

GENOTYPAGE DES TUMEURS SOLIDES



PATIENT

Nom :

Prénom :

Nom de naissance :

Sexe :

Adresse :

CP : Ville :

Date de naissance : / /

N° sécurité sociale :

NB : en l'absence de N° SS, les analyses en B seront facturées à l'établissement de soin

N° portable :

MÉDECIN PRESCRIPTEUR RÉFÉRENT

Nom :

Prénom :

Adresse e-mail :

N° RPPS :

MEDECIN PRESCRIPTEUR

Cachet et signature obligatoires



Le patient doit avoir été informé que l'analyse est susceptible de révéler des caractéristiques génétiques constitutionnelles pouvant être responsables d'une affection grave justifiant des mesures de prévention, de conseil génétique ou de soins pour lui-même ou les membres de sa famille. Une attestation d'information doit être conservée dans le dossier médical

(Article R.1131-4-2 du code de la santé publique)

RENSEIGNEMENTS OBLIGATOIRES

SELON LA NATURE DU PRÉLEVEMENT :

TISSU TUMORAL FFPE

Date de prélèvement : / /

Contexte clinique : Diagnostic
 Progression sous thérapie ciblée
- Traitement :

- Altérations identifiées au diagnostic :
.....
.....

PATHOLOGISTE CORRESPONDANT

Cachet et signature obligatoires

ADN CIRCULANT (BIOPSIE LIQUIDE)

Date de prélèvement : / /

Contexte clinique : Diagnostic
 Progression sous thérapie ciblée
- Traitement :

- Altérations identifiées au diagnostic :
.....
.....

Nature du liquide : Sang
 Liquide pleural
 LCR
 Autre :
.....

N° bloc :

OBLIGATOIRE : Joindre une copie du compte rendu d'examen anatomopathologique

OBLIGATOIRE : Pourcentage de cellules malignes : %

Nature du matériel : Copeaux
 Bloc FFPE

Site anatomique :

Etat tumoral : Tumeur primitive
 Métastase

Mode de prélèvement : Pièce opératoire
 Biopsie
 Cytoponction



FICHE DE PRESCRIPTION MÉDICALE

DOCUMENT RECTO-VERSO



Laboratoire Cerba
Service de la Relation Client
Tél. : +33 (0)1 34 40 20 20
Fax : +33 (0)1 34 40 21 29
Email : src@lab-cerba.com

GENOTYPAGE DES TUMEURS SOLIDES

<input type="checkbox"/> Recherche de mutations (NGS ADN)	Type de cancer :										
<p>Panel de 42 gènes :</p> <p>AKT1, ALK, ATRX, BRAF, CDK4, CDK6, CDKN2A, CTNNB1, EGFR, ERBB2, ESR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FOXL2, GNA11, GNAQ, GNAS, H3C2, H3C3, H3F3A, H3F3B, HRAS, IDH1, IDH2, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, POLD1, POLE, PTEN, RET, ROS1, SMARCA4, STK11, TERT, TP53</p> <p>+ BRCA1 et BRCA2 (ovaire, prostate, sein, pancréas uniquement)</p> <p>+ score HRD (ovaire uniquement)</p> <p>+ principales fusions de ALK, ROS1, RET (ADN circulant uniquement)</p> <p>Tissu tumoral : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE ADN circulant : 2 tubes STRECK</p> <p>Cotation → selon indication :</p> <table> <tr><td>Colorectal</td><td>NABM B1475 + B813</td></tr> <tr><td>Ovaire</td><td>NABM B8120</td></tr> <tr><td>GIST</td><td>RIHN N508</td></tr> <tr><td>Prostate, sein, pancréas</td><td>RIHN N453</td></tr> <tr><td>Autres indications</td><td>RIHN N452</td></tr> </table>	Colorectal	NABM B1475 + B813	Ovaire	NABM B8120	GIST	RIHN N508	Prostate, sein, pancréas	RIHN N453	Autres indications	RIHN N452	<input type="checkbox"/> Poumon <input type="checkbox"/> Colorectal <input type="checkbox"/> Carcinome œsogastrique <input type="checkbox"/> GIST <input type="checkbox"/> Voies biliaires <input type="checkbox"/> Pancréas <input type="checkbox"/> Ovaire <input type="checkbox"/> Endomètre <input type="checkbox"/> Sein <input type="checkbox"/> Prostate <input type="checkbox"/> Voies urinaires / vessie <input type="checkbox"/> Thyroïde <input type="checkbox"/> Mélanome <input type="checkbox"/> Tumeur cérébrale <input type="checkbox"/> Primitif inconnu / autre
Colorectal	NABM B1475 + B813										
Ovaire	NABM B8120										
GIST	RIHN N508										
Prostate, sein, pancréas	RIHN N453										
Autres indications	RIHN N452										
<p><input type="checkbox"/> Recherche de fusions et anomalies d'épissage (RNAseq) OSRNA</p> <p>Panel de 18 gènes :</p> <p>ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, KRAS, MAML2, MET, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PIK3CA, PPARG, RET, ROS1</p>	<p>Tissu uniquement : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE</p> <p>Cotation : RIHN N452</p>										
<p><input type="checkbox"/> Recherche de grands réarrangements chromosomiques OSWGS</p> <p>Génome entier, dont :</p> <p>Co-délétion 1p/19q, gain du chr7, perte du chr10, délétion de CDKN2A</p>	<p>Tissu uniquement : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE (sauf demande NGS ADN associée)</p> <p>Cotation : RIHN N452</p>										
<p><input type="checkbox"/> EGFR, recherche ciblée rapide des principales mutations EGFRA</p>	<p>Tissu tumoral : 1 tube de 1 copeau à 5 µm ou bloc FFPE ADN circulant : 2 tubes STRECK</p> <p>Cotation : NABM B950</p>										
<p><input type="checkbox"/> BRAF, recherche ciblée de la mutation V600E BRAVE</p>	<p>Tissu uniquement : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE</p> <p>Cotation : NABM B1475</p>										
<p><input type="checkbox"/> Statut MSI MSI</p>	<p>Tissu uniquement : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE</p>										
<p><input type="checkbox"/> MLH1, méthylation du promoteur MEMLH</p>	<p>Cotation : RIHN N500 / N533</p>										
<p><input type="checkbox"/> MGMT, méthylation du promoteur MGMT</p>	<p>Tissu uniquement : 1 tube de 5 copeaux à 5 µm ou bloc FFPE</p> <p>Cotation : RIHN N532</p>										
<p><input type="checkbox"/> Test Endopredict ENDOP</p> <p>Renseignements obligatoires : - Taille de la tumeur (mm) : - Nombre de ganglions <u>envahis</u> :</p>	<p>Tissu uniquement : 2 tubes de 1 copeau à 10 µm ou bloc FFPE</p> <p>Cotation : RIHN N537</p>										
<p><input type="checkbox"/> FISH</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> ALK (fusion) ALKFI <input type="checkbox"/> MET (amplification) FITOH <input type="checkbox"/> HER2 (amplification) FSEIN (sein) / FITOH <input type="checkbox"/> Autre : 	<p>Tissu uniquement : 3 lames silanisées à 3 µm / cible ou bloc FFPE</p> <p>Cotation : NABM B500 (HER2, sein) NABM B1000 (autres FISH)</p>										