

Information / Contact Dr. Philip Jermann / Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Basel, Schweiz Tel. +41 61 265 27 57 / molpath@usb.ch	Adresse d'envoi: Institut de Génétique Médicale et Pathologie Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Bâle
Nom/prénom du patient _____ Date de naissance _____ Sexe <input type="checkbox"/> H <input type="checkbox"/> F Adresse _____ Code postal _____ Lieu _____ No. d'échantillon externe _____ Type de cancer: _____ Matériel: <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; text-align: center; font-size: 2em; font-weight: bold;">Numéro interne</div> _____ Date _____
Prescripteur _____	
facturer à	
Copie des résultats à _____ <input type="checkbox"/> Patient <input type="checkbox"/> Prescripteur	

NGS/Séquençage à haut débit	Gènes/Exones: http://pathologie.unispital-basel.ch																		
<input type="checkbox"/> Poumon (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 + autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor Panel*) Sans mutation: <input type="checkbox"/> Réarrangements + MET Ex 14 Skip. (Archer™ Fusion ou Prec.Assay GX* pour ALK, ROS1, RET et NTRK1/2/3) <input type="checkbox"/> Expression de PD-L1 (immunohistochimie) <input type="checkbox"/> Réarrangements du poumon (Archer™ FusionPlex™ ou Precision Assay GX* avec par ex. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3) <input type="checkbox"/> Mutations + réarrangements du poumon (Precision Assay GX ou Solid Tumor panel + Archer™ FusionPlex*) <input type="checkbox"/> Côlon (KRAS, NRAS, BRAF et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor panel*) <input type="checkbox"/> GIST (KIT, PDGFRA et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel*) <input type="checkbox"/> Sein (PIK3CA, ESR1, AKT1 et autres gènes du Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel*) <input type="checkbox"/> Mélanome (BRAF, NRAS, KIT, MAP2K1, TERT, NF1, GNAQ, BAP1 + autres gènes du panel mélanome - 33 gènes) <input type="checkbox"/> Ovar/Sein BRCAness (BRCA1/2, RAD51B et autres gènes du HRR-Panel - 55 Gene) <input type="checkbox"/> HRD détermination (après consultation) <input type="checkbox"/> Prostate/Pancreas (BRCA1/2, ATM, CDK12, SPOP, PIK3CA, KRAS et autres gènes du panel HRR-Prostata - 55 gènes) <input type="checkbox"/> Urothélium/vessie (FGFR2/3, PIK3CA+autres gènes du panel Precision/Focus Assay*) et fusions FGFR2/3 (Archer ou Focus Assay*) <input type="checkbox"/> Cholangiocellulaire/Vésicule biliaire (IDH1/2, BRAF, gènes du panel Precision/Focus*) et fusions FGFR2 (Archer ou Focus Assay*) <input type="checkbox"/> Panel des lymphomes (68 gènes, par. ex. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79b, NOTCH1 + gènes additionnels) <input type="checkbox"/> Charge de mutation de tumeur (TMB) (409 gènes, valeur en mutations par mégabases) *selon quantité d'ADN/ARN																			
<hr/> <table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td style="width: 30%;">Oncomine™ Precision Assay GX</td> <td><input type="checkbox"/> DNA: 46 gènes avec 19 CNV</td> <td><input type="checkbox"/> RNA: fusions de 18 gènes</td> </tr> <tr> <td>Oncomine™ Focus Assay</td> <td><input type="checkbox"/> DNA: 35 gènes avec 19 CNV</td> <td><input type="checkbox"/> RNA: fusions de 23 gènes</td> </tr> <tr> <td>Oncomine™ Comprehensive v3</td> <td><input type="checkbox"/> DNA: 146 gènes avec 43 CNV</td> <td><input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*</td> </tr> <tr> <td>Oncomine™ Comprehensive Assay Plus (compris TMB)</td> <td><input type="checkbox"/> DNA: 498 gènes avec 333 CNV</td> <td><input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*</td> </tr> <tr> <td>Oncomine™ Childhood Panel</td> <td><input type="checkbox"/> DNA: 136 gènes (z.B. DICER1, MYOD1) avec 28 CNV</td> <td><input type="checkbox"/> RNA: fusions de 91 gènes</td> </tr> <tr> <td>Archer™ FusionPlex™ (Fusionen)</td> <td colspan="2"><input type="checkbox"/> RNA: fusions concernant 137 gènes (NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3 et autres)</td> </tr> </table>		Oncomine™ Precision Assay GX	<input type="checkbox"/> DNA: 46 gènes avec 19 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 18 gènes	Oncomine™ Focus Assay	<input type="checkbox"/> DNA: 35 gènes avec 19 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 23 gènes	Oncomine™ Comprehensive v3	<input type="checkbox"/> DNA: 146 gènes avec 43 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*	Oncomine™ Comprehensive Assay Plus (compris TMB)	<input type="checkbox"/> DNA: 498 gènes avec 333 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*	Oncomine™ Childhood Panel	<input type="checkbox"/> DNA: 136 gènes (z.B. DICER1, MYOD1) avec 28 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 91 gènes	Archer™ FusionPlex™ (Fusionen)	<input type="checkbox"/> RNA: fusions concernant 137 gènes (NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3 et autres)	
Oncomine™ Precision Assay GX	<input type="checkbox"/> DNA: 46 gènes avec 19 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 18 gènes																	
Oncomine™ Focus Assay	<input type="checkbox"/> DNA: 35 gènes avec 19 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 23 gènes																	
Oncomine™ Comprehensive v3	<input type="checkbox"/> DNA: 146 gènes avec 43 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*																	
Oncomine™ Comprehensive Assay Plus (compris TMB)	<input type="checkbox"/> DNA: 498 gènes avec 333 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 63 gènes*																	
Oncomine™ Childhood Panel	<input type="checkbox"/> DNA: 136 gènes (z.B. DICER1, MYOD1) avec 28 CNV	<input type="checkbox"/> RNA: fusions de 91 gènes																	
Archer™ FusionPlex™ (Fusionen)	<input type="checkbox"/> 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
<input type="checkbox"/> Illumina® Methylation EPIC Array (méthylation pangénomique, variabilité du nombre de copies; 500 ng DNA; durée 2-3 semaines) Methylation Classifier: <input type="checkbox"/> Brain tumor <input type="checkbox"/> Meningioma (dignité) <input type="checkbox"/> Sarcoma+PNST <input type="checkbox"/> CUP-Syn. (recherche de la tumeur primaire) <input type="checkbox"/> NanoDx Brain Tumor test rapide (2 jours), natif ou en SurePath/ThinPrep (pas de FFPE), toujours avec EPIC <input type="checkbox"/> 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%															
<table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td><input type="checkbox"/> BRAF (p.V600E)#</td> <td><input type="checkbox"/> BRAF (p.V600X)#</td> <td><input type="checkbox"/> BRAF (Ex 11,15)</td> <td><input type="checkbox"/> CTNNB1 (Ex 3)</td> <td><input type="checkbox"/> GNAS (Ex 8, 9)</td> </tr> <tr> <td><input type="checkbox"/> H3F3A (Ex 2)</td> <td><input type="checkbox"/> H3F3B (Ex 2)</td> <td><input type="checkbox"/> IDH1 (p.R132X)</td> <td><input type="checkbox"/> IDH2 (p.R172X)</td> <td><input type="checkbox"/> JAK2 (V617)</td> </tr> <tr> <td><input type="checkbox"/> KIT (p.D816X)</td> <td><input type="checkbox"/> MET (Ex 14 saut.)</td> <td><input type="checkbox"/> MYD88 * (p.L265P)</td> <td><input type="checkbox"/> TERT (C228, C250)</td> <td><input type="checkbox"/> Autres _____</td> </tr> </table>		<input type="checkbox"/> BRAF (p.V600E)#	<input type="checkbox"/> BRAF (p.V600X)#	<input type="checkbox"/> BRAF (Ex 11,15)	<input type="checkbox"/> CTNNB1 (Ex 3)	<input type="checkbox"/> GNAS (Ex 8, 9)	<input type="checkbox"/> H3F3A (Ex 2)	<input type="checkbox"/> H3F3B (Ex 2)	<input type="checkbox"/> IDH1 (p.R132X)	<input type="checkbox"/> IDH2 (p.R172X)	<input type="checkbox"/> JAK2 (V617)	<input type="checkbox"/> KIT (p.D816X)	<input type="checkbox"/> MET (Ex 14 saut.)	<input type="checkbox"/> MYD88 * (p.L265P)	<input type="checkbox"/> TERT (C228, C250)	<input type="checkbox"/> Autres _____
<input type="checkbox"/> BRAF (p.V600E)#	<input type="checkbox"/> BRAF (p.V600X)#	<input type="checkbox"/> BRAF (Ex 11,15)	<input type="checkbox"/> CTNNB1 (Ex 3)	<input type="checkbox"/> GNAS (Ex 8, 9)												
<input type="checkbox"/> H3F3A (Ex 2)	<input type="checkbox"/> H3F3B (Ex 2)	<input type="checkbox"/> IDH1 (p.R132X)	<input type="checkbox"/> IDH2 (p.R172X)	<input type="checkbox"/> JAK2 (V617)												
<input type="checkbox"/> KIT (p.D816X)	<input type="checkbox"/> MET (Ex 14 saut.)	<input type="checkbox"/> MYD88 * (p.L265P)	<input type="checkbox"/> TERT (C228, C250)	<input type="checkbox"/> Autres _____												

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