



Hôpitaux
Universitaires
Genève



DIAGNOSTIQUE / Service de Pathologie Clinique

Centre Médical Universitaire

1 rue Michel Servet - 1211 Genève 14

Laboratoire de pathologie moléculaire et génomique

PATH-MOL

<https://www.hug.ch/feuilles-de-demande>

Médecin Chef : Prof. Laura Rubbia-Brandt

Médecin Responsable : Dre A.-L. Rougemont (022 37) 28 568

Responsable technique : Margaret Berczy (022 37) 24 942

Bâtiment E-F - 5^{ème} étage - Local : E05.2949.a

Nom :

Prénom :

Date de naissance :

Rue/N°:.....

Localité, No postal :.....

Adresse pour facturation: Patient Demandeur Assurance

N° AVS (AI obligatoire) :

Assurance : N° Assuré :

Prescripteur (Nom/Prénom - Rue/N°- Localité, No postal - Tel/Fax) :

Médecins en copie (Nom/Prénom - Rue/N°- Localité, No postal - Tel/Fax): *Le laboratoire demandeur/prescripteur a obtenu l'accord du prescripteur/patient pour transmettre des copies à d'autres médecins que le médecin prescripteur :*

Matériel : Biopsie fixée Biopsie fraîche/congelée 2^e intention Sang Moelle

Diagnostic/ Renseignements cliniques :

Cette liste comprend l'ensemble des analyses du Pathologie Moléculaire réalisées par le Service de Pathologie Clinique.

Les pathologistes se réservent le droit d'évaluer la pertinence de la demande et de la modifier en fonction du diagnostic histologique ou présomptif. De plus, le choix de la technique la plus adéquate incombe aux biologistes du laboratoire, et sera fonction de la qualité/quantité du matériel notamment.

Les analyses en grisé sont réservées à la prescription par les pathologistes.

- Pour toute demande concernant du matériel provenant d'un autre laboratoire, veuillez nous faire parvenir un bloc de paraffine représentatif, accompagné de la lame HE correspondante et du rapport histologique. Le matériel sera restitué à l'issue de l'analyse.

- Pour les demandes concernant du sang ou de la moelle, veuillez nous faire parvenir un tube Citraté (hémogard bleu clair 3ml), EDTA (hémogard mauve 3ml) ou Hépariné (hémogard vert 4ml).

| PANEL NGS | Inclus dans le rapport | + Autres | TARMED |
|---|------------------------|-------------------------|------------|
| Panel hotspot 100 gènes*: | | | 5x 37.0570 |
| <input type="checkbox"/> Adénocarcinome du côlon | KRAS, NRAS, BRAF | | |
| <input type="checkbox"/> Carcinome du poumon | EGFR, BRAF, KRAS, HER2 | ALK, ROS | |
| <input type="checkbox"/> Mélanome | BRAF, NRAS, KIT | | |
| <input type="checkbox"/> GIST | KIT, PDGFRa | | |
| <input type="checkbox"/> Gliome | IDH1, IDH2 | MGMT, TERT, Del 1p/19q, | |
| <input type="checkbox"/> Autre (screening) | | | |
| <input type="checkbox"/> Panel BRCA1/2 somatique (inclus dans le panel 400 gènes) | | | 5x 37.0570 |
| <input type="checkbox"/> Screening 100 gènes* | | | 5x 37.0570 |
| <input type="checkbox"/> Panel Screening 400 gènes *** | | | 7x 37.0570 |
| <input type="checkbox"/> Panel Fusion** | | | 5x 37.0570 |

Liste des gènes de panels sous :

* Pour la liste complète des gènes, s'adresser au laboratoire. Agilent SureSelect XT HS Target Enrichment System. La liste est visible sous <http://www.intrahug.ch/activites/feuilles-de-demandes> et <https://www.hug.ch/feuilles-de-demande> et PATHMOL-HEMOPAT - Liste des gènes du panel NGS 100

** <https://support.illumina.com/downloads/trusight-rna-fusion-gene-list.html>

*** Pour la liste des gènes, s'adresser au laboratoire Agilent SureSelect XT HS Target Enrichment System

| VARIATION DU NOMBRE DE COPIES | | TARMED |
|-----------------------------------|--|------------|
| <input type="checkbox"/> Oncoscan | <input type="checkbox"/> y compris HRD | 4x 37.0530 |

| LYMPHOMES | | TARMED |
|---------------------------|---|------------|
| Clonalité IgH/TCR : | <input type="checkbox"/> Immunoglobulines (IgH) | 3x 37.0540 |
| | <input type="checkbox"/> Récepteurs des cellules T (TCR) | 3x 37.0540 |
| Translocation Lymphomes : | <input type="checkbox"/> <i>BCL1 (CCND1)</i> <input type="checkbox"/> <i>BCL2</i> <input type="checkbox"/> <i>BCL6</i> <input type="checkbox"/> <i>CMYC</i> <input type="checkbox"/> <i>MALT1</i> <input type="checkbox"/> <i>IgH</i> | 1x 37.0530 |

| LLC par Oncoscan uniquement sur tissu fixé. Pour ponction de moelle fraîche voir feuille de demande CYTOHEM-HEMOPAT | | TARMED |
|---|--|------------|
| <input type="checkbox"/> Marqueurs pronostiques (perte ATM, TP53, 13q14, et trisomie 12) | | 4x 37.0530 |

| SARCOMES / TUMEURS DES TISSUS MOUS | | TARMED |
|---|---|-----------|
| Voir panel fusion incluant entre autres : | | |
| <input type="checkbox"/> <i>EWSR1</i> | <input type="checkbox"/> <i>FOXO1(FKHR)</i> <input type="checkbox"/> <i>SS18</i> <input type="checkbox"/> <i>DDIT3</i> <input type="checkbox"/> <i>FUS</i> <input type="checkbox"/> <i>USP6</i> <input type="checkbox"/> <i>TFE3</i> <input type="checkbox"/> <i>ETV6</i> | |
| <input type="checkbox"/> <i>BRAF-KIAA1549</i> | | |
| Liste des gènes : | https://support.illumina.com/downloads/trusight-rna-fusion-gene-list.html | 5x37.0570 |

| GENES REPARATEURS DE L'ADN statut de méthylation par HRM PCR | | TARMED |
|--|--------------------------------------|------------|
| <input type="checkbox"/> <i>MGMT</i> | <input type="checkbox"/> <i>MLH1</i> | 2x 37.0540 |

| METHYLOME par Infinium EPIC Chip Array | | TARMED |
|--|--|------------|
| <input type="checkbox"/> Classification des tumeurs cérébrales ^{na} | | 1x 37.0530 |

| AGENT INFECTIEUX PAR PCR uniquement sur prélèvement fixé | | TARMED |
|---|--|------------|
| <input type="checkbox"/> Human Papilloma Virus (HPV) - typisation | | 2x 37.0540 |
| <input type="checkbox"/> Mycobactérie Tuberculosis Complex (IS6110) | | 1x 37.0540 |

| MUTATIONS / InDel par séquençage Sanger (ordre alphabétique) | | | TARMED |
|--|---|--|-----------------|
| <input type="checkbox"/> <i>BRAF</i> exons 11, 15 | <input type="checkbox"/> <i>KRAS</i> exons 2, 3, 4 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>CTNNB1</i> exon 3, 7, 8 | <input type="checkbox"/> <i>MET</i> Skipping exon 14 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>CXCR4</i> exon 2 | <input type="checkbox"/> <i>MYD88</i> exon 5 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>EGFR</i> exons 18-21 | <input type="checkbox"/> <i>NRAS</i> exons 2, 3, 4 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>GNAS</i> exons 8,9 | <input type="checkbox"/> <i>PDGFRα</i> exons 12, 14, 18 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>HRAS</i> exons 2,3 | <input type="checkbox"/> <i>PIK3CA</i> exons 10, 21 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>IDH1</i> exon 4 | <input type="checkbox"/> <i>POLE</i> exons 9, 13 | | |
| <input type="checkbox"/> <i>IDH2</i> exon 4 | <input type="checkbox"/> <i>TERT</i> promoteur | | |
| <input type="checkbox"/> <i>KIT</i> exons 8, 9, 11, 13, 17 | | | 1x 37.0540/exon |

na = non accrédité