1_NTD	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	S1 NTD
MLTBIO-SARS-CoV-2-S1_RBD	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	S1 RBD
MLTBIO-SARS-CoV-2-S1/S2	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	S1/S2
MLTBIO--SARS-CoV-2-S2	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	S2
MLTBIO-SARS-CoV-2-N	Miltenyi Biotec	SRAS-CoV-2	Nucléocapside

Nomenclature des variants pour lesquels un dosage existe – JPT ou Miltenyi.

Plan des sections :

- 1. Description des éléments de données**
- 2. Termes à privilégier**
- 3. Dosages de GTIC**

Annexe 1

Section 3 – Dosages de GTIC

L'onglet Dosages de GTIC du document Excel contient tous les renseignements sur les différents dosages. Cette liste comprend autant des systèmes de dosage du commerce que des systèmes de fabrication maison.

Le catalogue des dosages du GTIC contient les codes pour de nombreux éléments de données : Anticorps et antigène analysé (avec le lot s'il est disponible), unités de dosage, identifiant de l'appareil ou de l'équipement, codes de tests LOINC, code SCT de la description du test et code SCT de la source du spécimen. Si des protocoles de dosage sont disponibles, des liens sont fournis vers ceux-ci.

Un nom et un numéro uniques sont attribués à chaque dosage. Les dosages ayant le même nom mais un numéro différent peuvent différer, par exemple, sur le plan de l'équipement, des protocoles ou des lots de réactifs.