



**Laboratoire de pathologie moléculaire et génomique**

**PATH-MOL**

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

Médecin Cheffe : Prof. Laura Rubbia-Brandt

Médecin Responsable : Dr. Claudio De Vito (022 37) 28 580

Responsable technique : Dr sc. Tanguy Araud (022 37) 24 942

Bâtiment E-F - 5<sup>ème</sup> étage - Local : E05.2949.a

E-mail : [Biologie.M.Laboratoire@hug.ch](mailto:Biologie.M.Laboratoire@hug.ch)

M       Mme

**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<sup>e</sup> intention  Sang  Moelle  ADN

**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, MET exon 14 skipping	
<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 tumoral (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
<b>Liste des gènes de panels sous :</b>			
* Pour la liste complète des gènes, s'adresser au laboratoire. Agilent SureSelect XT HS Target Enrichment System. La liste est visible sous <a href="http://www.intrahug.ch/activites/feuilles-de-demandes">http://www.intrahug.ch/activites/feuilles-de-demandes</a> et <a href="https://www.hug.ch/feuilles-de-demande">https://www.hug.ch/feuilles-de-demande</a> et PATHMOL-HEMOPAT - Liste des gènes du panel NGS 100			
** <a href="https://support.illumina.com/downloads/trusight-rna-fusion-gene-list.html">https://support.illumina.com/downloads/trusight-rna-fusion-gene-list.html</a>			
*** 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 y compris score HRD	4x 37.0530
Type de carcinome: <input type="checkbox"/> ovaire <input type="checkbox"/> prostate <input type="checkbox"/> sein <input type="checkbox"/> pancréas <input type="checkbox"/> Autres :.....	
Si envoi d'ADN      Quantité Qubit : ..... ng/ml (Min 10ng/ml dans 10ul). <b>Analyse non effectuée si critère non respecté.</b>	
Pourcentage tumoral (obligatoire) : ..... % (30% minimum). Résultat non garanti si critère non respecté.	
Mutation TP53 et fréquence allélique (si connue) : .....	

<b>LYMPHOMES</b>		<b>TARMED</b>
Clonalité IgH/TCR :	<input type="checkbox"/> Immunoglobulines (IgH)	3x 37.0540
	<input type="checkbox"/> Récepteurs des cellules T (TCR)	3x 37.0540
<b>Translocation Lymphomes</b> : uniquement sur tissu fixé. Pour ponction de moelle fraîche voir feuille de demande CYTOHEM-HEMOPAT		
	<input type="checkbox"/> <b>BCL1 (CCND1)</b> <input type="checkbox"/> <b>BCL2</b> <input type="checkbox"/> <b>BCL6</b> <input type="checkbox"/> <b>CMYC</b> <input type="checkbox"/> <b>MALT1</b> <input type="checkbox"/> <b>IGH</b>	1x 37.0530

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

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

<b>METHYLOME</b>		<b>TARMED</b>
<input type="checkbox"/> Classification des tumeurs cérébrales par séquençage Nanopore <sup>na</sup>	(uniquement sur prélèvement frais ou ADN issu de prélèvement frais)	2x 37.0570
<input type="checkbox"/> Classification des tumeurs cérébrales par Infinium EPIC Chip Array <sup>na</sup>	(prélèvement fixé ou frais)	2x 37.0530

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

<b>MUTATIONS / InDel par séquençage Sanger (ordre alphabétique)</b>			<b>TARMED</b>
<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b>	exons 11, 15	<input type="checkbox"/> <b>KIT</b>	exons 8, 9, 11, 13, 17
<input type="checkbox"/> <b>CTNNB1</b>	exon 3, 7, 8	<input type="checkbox"/> <b>KRAS</b>	exons 2, 3, 4
<input type="checkbox"/> <b>CXCR4</b>	exon 2	<input type="checkbox"/> <b>MET</b>	Skipping exon 14
<input type="checkbox"/> <b>EGFR</b>	exons 18-21	<input type="checkbox"/> <b>MYD88</b>	exon 5
<input type="checkbox"/> <b>FOXL2</b>	exon 1	<input type="checkbox"/> <b>NRAS</b>	exons 2, 3, 4
<input type="checkbox"/> <b>GNAS</b>	exons 8,9	<input type="checkbox"/> <b>PDGFR<math>\alpha</math></b>	exons 12, 14, 18
<input type="checkbox"/> <b>HRAS</b>	exons 2,3	<input type="checkbox"/> <b>PIK3CA</b>	exons 10, 21
<input type="checkbox"/> <b>IDH1</b>	exon 4	<input type="checkbox"/> <b>POLE</b>	exons 9, 13
<input type="checkbox"/> <b>IDH2</b>	exon 4	<input type="checkbox"/> <b>TERT</b>	promoteur
			1x 37.0540/exon

<b>MUTATIONS / FUSIONS par Idylla</b>			<b>TARMED</b>
<input type="checkbox"/> M-Idylla KRAS		<input type="checkbox"/> M-Idylla BRAF	
<input type="checkbox"/> M-Idylla EGFR		<input type="checkbox"/> M-Idylla Fusion	1x 37.0540

<sup>na</sup> = non accrédité