

<b>Information / Contact</b> Dr. Philip Jermann / Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Basel, Schweiz Tel. +41 61 265 27 57 / molpath@usb.ch	<b>Adresse d'envoi:</b> Institut de Génétique Médicale et Pathologie Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Bâle
<b>Nom/prénom du patient</b> _____ <b>Date de naissance</b> _____ <b>Sexe</b> <input type="checkbox"/> H <input type="checkbox"/> F <b>Adresse</b> _____ <b>Code postal</b> _____ <b>Lieu</b> _____ <b>No. d'échantillon externe</b> _____ <b>Type de cancer:</b> _____ <b>Matériel:</b> <input type="checkbox"/> paraffine / <input type="checkbox"/> sang / <input type="checkbox"/> natif / <input type="checkbox"/> cytologie / <input type="checkbox"/> SurePath	<div style="background-color: #cccccc; padding: 10px; border: 1px solid #ccc; font-size: 2em; font-weight: bold;">Numéro interne</div> _____ <b>Date</b> _____
<b>Prescripteur</b> _____	
<b>facturer à</b> _____	
<b>Copie des résultats à</b> _____ <input type="checkbox"/> Patient <input type="checkbox"/> Prescripteur	

**NGS/Séquençage à haut débit** Gènes/Exones: <http://pathologie.unispital-basel.ch>

**Poumon** (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 + autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor Panel\*)  
**Sans mutation:**  Réarrangements + MET Ex 14 Skip. (Archer™ Fusion ou Prec.Assay GX\* pour ALK, ROS1, RET et NTRK1/2/3)

**Expression de PD-L1** (immunohistochimie)  
 **Réarrangements du poumon** (Archer™ FusionPlex™ ou Precision Assay GX\* avec par ex. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3)  
 **Mutations + réarrangements du poumon** (Precision Assay GX ou Solid Tumor panel + Archer™ FusionPlex\*)

**Côlon** (KRAS, NRAS, BRAF et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor panel\*)  
 **GIST** (KIT, PDGFRA et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel\*)  
 **Sein** (PIK3CA, ESR1, AKT1 et autres gènes du Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel\*)  
 **Mélanome** (BRAF, NRAS, KIT, MAP2K1, TERT, NF1, GNAQ, BAP1 + autres gènes du panel mélanome - 33 gènes)  
 **Ovar/Sein BRCAness** (BRCA1/2, RAD51B et autres gènes du HRR-Panel - 55 Gene)  **HRD détermination** (après consultation)  
 **Prostate/Pancreas** (BRCA1/2, ATM, CDK12, SPOP, PIK3CA, KRAS et autres gènes du panel HRR-Prostata - 55 gènes)  
 **Urothélium/vessie** (FGFR2/3, PIK3CA+autres gènes du panel Precision/Focus Assay\*) et fusions FGFR2/3 (Archer ou Focus Assay\*)  
 **Cholangiocellulaire/Vésicule biliaire** (IDH1/2, BRAF, gènes du panel Precision/Focus\*) et fusions FGFR2 (Archer ou Focus Assay\*)  
 **Panel des lymphomes** (68 gènes, par. ex. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79b, NOTCH1 + gènes additionnels)  
 **Charge de mutation de tumeur (TMB)** (409 gènes, valeur en mutations par mégabases) \*selon quantité d'ADN/ARN

---

**Oncomine™ Precision Assay GX**  DNA: 46 gènes avec 19 CNV  RNA: fusions de 18 gènes  
**Oncomine™ Focus Assay**  DNA: 35 gènes avec 19 CNV  RNA: fusions de 23 gènes  
**Oncomine™ Comprehensive v3**  DNA: 146 gènes avec 43 CNV  RNA: fusions de 63 gènes\*  
**Oncomine™ Comprehensive Assay Plus** (compris TMB)  DNA: 498 gènes avec 333 CNV  RNA: fusions de 63 gènes\*  
**Oncomine™ Childhood Panel**  DNA: 136 gènes (z.B. DICER1, MYOD1) avec 28 CNV  RNA: fusions de 91 gènes  
**Archer™ FusionPlex™ (Fusionen)**  RNA: fusions concernant 137 gènes (NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3 et autres)

**Méthylome pour tumeurs cérébrales, tissus mous, gaines nerveuses et syndrome CUP**

**Illumina® Methylation EPIC Array** (méthylation pangénomique, variabilité du nombre de copies; 500 ng DNA; durée 2-3 semaines)  
**Methylation Classifier:**  Brain tumor  Meningioma (dignité)  Sarcoma+PNST  CUP-Syn. (recherche de la tumeur primaire)  
 **NanoDx Brain Tumor** test rapide (2 jours), natif ou en SurePath/ThinPrep (pas de FFPE), toujours avec EPIC  
 **MGMT Methylation** (test rapide (3 jours), toujours avec EPIC)

**Mutations individuelles** Contenu des cellules tumorales au min. 20%; TaqMan Assays (avec #) pour fréquences alléliques <5%

<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (p.V600E)#	<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (p.V600X)#	<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (Ex 11,15)	<input type="checkbox"/> <b>CTNNB1</b> (Ex 3)	<input type="checkbox"/> <b>GNAS</b> (Ex 8, 9)
<input type="checkbox"/> <b>H3F3A</b> (Ex 2)	<input type="checkbox"/> <b>H3F3B</b> (Ex 2)	<input type="checkbox"/> <b>IDH1</b> (p.R132X)	<input type="checkbox"/> <b>IDH2</b> (p.R172X)	<input type="checkbox"/> <b>JAK2</b> (V617)
<input type="checkbox"/> <b>KIT</b> (p.D816X)	<input type="checkbox"/> <b>MET</b> (Ex 14 saut.)	<input type="checkbox"/> <b>MYD88</b> * (p.L265P)	<input type="checkbox"/> <b>TERT</b> (C228, C250)	<input type="checkbox"/> <b>Autres</b> _____

**Analyses additionnelles**

**FIP1L1-PDGFRRA Réarrangements** (néoplasie myéloïde/lymphoïde avec éosinophilie)  
 **Instabilité des microsatellites** Panel d'immunohistochimie (MLH1, PMS2, MSH2, MSH6)  
 **Instabilité des microsatellites** Panel PCR Bethesda (Bat25, Bat26, D2S123, D5S346, D17S250) tumeur **et en plus** tissu non néoplasique  
 **Réarrangements TCR-gamma et IgH** y compris les translocations t(11; 14) et t(14; 18)  
 **Méthylation du promoteur MLH1**  **Génotypage HPV**  **Extraction de l'ADN**  **Extraction de l'ARN**  **SARS-Cov-2 qPCR**