

Analyses moléculaires

Information / Contact PD Dr. Michel Bihl / Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Bâle, Suisse Tel. +41 61 328 74 17 / 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"/> M <input type="checkbox"/> F Adresse _____ Code postal _____ Lieu _____ No. d'échantillon externe _____ type de tumeur: _____ Matériel: <input type="checkbox"/> paraffine / <input type="checkbox"/> sang / <input type="checkbox"/> non fixé / <input type="checkbox"/> cytologie / <input type="checkbox"/> SurePath		<div style="border: 1px solid gray; padding: 10px; background-color: #f0f0f0; font-size: 2em; font-weight: bold;">Numéro interne</div> _____ Date _____	
Prescripteur _____			
Copie des résultats à _____		facturer à <input type="checkbox"/> patient <input type="checkbox"/> expéditeur	

NGS Séquençage à haut débit	Infos: Gènes et/ou exons contenus dans nos panels: http://pathologie.unispital-basel.ch > informations pour l'expéditeur > pathologie moléculaire et cytologie > NGS
(7 à 10 jours ouvrables)	
<input type="checkbox"/> Poumon (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 + autres gènes du panel CE-IVD Oncomine™ Solid - 22 gènes) En cas d'absence de mutation: <input type="checkbox"/> Réarrangements (panel CE-IVD Oncomine™ Fusion pour ALK, ROS1, RET et NTRK1) <input type="checkbox"/> Expression de PD-L1 (immunohistochimie) <input type="checkbox"/> Réarrangements du poumon (panel CE-IVD Oncomine™ Fusion pour ALK, ROS1, RET et NTRK1) <input type="checkbox"/> Mutations + réarrangements du poumon (panel CE-IVD Oncomine™ de tumeurs solides + panel de fusion)	
<input type="checkbox"/> Côlon (KRAS, NRAS, BRAF + autres gènes du panel CE-IVD Oncomine™ Solid - 22 gènes) <input type="checkbox"/> GIST (KIT, PDGFRA + autres gènes du panel Oncomine™ Focus Assay - 35 gènes, 19 CNV) <input type="checkbox"/> Mélanome (BRAF, NRAS, KIT + autres gènes du panel Oncomine™ Focus Assay - 35 gènes, 19 CNV) <input type="checkbox"/> Sein / ovaire / prostate / pancréas (panel Ion Oncomine™ BRCA) <input type="checkbox"/> Panel des lymphomes (68 gènes, p. ex. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79b, NOTCH1 + gènes additionnels) <input type="checkbox"/> Réarrangements des sarcomes (RNA, Archer™ FusionPlex™ Sarcoma Kit - fusion concernant 26 gènes)	
<input type="checkbox"/> Oncomine™ Focus Assay <input type="checkbox"/> ADN: 35 gènes, 19 CNV <input type="checkbox"/> RNA: fusions concernant 23 gènes <input type="checkbox"/> Oncomine™ Comprehensive v3 <input type="checkbox"/> ADN: 135 gènes, 47 CNV <input type="checkbox"/> ARN: fusions concernant 51 gènes <input type="checkbox"/> Charge de mutation de tumeur (TMB) (409 gènes, valeur en mutations par mégabases)	
Méthylome pangénomique pour tumeurs cérébrales, tumeurs des tissus mous, tumeurs des gaines nerveuses et syndrome CUP (recherche de la tumeur primaire)	
<input type="checkbox"/> Méthylation du promoteur MGMT + <input type="checkbox"/> MLPA P088 (IDH1 / 2, LOH 1p / 19q, CDKN2A / B) <input type="checkbox"/> Méthylation Illumina® EPIC Array (méthylation pangénomique, amplifications, délétions, ADN > 500 ng, durée 3-4 semaines) Classification de méthylation: <input type="checkbox"/> tumeur du cerveau / <input type="checkbox"/> méningiome / <input type="checkbox"/> sarcome + PNST / <input type="checkbox"/> CUP Syndrome (TCGA)	
Mutations individuelles	contenu de tumeur > 30% requis; TaqMan Assays (avec *) pour fréquences alléliques <5%
<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 (R132) <input type="checkbox"/> IDH2 (R172) <input type="checkbox"/> JAK2 (V617) <input type="checkbox"/> KIT (D816) <input type="checkbox"/> MAP2K1 (Ex 3, 6, 7) <input type="checkbox"/> MET (Ex 14 saut.) <input type="checkbox"/> MYD88 * (p.L265P) <input type="checkbox"/> RHOA (Ex 2) <input type="checkbox"/> TERT (C228, C250) <input type="checkbox"/> Autres _____	
Analyses additionnelles	
<input type="checkbox"/> Réarrangements FIP1L1-PDGFRA (myéloïdes / néoplasmes lymphoïdes 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 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"/> Isolation d'ADN <input type="checkbox"/> Isolation d'ARN <input type="checkbox"/> Autres _____	