



SISTEMA NERVOSO CENTRALE

Paziente (etichetta)

Nome e cognome

.....

Data di nascita

.....

Indirizzo (via, NPA, località)

.....

.....

femmina

maschio

degente

ambulatoriale

Medico richiedente (timbro)

Copia del referto a:

1.

.....

2.

.....

3.

.....

Data della richiesta:

Motivo della richiesta:

Ricerca di qualsiasi target terapeutico

Ricerca di specifici target terapeutici

Monitoraggio

Altro:

Materiale:

Campione istologico, numero referto:

Campione citologico, numero referto:

Sede:

Diagnosi:

Note:

Profilo genico tumorale¹ (Next Generation Sequencing)*	Analisi di mutazioni² Metilazione² Fusioni geniche²	Immunoistochimica³ FISH⁴
<p>Ricerca completa (qualsiasi target terapeutico)</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Oncomine™ Comprehensive Assay v3 + Archer FusionPlex Custom Panel (mutazioni in 146 geni + fusioni geniche in 65 geni) + MSI <p>Ricerca specifica</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Oncomine™ Comprehensive Assay v3 (146 geni) <input type="checkbox"/> Ion AmpliSeq™ Cancer Hotspot Panel v2 (50 geni) <input type="checkbox"/> Oncomine™ Tumor Mutation Load Assay (409 geni) <input type="checkbox"/> Archer FusionPlex Custom Panel (65 geni) <input type="checkbox"/> Archer® FusionPlex Lung (14 geni) 	<p>Analisi di mutazioni</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> BRAF <input type="checkbox"/> H3F3A/ HIST1H3B <input type="checkbox"/> IDH1/2 <input type="checkbox"/> TERT <p>Metilazione</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> MGMT <input type="checkbox"/> Brain Tumor Methylation Classifier (Metiloma) <p>Fusioni geniche</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> NTRK1/2/3 	<p>IHC</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> BRAF V600E <input type="checkbox"/> PD-L1 <p>FISH</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> EGFR <input type="checkbox"/> 1p/19q <input type="checkbox"/> CDKN2A

Tariffe		
1	NGS - Ricerca completa NGS - Ricerca specifica	3294.2 PT OCAV3: 1882.4 PT, TML: 2353.0 PT, Archer Custom: 1882.4 PT Altri pannelli: 1411.8 PT
2	Analisi di mutazioni Metilazione Metiloma Fusioni geniche	470.6 PT per singolo gene 470.6 PT 470.6 PT 1411.8 PT
3	IHC	87.0 PT per singolo marcatore
4	FISH	470.6 PT per singolo gene

*Per il dettaglio dei geni inclusi nei pannelli NGS e dei tipi di alterazioni molecolari valutabili, consultare la pagina <https://www.eoc.ch/patologia/medici/esami-patologia-molecolare.html>.
Per altre informazioni tel. +41 (0)91 811 42 01, laboratoriopatologiamolecolare.ICP@eoc.ch.

Il laboratorio si riserva la possibilità di scegliere la metodica più appropriata.