



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**

<http://www.hug-ge.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<sup>ème</sup> étage - Local : E05.2949.a

Nom : .....

Prénom : .....

Date de naissance : .....

Rue/N°:.....

Localité, No postal :.....

Adresse pour facturation:  Patient  Demandeur  Assurance

N° AVS (Al 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>o</sup> 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 Hot Spot 50 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, 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 50 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>   |                        |                     |            |
| * <a href="https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/lon-AmpliSeq-Cancer-Hotspot-Panel-Flyer.pdf">https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/lon-AmpliSeq-Cancer-Hotspot-Panel-Flyer.pdf</a> |                        |                     |            |
| ** <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  |                        |                     |            |

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

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

| LLC par FISH / Oncoscan  |
|--|
| <input type="checkbox"/> Marqueurs pronostiques (perte ATM, TP53, 13q14, et trisomie 12) |

| SARCOMES / TUMEURS DES TISSUS MOUS   | TARMED     |
|--|------------|
| FISH : <input type="checkbox"/> EWSR1 <input type="checkbox"/> FOXO1(FKHR) <input type="checkbox"/> SS18 <input type="checkbox"/> DDIT3 <input type="checkbox"/> FUS <input type="checkbox"/> USP6 <input type="checkbox"/> TFE3 <input type="checkbox"/> ETV6 | 1x 37.0530 |
| CISH (Amp) <input type="checkbox"/> MDM2   |            |
| RT-PCR : <input type="checkbox"/> EWSR1-FLI1 <input type="checkbox"/> EWSR1-ERG <input type="checkbox"/> EWSR1-WT1 <input type="checkbox"/> SS18-SSX <input type="checkbox"/> PAX3/7-FOXO1 <input type="checkbox"/> ETV6-NTRK3                                 |            |
| <input type="checkbox"/> BRAF-KIAA1549   | 1x 37.0540 |

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

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

| AGENT INFECTIEUX PAR PCR uniquement sur prélèvement fixé            | TARMED     |
|---|------------|
| <input type="checkbox"/> Human Herpès Virus (HHV8)                  | 1x 37.0540 |
| <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"/> BRAF exons 11, 15                   | <input type="checkbox"/> KRAS exons 2, 3, 4              |
| <input type="checkbox"/> CTNNB1 exon 3, 7, 8                 | <input type="checkbox"/> MET Skipping exon 14            |
| <input type="checkbox"/> CXCR4 exon 2                        | <input type="checkbox"/> MYD88 exon 5                    |
| <input type="checkbox"/> EGFR exons 18-21                    | <input type="checkbox"/> NRAS exons 2, 3, 4              |
| <input type="checkbox"/> GNAS exons 8,9                      | <input type="checkbox"/> PDGFR $\alpha$ exons 12, 14, 18 |
| <input type="checkbox"/> HRAS exons 2,3                      | <input type="checkbox"/> PIK3CA exons 10, 21             |
| <input type="checkbox"/> IDH1 exon 4                         | <input type="checkbox"/> POLE exons 9, 13                |
| <input type="checkbox"/> IDH2 exon 4                         | <input type="checkbox"/> TERT promoteur                  |
| <input type="checkbox"/> KIT exons 8, 9, 11, 13, 17          |  |
|  | 1x 37.0540/exon  |

| ABERRATIONS CHROMOSOMIQUES par FISH/CISH      | TARMED  |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> ALK (translocation)  | <input type="checkbox"/> HER2 (ERBB2) (amplification) |
| <input type="checkbox"/> ROS1 (translocation) | <input type="checkbox"/> NMYC (amplification)         |
| <input type="checkbox"/> 1p36/19q13 (LOH)     | <input type="checkbox"/> MDM2 (amplification)         |
|   | 1x 37.0530  |

Les analyses sans mention particulière font partie du domaine accrédité (ISO 15189). Les analyses non accréditées sont indiquées spécifiquement en gris.