PLATEFORME DE GÉNÉTIQUE DES CANCERS RÉGION BOURGOGNE
DEMANDE D'EXAMEN DE PATHOLOGIE MOLÉCULAIRE :
SITE C.H.U. DIJON - SERVICE DE PATHOLOGIE - Pr L. MARTIN
210987558
Plateforme Biologie Hospitalo-Universitaire
FINESS 210987558
2, Rue Angélique Ducoudray B.P. 37013 21070 DIJON cedex Tél. 03 80 2**9 33 01** - **Fax.** 03 80 2**9 57 17**

+ Si DEMANDE URGENTE ❑ ➔ envoyer un mail à : ptb.secretariat.anapath@chu-dijon.fr

Nom :
Nom de jeune fille :
Prénom :
Sexe : □M/□F **Date de naissance : ----/----/------**
Adresse personnelle :
Code postal : **Ville :**
Numéro Sécurité sociale (obligatoire) :

Étiquette PATIENT si CHU DIJON BOURGOGNE

*** Si hors CHU joindre impérativement** la fixe administraive ou bulletin de situation du patient
** En l'absence de ces renseignements, votre demande ne pourra être traitée

Identification PRESCRIPTEUR	**Identification PATHOLOGISTE RÉFÉRENT ou tampon**
Destinataire du compte-rendu *et* **Établissement à facturer** Nom du Prescripteur : **Spécialité :** Établissement **de rattachement du prescripteur à facturer :** **□Hôpital □Établissement privé □Autre □Patient** **Adresse :** **MERCI DE JOINDRE LA COPIE DE LA DEMANDE**	**Destinataire du compte-rendu** Nom / Prénom Dr: Structure : Adresse : Code postal : Ville : **Adresse email sécurisée :**
RENSEIGNEMENTS Date de prescription / demande : **Date de prochaine visite ou RCP si connue :** **Date d'envoi :**	**ÉCHANTILLONS** ***Merci de joindre le compte-rendu de l'examen*** **N° d'examen** : □ **bloc(s) envoyé(s)** □ **lame(s) HES envoyée(s) :**

TYPE D'ANALYSE SOUHAITÉE :

*** PANEL NGS TUMEURS SOLIDES **PANEL NGS TRANCRITS DE FUSION ***PANEL NGS LYMPHOPANEL (*LISTE DES GENES PAGE 3*)**

PATHOLOGIE ADENOME HEPATIQUE

☐ Mutation du gène **CTNNB1** (b-caténine)

PATHOLOGIE AUTRE PATHOLOGIE /AUTRE TEST

☐ Panel **NGS ADN** (mutations, gains de copies)
☐ Panel **NGS ARN** (transcrits de fusion)
☐ Statut **MSI** ± protéines **MMR** (IHC) ± **BRAF** ± méthylation du promoteur **MLH1**

Contexte de la demande : *(Obligatoire)*
□ Suspicion de syndrome de Lynch
□ Chimiothérapie
□ Immunothérapie

☐ **BRAF** ciblé (codon 600)
☐ AUTRE :

PATHOLOGIE CERVEAU

☐ Méthylation du promoteur **MGMT**
☐ **BRAF** ciblé (codon 600)
☐ Panel **NGS ADN+ARN** dont BRAF, IDH1/2, TERT, EGFR, FGFR
☐ Statut **MSI** ± protéines MMR (IHC) ± **BRAF** ± méthylation du promoteur **MLH1**

Contexte de la demande : *(Obligatoire)*
□ Suspicion de syndrome de Lynch
□ Chimiothérapie
□ Immunothérapie

☐ Extraction d'ADN pour réalisation d'une **CGH-Array** (laboratoire de cytogénétique)

PATHOLOGIE CHOLANGIOCARCINOME

☐ Statut **MSI** et panel **NGS ADN + ARN** dont IDH1 et FGFR2

PATHOLOGIE COLON / RECTUM

☐ Panel **NGS ADN** dont KRAS, NRAS, BRAF, FBXW7, SMAD4, HER2, TP53
☐ Circuit RAPIDE : **KRAS/NRAS/BRAF** ciblé puis panel **NGS ADN**
☐ Statut **MSI** ± protéines **MMR** (IHC) ± **BRAF** ± méthylation du promoteur **MLH1**

Contexte de la demande : *(Obligatoire)*
- ☐ Suspicion de syndrome de Lynch
- ☐ Chimiothérapie
- ☐ Immunothérapie

☐ Hyperméthylation du promoteur **MLH1** dans le contexte HNPCC

PATHOLOGIE LYMPHOME

☐ **Clonalité B** (FR2/FR3)
☐ **Clonalité T** (TCR g)
☐ **MYD88** ciblée (Mutation L265P)

PATHOLOGIE MÉLANOME

☐ Forfait mutationnel **BRAF/NRAS**
☐ **c-KIT** ciblé (exon 11, 13 et 17)
☐ Panel **NGS ADN** dont BRAF, NRAS, c-KIT, GNA1, GNAQ

PATHOLOGIE POUMON

☐ Circuit RAPIDE : **EGFR (exons 18, 19, 20, 21)** puis **NGS ADN+ARN** dont EGFR, KRAS, BRAF, MET, ALK, HER2, NTRK1 et 3
☐ Panel **NGS ADN** dont EGFR, KRAS, BRAF, MET, ALK, HER2,
☐ Panel **NGS ARN** transcrits de fusions dont NTRK 1 et 3, ALK, MET
☐ Patient opéré, cancer précoce : **EGFR (exons 18, 19, 20, 21)**

PATHOLOGIE SEIN

☐ **PIK3CA** ciblé (exon 9 et 20)

PATHOLOGIE SPHÈRE ORL

☐ Panel **NGS ADN + ARN** dont BRAF, KRAS, NRAS, RET, NTRK 1 et 3

PATHOLOGIE TUMEUR STROMALE

☐ Panel **NGS ADN** dont c-KIT, PDGFRa + Panel **NGS ARN** transcrits de fusion

PATHOLOGIE UTERUS/ENDOMETRE /OVAIRE

☐ Statut **MSI** ± protéines **MMR** (IHC) ± méthylation du promoteur **MLH1**

Subdivision tissu sain : ……

Contexte de la demande : *(Obligatoire)*
- ☐ Suspicion de syndrome de Lynch
- ☐ Chimiothérapie
- ☐ Immunothérapie

☐ Hyperméthylation du promoteur **MLH1** dans le contexte HNPCC

☐ Panel **NGS ADN POLE**, **TP53**

☐ AUTRE :

Information Complémentaire : EXAMEN URGENT
Dans le cadre d'une demande urgente d'examen sur un cancer du poumon, nous utilisons le système Idylla ® (N504) afin d'optimiser le delais de rendu du résultat qui comprendra uniquement les exons 18, 19, 20 et 21 du gène EGFR.

Panels de Gènes analysés par séquençage haut-débit

*__Panel de gènes CAPTURE Solid Tumor Solution (STS_v1)__ by Sophia Genetics®
42 gènes - 122 régions couvertes - 21,404 bp.

Liste de gènes (exons) séquencés : AKT1 (3), ALK (21-25), BRAF (11,15), CDK4 (2), CDKN2A (1*,2,3), CTNNB1 (3), DDR2 (17), DICER1 (24,25), EGFR (18-21), ERBB2 (8,17,20), ERBB4 (10,12), FBXW7 (8-12), FGFR1 (12,14), FGFR2 (7,12,14), FGFR3 (7,9,14,16), FOXL2 (1*),GNA11 (4,5), GNAQ (4,5), GNAS (8), H3F3A(2*), H3F3B (2*), HIST1H3B (1),HRAS (2-4), IDH1 (4), IDH2 (4), KIT (8-11,13,17,18), KRAS (2-4), MAP2K1 (2,3),MET (2,14-20) large deletion, MYOD1 (1), NRAS (2-4), PDGFRA (12,14,18), PIK3CA (2*,3,6*,8,10,21),PTPN11 (3), RAC1 (3), RAF1 (7,10,12,13*,14*,15*), RET (11,13,15,16), ROS1 (38*,41*),SF3B1 (15-17), SMAD4 (8-12), TERT (promoteur*(mutations C228T et C250T),1*,8*,9*,13*), TP53 (2-11) *seulement les « hotspots » mutationnels

Liste des gènes avec évaluation du nombre de copies: ALK, BRAF, CDK4, CDKN2A, EGFR, ERBB2, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, HRAS, KIT, KRAS, MET, MYOD1, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, ROS1, RET, SF3B1, TERT and TP53

** __Panel de gènes CAPTURE Solid Tumor Plus Solution__ by Sophia Genetics®
Version PM_T1_T2_T3_5.1.59_r3en

137 transcrits de fusions de gènes pouvant impliquer les gènes ALK, BRAF, EGFRvIII, FGFR1, FGFR2, FGFR3, NTRK1,NTKR3, PPARG, RET, ROS1 et aussi les sauts d'exon 14 de MET et les variants III de EGFR

***__Panel de gènes CAPTURE Custom Bundle LYMPH Solution__ (LYMP_A_v1) by Sophia Genetics®
51 gènes-368 régions couvertes-91,506 pb. Version PM_T1_5.1.21_r2en DEPUIS JANVIER 2018

Liste de gènes (exons) séquencés : ARID1, B2M, BCL2, CCND3, CD58, CHD2, CDKN2A, CDKN2B, CIITA,CXCR4, EP300, FOXO1, GNA13, ID3, IRF4, MAL, MEF2B, MLL, MLL2,MYC, MYD88, NFKBIE, PAX5, PIM1, POT1, PRDM1, PTPN1, REL, SOCS1,TNFAIP3, TNFRSF14, TP54, ATM (57-63), BCL6 (8,9), BIRC3 (all, ex.2),BRAF (15), BTK (15), CARD11 (4-9), CCND1 (1), CD79A (4,5), CD79B (5,6),CREBBP (27-30), EZH2 (16, 18), FBXW7 (9, 10), KRAS (2,3), NOTCH1 (34),NOTCH2 (26-28, 34), NRAS (2,3), PLCG2 (17-23), PTEN (5), SF3B1 (14,15),STAT6 (9-14), TCF3 (17-18), XPO1 (15-18)