

REQUÊTE DE PATHOLOGIE MOLÉCULAIRE ET DE BIOMARQUEURS

PRESCRIPTEUR	NOM ET PRENOM COMPLETS	NO DE PERMIS	PATIENT	NOM	PRENOM
	INSTITUTION			RAMQ	
	NO DE TELECOPIEUR			DOSSIER	SITE
	COPIE A (NOM ET PRENOM LISIBLES)	NO DE PERMIS		DATE DE NAISSANCE (AAAA/MM/JJ)	SEXE M ☐ F ☐
	NO DE TELECOPIEUR DU MD EN COPIE	DATE (AAAA/MM/JJ)			

Faire parvenir le rapport de pathologie, le bloc et la lame colorée de routine

Service d'anatomopathologie-Laboratoire de pathologie moléculaire HDQ,

CRCEO local 3640, 6 rue McMahon, Québec (Qc) G1R 3S1

Tél : 418-525-4444 poste 15233 (secrétariat de pathologie) ou poste 24647 (laboratoire de pathologie moléculaire)

Télécopieur : 418-691-5226

RENSEIGNEMENTS SUR L'ÉCHANTILLON

N° de pathologie et bloc: _____

Pourcentage de cellules tumorales (noyaux tumoraux) : _____

Fixation :

- ☐ Formol 10% tamponné
☐ Alcool
☐ Fixateur autre (préciser) : _____
☐ Décalcification (préciser) : _____
☐ Tissu congelé

Délai:

- ☐ <30 minutes
☐ <1heure
☐ >1heure
☐ indéterminé

Durée:

- ☐ < 6 heures
☐ 6-72 heures
☐ >72 heures
☐ indéterminée

Origine de la tumeur primaire :

- ☐ Génito-urinaire ☐ Lymphome ☐ ORL ☐ Système nerveux central
☐ Gynécologique ☐ Mélanome ☐ Os/tissus mous ☐ Tube digestif/foie/pancréas
☐ Autre, spécifier : _____

Pour la recherche de micro-organismes, spécifier le site de prélèvement : _____

BIOMARQUEURS IMMUNOHISTOCHIMIQUES (autres que les cancers mammaire et pulmonaire)

- ☐ Claudine18.2 (CLDN18.2)
☐ HER2
☐ MMR (MLH1, MSH2, MSH6, PMS2)
☐ NTRK
☐ PD-L1
☐ Cancer du col utérin
☐ Cancer de l'oesophage/estomac
☐ Cancer ORL
☐ Cancer urothélial

NOTE: L'analyse PD-L1 (CPS) n'est pas effectuée sur du matériel cytologique

Analyses moléculaires au verso

Nom :

Prénom :

Dossier :

PCR / RT-PCR / qPCR

☐ Réarrangement IgH, IGK et IGL (population monoclonale lymphocytes B) ☐ Réarrangement TCR γ , TCR δ , TCR β (population monoclonale lymphocytes T) ☐ Lymphome anaplasique à grandes cellules (translocations de ALK) ☐ Lymphome du manteau t(11;14) BCL1 ☐ Lymphome folliculaire t(14;18) BCL2-JH ☐ BRAF V600 ☐ Mélanome ☐ Autre : _____ ☐ Méthylation du promoteur MLH1 ☐ Carcinome rénal t(X;1) PRCC-TFE3 + t(X;17) ASPL-TFE3 ☐ Carcinome rénal t(6;11) alpha-TFEB AUTRE : ☐ Analyse de ploïdie	☐ Chondrosarcome myxoïde extra-squelettique t(9;22) EWSR1-TEC + t(9;17) TAF2N-TEC ☐ Dermatofibrosarcome t(17;22) COL1A1-PDGFB ☐ Dysplasie fibreuse (mutations de GNAS1) ☐ Histiocytome fibreux angiomatoïde t(12;16) FUS-ATF1 + t(12;22) EWSR1-ATF1 + t(2;22) EWSR1-CREB1 ☐ Liposarcome myxoïde t(12;16) FUS-CHOP + t(12;22) EWSR1-CHOP ☐ Rhabdomyosarcome alvéolaire t(1;13) PAX7-FOXO1 + t(2;13) PAX3-FOXO1 ☐ Sarcome alvéolaire des tissus mous t(X;17) ASPL-TFE3 ☐ Sarcome à cellules claires t(12;22) EWSR1-ATF1 + t(2;22) EWSR1-CREB1 ☐ Sarcome d'Ewing t(11;22) EWSR1-FLI-1 + t(21;22) EWSR1-ERG ☐ Sarcome fibromyxoïde de bas grade t(7;16) FUS-CREB3L2 + t(11;16) FUS-CREB3L1 ☐ Sarcome synovial t(X;18) SYT-SSX ☐ Tumeur desmoplasique à petites cellules rondes t(11;22) EWSR1-WT1 ☐ Détection de cytomégalovirus (CMV) ☐ Détection de Epstein-Barr virus (EBV) (par PCR, différent de EBER par ISH) ☐ Détection Herpes simplex virus type 1 et 2 (HSV1/HSV2) et Varicella-Zoster virus (VZV) ☐ Détection de Mycobacterium tuberculosis et autres mycobactéries ☐ Détection de polyoma virus (BKV et JCV) ☐ Détection de Tropheryma whipplei
--	--

SÉQUENÇAGE DE NOUVELLE GÉNÉRATION (SNG)

☐ **Panel CAD80 pour tumeurs solides (ADN seulement; les fusions ne sont pas détectées)** (80 gènes; voir ci-dessous pour la liste des gènes)

☐ Cancer colorectal	☐ Mélanome	☐ Ovaire	☐ Prostate
☐ Cancer de la thyroïde	☐ Tumeur stromale gastro-intestinale (GIST)	☐ Endomètre	☐ Autre (spécifier) : _____

Gène(s) ciblé(s) (spécifier): _____

Pourcentage noyaux tumoraux (obligatoire pour CNV) : _____

Détails de la technique :

Séquençage de nouvelle génération (NGS) avec le panel CAD80 d'Illumina, permettant de rapporter les mutations modifiant la séquence codante (SNV et indel) ou le nombre de copies (CNV) et classées comme oncogéniques ou probablement oncogénique, pour les gènes pertinents au type tumoral indiqué. Les variants SNV et indels rapportés ont au minimum 2% d'allèles mutés avec une profondeur minimale de 500 lectures. La détection des CNV est dépendante de la qualité de l'échantillon et du % de cellules tumorales et est rapportée seulement pour les gènes BRCA1, BRCA2, PTEN et ERBB2. Les séquences codantes entières des 80 gènes suivants sont sur le panel : AKT1, ALK, APC, AR, ARID1A, ATM, BAP1, BRAF, BRCA1, BRCA2, CD274, CDH1, CDK4, CDK6, CDKN2A, CDKN2B, CHEK1, CHEK2, CTNNB1, CYSLTR2, DDR2, EGFR, EPCAM, ERBB2, ERBB3, ESR1, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FOXL2, GNA11, GNAQ, GNAS, H3F3A, H3F3B, HIST1H3B, HIST1H3C, HRAS, IDH1, IDH2, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, MLH1, MSH2, MSH6, MTAP, MYC, MYCN, NF1, NF2, NRAS, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PMS2, POLE, POLD1, PPP2R1A, PTEN, RB1, RET, RNF43, ROS1, SF3B1, SMAD4, STK11, TERT, TP53, TSC1, VHL

Limitations :

Les gènes de fusion ne sont pas détectés. La classification des variants est faite selon les données disponibles au moment de l'analyse. Si l'échantillon ne rencontre pas les critères de qualité pour le NGS, l'analyse par PCR peut être effectuée pour les gènes KRAS, NRAS, BRAF, KIT et PDGFR α , si pertinent au type tumoral. Un résultat négatif n'exclut pas de façon formelle la présence d'une altération mais peut être lié aux limites de détection de ce test. Il y a des risques de faux-négatifs si <10% cellules tumorales pour les SNV et indel et si <40%, pour les CNV. Ce test ne permet pas de spécifier si le variant est présent uniquement dans la tumeur ou aussi dans la lignée germinale.