CHU de Québec Université Laval

REQUÊTE DE PATHOLOGIE MOLÉCULAIRE ET DE BIOMARQUEURS

PRESCRIPTEUR

Nom et Prenom complets _____ No de permis _____

Institution _____

No de telecopieur _____

Copie a (nom et prenom lisibles) _____ No de permis _____

No de telecopieur du Md en copie _____ Date (aaaa/mm/jj) _____

PATIENT

Nom _____ Prenom _____

Ramq _____

Dossier _____ Site _____

Sexe M ☐ F ☐

Date de naissance (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

Nº 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)	☐ Chondrosarcome myxoïde extra-squelettique t(9;22) EWSR1-TEC + t(9;17) TAF2N-TEC
☐ Réarrangement TCRγ, TCRδ, TCRβ (population monoclonale lymphocytes T)	☐ Dermatofibrosarcome t(17;22) COL1A1-PDGFB
☐ Lymphome anaplasique à grandes cellules (translocations de ALK)	☐ Dysplasie fibreuse (mutations de GNAS1)
☐ Lymphome du manteau t(11;14) BCL1	☐ Histiocytome fibreux angiomatoïde t(12;16) FUS-ATF1 + t(12;22) EWSR1-ATF1 + t(2;22) EWSR1-CREB1
☐ Lymphome folliculaire t(14;18) BCL2-JH	☐ 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
☐ BRAF V600 ☐ Mélanome ☐ Autre :_____	☐ 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
☐ Méthylation du promoteur MLH1	☐ Sarcome synovial t(X;18) SYT-SSX
	☐ Tumeur desmoplasique à petites cellules rondes t(11;22) EWSR1-WT1
☐ Carcinome rénal t(X;1) PRCC-TFE3 + t(X;17) ASPL-TFE3	☐ Détection de cytomégalovirus (CMV)
☐ Carcinome rénal t(6;11) alpha-TFEB	☐ 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)
AUTRE : ☐ Analyse de ploïdie	☐ 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, BCRA2, 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 PDGFRα, 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.