

<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; opacity: 0.5;">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	

<b>NGS/Séquençage à haut débit</b>	Gènes/Exones: <a href="http://pathologie.unispital-basel.ch">http://pathologie.unispital-basel.ch</a>
------------------------------------	---

<input type="checkbox"/> <b>Poumon</b> (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 + autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor Panel*) <b>Sans mutation:</b> <input type="checkbox"/> Réarrangements + MET Ex 14 Skip. (Archer™ FusionPlex ou Focus* pour ALK, ROS1, RET et NTRK1/2/3)	
<input type="checkbox"/> <b>Expression de PD-L1</b> (immunohistochimie) <input type="checkbox"/> <b>Réarrangements du poumon</b> (Archer™ FusionPlex™ ou Oncomine™ Focus* avec par ex. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3) <input type="checkbox"/> <b>Mutations + réarrangements du poumon</b> (Precision Assay GX ou Solid Tumor panel + Archer™ FusionPlex ou Focus*)	
<input type="checkbox"/> <b>Côlon</b> (KRAS, NRAS, BRAF et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Solid Tumor panel*) <input type="checkbox"/> <b>GIST</b> (KIT, PDGFRA et autres gènes du panel Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel*) <input type="checkbox"/> <b>Sein</b> (PIK3CA, ESR1, AKT1 et autres gènes du Oncomine™ Precision Assay GX ou Focus panel*) <input type="checkbox"/> <b>Mélanome</b> (BRAF, NRAS, KIT, MAP2K1, TERT, NF1, GNAQ, BAP1 + autres gènes du panel mélanome - 33 gènes) <input type="checkbox"/> <b>Ovar/Sein BRCAness</b> (BRCA1/2, RAD51B et autres gènes du HRR-Panel - 55 Gene) <input type="checkbox"/> <b>HRD détermination</b> (après consultation) <input type="checkbox"/> <b>Prostate/Pancreas</b> (BRCA1/2, ATM, CDK12, SPOP, PIK3CA, KRAS et autres gènes du panel HRR-Prostata - 55 gènes) <input type="checkbox"/> <b>Urothélium/vessie</b> (FGFR2/3, PIK3CA+autres gènes du panel Precision/Focus Assay*) et fusions FGFR2/3 (Archer ou Focus Assay*) <input type="checkbox"/> <b>Cholangiocellulaire/Vésicule biliaire</b> (IDH1/2, BRAF, gènes du panel Precision/Focus*) et fusions FGFR2 (Archer ou Focus Assay*) <input type="checkbox"/> <b>Panel des lymphomes</b> (68 gènes, par. ex. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79b, NOTCH1 + gènes additionnels) <input type="checkbox"/> <b>Charge de mutation de tumeur (TMB)</b> (409 gènes, valeur en mutations par mégabases)	
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 63 gènes (NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3 et autres)	

<b>Méthylome pour tumeurs cérébrales, tissus mous, gaines nerveuses et syndrome CUP</b>
---

<input type="checkbox"/> <b>Illumina® Methylation EPIC Array</b> (méthylation pangénomique, variabilité du nombre de copies; 500 ng DNA; durée 2-3 semaines) <b>Methylation Classifier:</b> <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"/> <b>NanoDx Brain Tumor test rapide</b> (2 jours), natif ou en SurePath/ThinPrep (pas de FFPE), toujours avec EPIC <input type="checkbox"/> <b>MGMT Methylation</b> (test rapide (3 jours), toujours avec EPIC)
--

<b>Mutations individuelles</b> 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> _____

<b>Analyses additionnelles</b>
--------------------------------

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