

# REQUÊTE DE PATHOLOGIE MOLÉCULAIRE ET DE BIOMARQUEURS

<b>PRESCRIPTEUR</b>	NOM ET PRENOM COMPLETS	NO DE PERMIS	<b>PATIENT</b>	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 <input type="checkbox"/> F <input type="checkbox"/>
	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 :	<input type="checkbox"/> Formol 10% tamponné	Délai:	<input type="checkbox"/> <30 minutes
	<input type="checkbox"/> Alcool		<input type="checkbox"/> <1heure
	<input type="checkbox"/> Fixateur autre (préciser) : _____		<input type="checkbox"/> >1heure
	<input type="checkbox"/> Décalcification (préciser) : _____		<input type="checkbox"/> indéterminé
	<input type="checkbox"/> Tissu congelé		
Durée: <input type="checkbox"/> < 6 heures		<input type="checkbox"/> 6-72 heures	
<input type="checkbox"/> >72 heures		<input type="checkbox"/> indéterminée	
Origine de la tumeur primaire :			
<input type="checkbox"/> Génito-urinaire	<input type="checkbox"/> Lymphome	<input type="checkbox"/> ORL	<input type="checkbox"/> Système nerveux central
<input type="checkbox"/> Gynécologique	<input type="checkbox"/> Mélanome	<input type="checkbox"/> Os/tissus mous	<input type="checkbox"/> Tube digestif/foie/pancréas
<input type="checkbox"/> 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 n'est pas effectuée sur du matériel cytologique

Analyses moléculaires au verso

PCR / RT-PCR / qPCR	
<input type="checkbox"/> Réarrangement d'IgH et IGH (population monoclonale lymphocytes B) <input type="checkbox"/> Réarrangement de TCRγ et TCRβ (population monoclonale lymphocytes T) <input type="checkbox"/> Lymphome anaplasique à grandes cellules (translocations de ALK) <input type="checkbox"/> Lymphome du manteau t(11;14) BCL1 <input type="checkbox"/> Lymphome folliculaire t(14;18) BCL2-JH  <b>Si NGS désiré pour les gènes des 3 lignes suivantes, voir section NGS ci-dessous</b> <input type="checkbox"/> KIT (exons 9, 11, 13, 17) et PDGFRA (exons 12, 18) <input type="checkbox"/> GIST <input type="checkbox"/> Mélanome <input type="checkbox"/> BRAF V600 <input type="checkbox"/> Cancer colorectal <input type="checkbox"/> Mélanome <input type="checkbox"/> Autre : _____ <input type="checkbox"/> KRAS (exons 2, 3 et 4) ( <input type="checkbox"/> G12C seulement) et NRAS (exons 2, 3 et 4)  <input type="checkbox"/> Méthylation du promoteur MLH1  <input type="checkbox"/> Carcinome rénal t(X;1) PRCC-TFE3 + t(X;17) ASPL-TFE3 <input type="checkbox"/> Carcinome rénal t(6;11) alpha-TFEB  <b>AUTRE :</b> <input type="checkbox"/> Analyse de ploïdie	<input type="checkbox"/> Chondrosarcome myxoïde extra-squelettique t(9;22) EWSR1-TEC + t(9;17) TAF2N-TEC <input type="checkbox"/> Dermatofibrosarcome t(17;22) COL1A1-PDGFB <input type="checkbox"/> Dysplasie fibreuse (mutations de GNAS1) <input type="checkbox"/> Histiocytome fibreux angiomatoïde t(12;16) FUS-ATF1 + t(12;22) EWSR1-ATF1 + t(2;22) EWSR1-CREB1 <input type="checkbox"/> Liposarcome myxoïde t(12;16) FUS-CHOP + t(12;22) EWSR1-CHOP <input type="checkbox"/> Rhabdomyosarcome alvéolaire t(1;13) PAX7-FOXO1 + t(2;13) PAX3-FOXO1  <input type="checkbox"/> Sarcome alvéolaire des tissus mous t(X;17) ASPL-TFE3  <input type="checkbox"/> Sarcome à cellules claires t(12;22) EWSR1-ATF1 + t(2;22) EWSR1-CREB1 <input type="checkbox"/> Sarcome d'Ewing t(11;22) EWSR1-FLI-1 + t(21;22) EWSR1-ERG <input type="checkbox"/> Sarcome fibromyxoïde de bas grade t(7;16) FUS-CREB3L2 + t(11;16) FUS-CREB3L1 <input type="checkbox"/> Sarcome synovial t(X;18) SYT-SSX <input type="checkbox"/> Tumeur desmoplasique à petites cellules rondes t(11;22) EWSR1-WT1  <input type="checkbox"/> Détection de cytomégalo virus (CMV) <input type="checkbox"/> Détection de Epstein-Barr virus (EBV) (par PCR, différent de EBER par ISH) <input type="checkbox"/> Détection Herpes simplex virus type 1 et 2 (HSV1/HSV2) et Varicella-Zoster virus (VZV) <input type="checkbox"/> Détection de Mycobacterium tuberculosis et autres mycobactéries <input type="checkbox"/> Détection de polyoma virus (BKV et JCV) <input type="checkbox"/> Détection de Tropheryma whipplei

SÉQUENÇAGE DE NOUVELLE GÉNÉRATION (NGS)
<input type="checkbox"/> <b>Panel AmpliSeq Focus pour tumeurs solides (ADN seulement; les fusions ne sont pas détectées)</b> (35 gènes; voir ci-dessous pour la liste des gènes) <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div> <input type="checkbox"/> Cancer colorectal  <input type="checkbox"/> Cancer de la thyroïde  <input type="checkbox"/> Analyse ciblée (spécifier): _____                 </div> <div> <input type="checkbox"/> Mélanome (<input type="checkbox"/> incluant KIT)  <input type="checkbox"/> Tumeur stromale gastro-intestinale (GIST)                 </div> </div> <b>Détails de la technique :</b> Séquençage de nouvelle génération (NGS) uniquement de la partie ADN du panel AmpliSeq Focus, ce qui permet de rapporter les mutations (SNV et indel) modifiant la séquence codante et classées comme pathogéniques pour les régions d'intérêt des 35 gènes suivants : AKT1, ALK, APC, AR, BRAF, CDK4, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FGFR2, FGFR3, GNA11, GNAQ, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1 ET SMO. Plusieurs régions sont analysées pour chaque gène. La liste complète des régions couvertes est disponible sur demande.
<b>Pour le mélanome, si suspicion de mutation dans le gène KIT, l'indiquer dans la case appropriée, car l'analyse du gène KIT de demande l'utilisation d'un module d'analyse supplémentaire.</b> Pour les gènes KRAS, NRAS, BRAF, KIT et PDGFRA, si l'échantillon ne rencontre pas les critères de qualité pour le NGS, l'analyse par PCR sera effectuée, car cette technique requiert une moins grande quantité d'ADN.
Limitations : <b>Les gènes de fusion et les CNV ne sont pas détectés.</b> 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 (pourcentage de cellules tumorales inférieur à 10% par exemple).