

PROTECTION DES DONNEES PERSONNELLES

Dans le cadre d'une demande d'examen(s), le laboratoire de Biopathologie CHRU de Nancy / ICL est destinataire de l'identité du patient et des informations nécessaires à la réalisation des analyses. Le CHRU de Nancy et l'ICL s'engagent à respecter, sous le contrôle de la Commission Nationale de l'Informatique et des Libertés (CNIL), une totale confidentialité à propos des informations nominatives communiquées.

Le prescripteur est chargé d'informer le patient de la conservation de données personnelles de santé par le CHRU de Nancy et/ou l'ICL et, conformément aux dispositions de la loi du 6 janvier 1978 modifiée par la loi du 6 août 2004, qu'il dispose d'un droit d'accès, de rectification, d'interrogation et d'opposition aux informations le concernant. Pour cela, il peut adresser une lettre recommandée avec accusé de réception, en justifiant de son identité, à l'adresse suivante :

Département de Biopathologie
CHRU de Nancy / Institut de Cancérologie de Lorraine
6 avenue de Bourgogne – CS 30519
54519 Vandœuvre-lès-Nancy

Pour les patients pris en charge à l'ICL, ces informations sont formulées dans le livret d'accueil patient.

DEMANDE D'INFORMATION ET RECLAMATION

Pour toute demande d'information complémentaire ou réclamation, vous pouvez contacter le laboratoire au **03.83.65.60.36 / 03.83.65.60.17** ou par mail : ubt@nancy.unicancer.fr

Votre demande sera enregistrée et prise en compte par le personnel du département dans les plus brefs délais.

CONTACTS

Service de Biologie Moléculaire des Tumeurs Département de Biopathologie

CHRU de Nancy /
Institut de Cancérologie de Lorraine
6 avenue de Bourgogne – CS 30519
54519 Vandœuvre-lès-Nancy

Tél. : 03.83.65.60.36 / 03.83.65.60.17

Ouvert du lundi au vendredi de 8h à 16h30



Manuel de prélèvement dans le cadre des analyses de biologie moléculaire des tumeurs

INF0050 Version 27
Département de Biopathologie
CHRU de Nancy / Institut de Cancérologie de Lorraine



Conformément aux recommandations émises par l'INCa, certaines consignes doivent être suivies afin d'assurer la qualité des analyses de biologie moléculaire:

CONDITIONS DE PRESCRIPTION

- Le génotypage demandé doit être en accord avec les recommandations de l'INCa, c'est-à-dire figurer parmi les biomarqueurs reconnus ou émergents.
- Le prescripteur doit s'assurer qu'il a informé le patient et recueilli son consentement concernant l'éventualité de découverte fortuite de variants de prédisposition au cancer lors d'un examen tumoral. Un modèle de consentement est disponible si besoin et sur demande au secrétariat du laboratoire.

LA FIXATION DU PRÉLÈVEMENT TISSULAIRE

- Le fixateur recommandé est le **formol tamponné**. La durée de fixation en formol est au minimum de 6 à 8h, avec un temps de fixation optimal recommandé se situant entre 24 et 48h.
- Les fixateurs à base d'alcool ou les substituts du formol et l'AFA ne peuvent être considérés comme des standards. Les autres fixateurs (liquide de Bouin et autres fixateurs contenant de l'acide picrique ou des dérivés mercuriels) sont proscrits, car pouvant interférer avec les analyses moléculaires.

LE MATÉRIEL À NOUS TRANSMETTRE

Bloc tumoral :

- Il est recommandé de transmettre un bloc suffisamment riche en matériel tumoral et représentatif de la tumeur.
- Le prélèvement peut avoir été obtenu lors du diagnostic initial ou à distance, sur la tumeur primitive ou une métastase.
- Il est déconseillé de transmettre des lames blanches.
- Les blocs seront restitués de manière systématique à l'issue de l'examen moléculaire.
- Dans tous les cas, le bloc doit être identifié de manière univoque avec une référence permettant de relier le prélèvement à un patient.

Sang total :

- L'analyse nécessite 2 tubes de 10 mL.
- **Pour les prélèvements extérieurs** : le prélèvement doit être effectué dans des tubes contenant un stabilisateur de membrane, de type Cell-free DNA BCT Streck ou équivalent. Le laboratoire s'engage à fournir ces tubes aux services qui le demandent à l'adresse mail suivante : ubt@nancy.unicancer.fr. Le prélèvement doit être acheminé au laboratoire à température ambiante dans un délai maximal de 3 jours.
- **Pour les prélèvements internes** : le prélèvement peut être effectué dans des tubes EDTA (acheminement au laboratoire à température ambiante dans un délai maximal de 3 heures) ou dans des tubes de type Cell-free DNA BCT Streck ou équivalent (acheminement au laboratoire à température ambiante dans un délai maximal de 3 jours).
- En cas de forte chaleur ou de très basses températures, il convient d'adapter le transport afin que les prélèvements restent à température ambiante.
- Chaque tube doit être identifié de manière univoque avec une référence permettant de relier le prélèvement à un patient.

Extrait d'acides nucléiques :

- Des examens complémentaires pourront être effectués à partir d'extraits d'acides nucléiques déjà réalisés

TRANSPORT DU PRÉLÈVEMENT

- Le prélèvement doit être transporté à température ambiante et doit être suffisamment protégé pour éviter sa détérioration. L'emballage du prélèvement pour le transport doit suivre les recommandations en vigueur (triple emballage : un récipient primaire étanche, un emballage secondaire étanche, un emballage extérieur robuste compte tenu de sa contenance, de sa masse et de l'utilisation à laquelle il est destiné. Du matériau absorbant doit être placé entre le récipient primaire et l'emballage secondaire en quantité suffisante pour pouvoir absorber la totalité du contenu).
- Il est recommandé d'utiliser un courrier postal suivi ou les services d'un transporteur (pour les prélèvements sanguins notamment) permettant d'assurer le suivi du colis ou de la lettre.
- En cas d'envoi postal, faire figurer la mention « non mécanisable » sur l'enveloppe.
- Les tubes de sang provenant du CHRU de Nancy ou de l'ICL et à destination du Département de Biopathologie ne doivent pas être acheminés par pneumatique (le recours au système pneumatique pour les tubes de sang peut provoquer une hémolyse, avec un risque de diminution de la sensibilité analytique des techniques utilisées en biologie moléculaire).

LES DONNÉES ACCOMPAGNANT LE PRÉLÈVEMENT

Le prélèvement doit être accompagné des données suivantes, dont certaines figurent dans le compte-rendu d'anatomopathologie :

- Nom d'usage, nom de naissance, prénom et date de naissance du patient
- Nom, prénom et coordonnées du pathologiste responsable du diagnostic
- Date de prélèvement et heure de prélèvement (pour les prélèvements sanguins)
- Fixateur utilisé pour les blocs tumoraux
- Numéro d'identification du prélèvement dans le laboratoire d'origine
- Type histologique et état tumoral (primitif, métastase, origine)
- Type de prélèvement (pièce opératoire, biopsie, sang, liquide biologique)

LA DEMANDE D'EXAMEN DOIT INDIQUER

- Nom, prénom, n° RPPS, coordonnées et signature du prescripteur de l'examen de biologie moléculaire ainsi que l'établissement de rattachement et n° FINESS
 - Type d'analyse demandée
 - Date de prescription
 - Des éléments du contexte clinique (diagnostic moléculaire initial, progression clinique sous une thérapie ciblée...)
- Le bon de prescription est disponible sur le site internet de l'Institut de Cancérologie de Lorraine (<https://www.icl-lorraine.fr/je-suis-un-professionnel/biopathologie-demande-dexamens/>).

Références

- Bonnes pratiques pour la recherche à visée théranostique de mutations somatiques dans les tumeurs solides (INCa, Août 2010)
- Rôle du laboratoire d'anatomie pathologique dans l'approche pré-analytique des examens de biologie moléculaire réalisés en pathologie tumorale (Hofman V. *et al.*, Ann Pathol 2010)

Manuel de prélèvement

Catalogue des Examens

FAMILLE/SOUS -FAMILLE	EXAMEN / ANALYSE	NATURE DE L'ECHANTILLON BIOLOGIQUE	PRINCIPE DE LA METHODE ET EQUIPEMENT	INDICATION
Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)	<p>Panel de recherche de mutations de gènes, identifié « Capture » : 54 gènes</p> <p>AKT1 Exon 3 ALK Exons 21, 22, 23, 24, 25 BRAF Exons 11, 15 BRCA1 Exons 2-23 BRCA2 Exons 2-27 CDK4 Exons 2 CDKN2A Exons 1, 2, 3 CTNNB1 Exons 3, 7, 8 DDR2 Exon 18 DICER1 Exons 24, 25 EGFR Exons 18, 19, 20, 21 ERBB2 Exons 8, 17, 20 ERBB4 Exons 10, 12 ESR1 Exons 2-10 FBXW7 Exons 6, 7, 8, 9, 10 FGFR1 Exons 12, 14 FGFR2 Exons 7, 12, 14 FGFR3 Exons 7, 9, 14, 16 FGFR4 Exons 11-17 FOXL2 Exon 1 GNA11 Exons 4, 5 GNAQ Exons 4, 5 GNAS Exon 8 H3F3A Exon 2* H3F3B Exon 2* HIST1H3B Exon 1 HRAS Exons 2, 3, 4 IDH1 Exon 4 IDH2 Exon 4 KEAP1 Exons 2-6 KIT Exons 8, 9, 10, 11, 13, 17, 18 KLF4 Exon 4 KRAS Exon 2, 3, 4 MAP2K1 Exons 2, 3 MET Exons 2, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 MYOD1 Exon 1 NRAS Exons 2, 3, 4 PDGFRA Exons 12, 14, 18 PIK3CA Exons 2-21 POLE Exons 8-17 PTCH1 Exons 14, 18-23 PTEN Exons 2-10 PTPN11 Exon 3 RAC1 Exon 3 RAF1 Exons 7, 10*, 12, 13*, 14*, 15* RET Exons 11, 13, 15, 16 ROS1 Exons 38*, 41* SF3B1 Exons 15, 16, 17 SMAD4 Exons 8, 9, 10, 11, 12 SMO Exons 3-10 STK11 Exons 1-8 TERT promoteurs 1*, 8*, 9* et 12* TRAF7 Exons 8, 13, 17, 19, 20</p>	Tissu inclus en paraffine ou congelé	Séquençage haut-débit NextSeq (illumina) Kit capture Custom Solid Tumor Solution de Sophia Genetics	Recherche de variants tumoraux pour les indications théranostiques selon les recommandations de l'INCa. Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement

Manuel de prélèvement

	TP53 Exons 2-11 *hotspots			
Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)	<p>Panel de recherche de variants de gènes et recherche de l'instabilité génomique, identifié « Panel HRD »</p> <p>AKT1 exons 1 à 15, ATM exons 1 à 63, BARD1 exons 1 à 11, BRCA1 Exons 1 à 22, BRCA2 exons 1 à 27, BRIP1 exons 1 à 20, CCNE1 exons 1 à 11, CDK12 exons 1 à 14, CHEK1 exons 1 à 14, CHEK2 exons1 à 16, ESR1 exons 1 à 10, FANCA exons 1 à 43, FANCD2 exons 1 à 44, FANCL exons 1 à 14, FGFR1 Exons 1 à 19, FGFR2 exons1 à 18, FGFR3 exons 1 à 18, MRE11 exons 1 à 20, NBN exons 1 à 17, PALB2 exons 1 à 13, PIK3CA exons 1 à 21, PPP2R2A exons 1 à 10, PTEN exons 1 à 10, RAD51B exons 1 à 11, RAD51C exons 1 à 9, RAD51Dexons 1 à 10, RAD54L exons 1 à 19, TP53 exons 1 à 12</p>	Tissu inclus en paraffine	<p>Séquençage haut-débit NextSeq 550 (illumina) Kit Sophia DDM Dx Homologous Recombination Deficiency Solution de Sophia Genetics</p>	<p>Recherche de variants tumoraux pour les indications théranostiques selon les recommandations de l'ESMO. Délais indicatifs : 21 jours à réception du prélèvement</p>
Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)	<p>Panel de recherche de variants et fusions de gènes, identifié « Panel Capture HederDx de 32 gènes sur Biopsie Liquide »</p> <p>AKT1 exon-4_NM_001382430.1, ALK exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-27-28-29_ NM_004304.5, BRAF exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18_ NM_004333.6, EGFR exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-27-28_ NM_005228.5, ERBB2 exon-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-25-26-27_ NM_004448.4, ESR1 exons-5-6-7-8_ NM_000125.4, FGFR1 exons-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15_ NM_023110.3, FGFR2 exons-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18_ NM_000141.5, FGFR3 exon-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18_ NM_000142.5, FGFR4 exon-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18_ NM_213647.3, GNA11 exons-4-5_ NM_002067.5, GNAQ exons4-5_ NM_002072.5, GNAS exons-8-9_ NM_000516.7, HRAS exons-2-3-4-5_ NM_005343.4, IDH1 exon-4_ NM_005896.4, IDH2 -exons-4-5_ NM_002168.4,</p>	Biopsie Liquide	<p>Séquençage haut-débit NextSeq (illumina) Kit HederDx Profiling 2 ctDNA with UMI de HederDx</p>	<p>Recherche de variants tumoraux et fusions de gènes pour les indications théranostiques selon les recommandations de l'INCa et de l'ESMO. Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement</p>

Manuel de prélèvement

	<p>KEAP1 exons-2-3-4-5-6_ NM_203500.2, KIT exon-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21_ NM_000222.3, KRAS exons-2-3-4-5_ NM_004985.5, MAP2K1 exons-2-3-4-5-6-8_ NM_002755.4, MET exons-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21_ NM_000245.4, NRAS exons-2-3-4-5_ NM_002524.5, NTRK1 exons-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17_ NM_002529.4, NTRK2 exons-14-15-16-17-18-19_ NM_006180.6, NTRK3 exon-15-16-17-18-19-20_ NM_001012338.3, PDGFRA exons-12-18_ NM_006206.6, PIK3CA exons-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21_ NM_006218.4, PTEN exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9_ NM_000314.8, RET exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19-20_ NM_020975.6, ROS1 exons-32-33-34-35-36-37-38-39-40-41-42_ NM_001378902.1, STK11 exons-1-2-3-4-5-6-7-8-9_ NM_000455.5, TP53 exons-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11_ NM_000546.6</p>			
<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Recherche de fusions de gènes, identifié Panel « RNAseq » de 14 gènes : -ALK exons 2,4,6,10,16,17,18,19,20,21,22,23,26 (en 5'), variants T1151-C1156,F1174,L1196-S1206, G1269 - BRAF exons 2,7,8,9,10,11,12,15,16 (en 5') exons 1,3,7,8,10,13 (en 3'), variants V600 - EGFR exons 7,8,9,16,19,20 (en 5') exon skipping 8 (en5'), exons 1,24,25 (en 3'), exon skipping 1 (en 3'), variants E709-G719, E746-L760, V774-G76, L858-L861 - FGFR1 exons 2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,17 (en 5') exons 12,17 (en 3') - FGFR2 exons 2,5,7,8,9,10 (en 5') exons 16,17 (en 3') - FGFR3 exons 3,5,8,9,10 (en 5') exons 16,17,18 (en 3') - MET exons 2,4,5,6,13,14,15,16,17,21 (en 5') exon skipping 15 (en 5') exons 2,13 (en 3') exon skipping 13 (en 3') - NRG1 exons 1,2,3,4,6,8 (en 5') exon 1 (en 3') - NTRK1 exons 2,4,6,8,10,11,12,13 (en 5') - NTRK2 exons 5,7,9,11,12,13,14,15,16,17 (en 5') - NTRK3 exons 4,7,10,12,13,14,15,16 (en 5'), exons 13,14,15 (en 3') - RET exons 2,4,6,8,9,10,11,12,13,14 (en 5'), variants A883, M918 - ROS1 exons 2,4,7,31,32,33,34,35,36,37 (en 5'), variant G2032 - KRAS uniquement les variants G12-G13, Q61</p>	<p>Tissu inclus en paraffine</p>	<p>Séquençage haut-débit MiSeq (illumina) Kit FusionPlex Lung de ArcherDx</p>	<p>Recherche d'altérations tumorales à visée théranostique, diagnostique et pronostique Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement</p>

Manuel de prélèvement

<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Recherche de fusions de gènes, identifié Panel « RNAseq Sarcome » de 55 gènes :</p> <ul style="list-style-type: none"> -ALK exons 2,4,6,8,10,12,14,16,17,18,19,intron 19,20, mid-exon20, 21,22,23,26 (en 5') exons 1,2 (en 3') -BCOR exons 2,4,mid-exon 4,6,7, mid-exon 7,10, 12,14,15 (en 3') exons 3,mid-exon2,4,mid-exon4,5,6,7,8,9,11,15 (en5') exon 8 (en5') -BRAF exons 1,2,3,7,8,10,13,18 (en 3') exons 2,3,4,5,7,8,9,10,11,12,15,16 (en 5') -CAMTA1 exon 3 (en 3') exons 8,9,mid-exon9,10 (en5') -CIC exons12,14,15,16,17,18,mid-exon19,19,mid-exon20,20* (en 3') exon 12 (en 5') -CSF1 exons 5,6,7,8*,9* (en 3') exons CSF1 exons 5,6,7,8*,9* (en 3') exons 2,3,4,5,6 (en 5') -EGFR exons 1,24,25 (en 3') exons 7,8,9,15,16,17,18,19,20 (en 5') -EPC1 exons 9,10,11 (en 3') -ERG exons 2*,3*,4,5,6,7,8,9,10,11 (en 5') -ESR1 exons 3,4,5, 6,7 (en 3') exons 7,8 (en 5') -EWSR1 exons 4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14 (en 3') exon 8 (en 5') -FGFR1 exons 12,17 (en 3') exons 2*,3,4,5,6,7,8,9,10,11,17 (en 5') -FGFR2 exons 16,17,18 (en 3') exons 2*,3,5,6,7,8,9,10 (en 5') -FGFR3 exons16,17,intron17,mid-exon18 (en 3') exons 3,5,8,9,10,11,12,13,14 (en 5') -FOS mid-exon4 (en3') -FOSB exons 1*, mid-exon1*,1,2 (en 5') -FOXO1 exons 1*,2*,3 (en 3') exons 1*,2*,3 (en 5') -FUS exons 3,4,5,mid-exons 6,6,7,8,9,10,11,13,14 (en 3') -GLI1 exons 4,5,6,7 (en 3') exons 4,5,mid-exons 5,6,7 (en 5') -HMGA2 exons 1,2,3,4,mid-exons5*,5* (en 3') -JAZF1 exons 2,3,4 (en 3') -MDM2 exons 2,4,6,8,10 (en 3') exons 5,9 (en 5') -MEAF6 exons 4,5 (en 3') -MET exons 2,13 (en 3') exons 2,4,5,6,13,14,15,16,17,21 (en 5') -MGEA5 exons 4,5,6,7,8,9,12,13,14,15 (en 5') -MKL2 exons 11,12,13 (en 5') -NCOA1 exons 11,12,13,14,intron 14,15 (en 5') -NCOA2 exons 14 (en 3') exons 11,12,13,14, intron 14,15,16,22 (en 5') -NR4A3 exon 8 (en 3') exons 2*,3*,4,5,7,9 (en 5') -NTRK1 exons 1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,(en 5') -NTRK2 exons11,14 (en 3') exons 4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,1,7,18 (en 5') -NTRK3 exons 13,14,15,17 (en 3') exons15 (en 5') exons 3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16 (en 5') -NUTM1 exons 2*,3, mid-exon3,4,5, mid-exon 6,6 (en5') -PAX3 exons 3,5,6,7,8 (en 3') exons 2,4,8 (en 5') -PDGFB exons 2,3 (en 5') -PHF1 exons 10,11,12 (en 3') exons 1*,2 (en 5') -PLAG1 exons 1,2,3,4 (en 5') -PRKCA exons 4,5,6,9 (en 5') 	<p>Tissu inclus en paraffine</p>	<p>Séquençage haut-débit MiSeq (illumina) Kit FusionPlex Expanded Sarcoma de ArcherDx</p>	<p>Recherche d'altérations tumorales à visée théranostique, diagnostique et pronostique Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement</p>
---	---	----------------------------------	---	---

Manuel de prélèvement

	<p>PRKCB exons 1,3,7,8,9 (en 5')</p> <p>-PRKCD exons 10,11,12 (en 5')</p> <p>-RAF1 exons 4,5,6,7,9 (en 3') exons 4,5,6,7,8,9,10,11,12 (en 5')</p> <p>-RET exons 2,4,6 (en 5') exons 8,9,10,11, mid-exon11,12,13,14 (en 5')</p> <p>-ROS1 exons 2,4,7,31,32,33,34,35,36,37 (en 5')</p> <p>-SS18 exons 4,5,6,8,9,10 (en 3') exons 2,3,4,5,6,10,11 (en 5')</p> <p>-STAT6 exons 1*,2*,3,4,5,6,7,15,16,17,18,19,30 (en 5')</p> <p>-TAF15 exons 5,6,7,9 (en 3') exons 6,7 (en 5')</p> <p>-TCF12 exons4,5,6 (en 3')</p> <p>-TFE3 exns 2,3,4,5,6 (en 3') exons 2,3,4,5,6,7,8 (en 5')</p> <p>-TFG exons 3,4,5,6,7, mid-exon8 (en 3') exon6 (en 5')</p> <p>-USP6 exons 1*, mid-exon1*,2*,3 (en 5')</p> <p>-VGLL2 exons 1,2,3, intron 3,4 (en 3')</p> <p>-YAP1 exons 1,2,3,4,5,6,7 (en 3') exons1, mid-exon 1,2,3,4,8,9 (en 5')</p> <p>-YWHAE exon 5 (en 3')</p>			
Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)	Recherche de variants hotspots du gène <i>EGFR</i> (exons 18, 19, 20 et 21)	Tissu inclus en paraffine	Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)	<p>Recherche de variants conférant une sensibilité ou une résistance du gène <i>EGFR</i> dans le cadre de la prescription d'inhibiteurs de l'activité tyrosine-kinase de l'<i>EGFR</i> dans le cancer bronchique non à petites cellules.</p> <p>Délais indicatifs : 7 jours à réception du prélèvement.</p>
	Recherche de variants hotspots du gène <i>BRAF</i> (exon 15, variants V600E, V600K, V600R)	Tissu inclus en paraffine	Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)	<p>Recherche des variants de l'exon 15 du gène <i>BRAF</i> dans le cadre de la prescription d'inhibiteurs de <i>BRAF</i> chez les patients atteints d'un mélanome métastatique.</p> <p>Recherche des variants de l'exon 15 du gène <i>BRAF</i> comme biomarqueur pronostique et théranostique chez les patients atteints d'un cancer colorectal métastatique.</p> <p>Délais indicatifs : 7 jours à réception du prélèvement.</p>
	Recherche de variants hotspots du gène <i>KRAS</i> (exons 2, 3 et 4)	Tissu inclus en paraffine	Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)	<p>Recherche des variants des exons 2, 3 et 4 des gènes <i>KRAS</i> et <i>NRAS</i> dans le cadre de la prescription d'anticorps monoclonaux anti-<i>EGFR</i> chez les patients atteints d'un cancer colorectal métastatique.</p> <p>Délais indicatifs : 7 jours à réception du prélèvement.</p>
	Recherche de variants hotspots du gène <i>NRAS</i> (exons 2, 3 et 4)	Tissu inclus en paraffine	Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)	
	Recherche d'instabilités microsatellitaires (MSI)	Tissu inclus en paraffine	<p>Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)</p> <p>Analyse de 7 marqueurs (ACVR2A, BTBD7, DIDO1, MRE11, RYR3, SEC31A, SULF2)</p> <p>Séquençage haut-débit NextSeq (illumina)</p> <p>Kit capture Custom Solid Tumor Solution de Sophia Genetics</p> <p>Analyse de 6 régions microsatellitaires (BAT25, BAT26, CAT25, NR21, NR22, NR27)</p>	<p>Recherche d'instabilités microsatellitaires dans le cadre du pronostic et de la prescription d'immunothérapie chez les patients atteints d'un cancer solide</p> <p>Délais indicatifs : Délais indicatifs : 7 jours à réception du prélèvement. (technique idylla), 15 jours à réception du prélèvement (séquençage)</p>
Recherche des réarrangements des Immunoglobulines	ADN extrait de tissu inclus en paraffine ou congelé	PCR Multiplex + analyse de fragments (séquenceur 3500 Dx)	<p>Recherche de clonalité B pour aide au diagnostic des tumeurs lymphoïdes.</p> <p>Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement</p>	

Manuel de prélèvement

Recherche des réarrangements des récepteurs des Lymphocytes T	ADN extrait de tissu inclus en paraffine ou congelé	PCR Multiplex + analyse de fragments (séquenceur 3500 Dx)	Recherche de clonalité T pour aide au diagnostic des tumeurs lymphoïdes. Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement
Recherche de méthylation du promoteur du gène MGMT	Tissu inclus en paraffine	Bisulfitation de l'ADN, PCR et analyse de fragments (séquenceur 3500 Dx).	Recherche de méthylation du promoteur du gène MGMT à visée théranostique. Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement
Remaniements chromosomiques, variation du nombre de copies (CNV) par CGH	ADN extrait de tissu inclus en paraffine ou congelé	Hybridation moléculaire ("puce à ADN", CGH+ SNP array)	Recherche de gain ou de perte de matériel génomique à visée diagnostique. Délais indicatifs : 21 jours à réception du prélèvement
Etude de la régulation du gène MLH1 : Analyse épigénétique (méthylation du promoteur MLH1)	ADN extrait de tissu inclus en paraffine	ddPCR : Analyse du statut de méthylation du promoteur du gène MLH1	Recherche de méthylation du promoteur du gène MLH1 à visée diagnostique Délais indicatifs : 15 jours à réception du prélèvement.
Extraction et dosage d'ADN	Tissu inclus en paraffine ou congelé, sang (cfDNA)	Kit extraction QIAGEN Fluorimétrie (Qubit)	Extraction de l'ADN tumoral pour analyse des altérations tumorales.
	Tissu inclus en paraffine ou congelé	Extraction QIAGEN Dosage sur Biospec Nano	Extraction de l'ADN tumoral pour recherche de clonalité.
Extraction et dosage d'ARN	Tissu inclus en paraffine	Kit extraction QIAGEN Fluorimétrie (Qubit)	Extraction de l'ARN tumoral pour analyse des altérations tumorales.
Extraction et dosage d'ADN et ARN	Tissu inclus en paraffine ou congelé, sang (cfDNA)	Extraction sur automate Maxwell CSC48 (Promega) Fluorimétrie (Qubit)	Extraction de l'ADN et l'ARN tumoral pour analyse des altérations tumorales.

