

Bon de prescription d'ANALYSES MOLECULAIRES sur TUMEURS SOLIDES
auprès du Département de Biopathologie-Pharmacologie du Centre A Lacassagne - Nice
destiné aux prescripteurs externes au CAL

Transmettre le bloc tumoral au Laboratoire d'Anatomo-cyto-pathologie du CAL

Horaires de réception des prélèvements : Du lundi au vendredi de 8h à 17h30

(le bloc sera retourné au pathologiste une fois l'analyse validée)

Transmettre les copeaux tumoraux ou l'ADN au Laboratoire d'Oncopharmacologie du CAL

Horaires de réception des prélèvements : Du lundi au vendredi de 8h à 17h

Accompagné du bon de prescription dûment rempli-signé et du compte-rendu d'anatomopathologie

La conformité de la prescription est un élément clé de la sécurité et conditionne la réalisation de l'examen (recommandations HAS – juin 2009)

Destinataire : Centre Antoine Lacassagne, 33 Av de Valombrose, 06189 Nice cedex 2

Laboratoire d'Anatomo-cyto-pathologie Dr Juliette HAUDEBOURG, responsable du laboratoire Juliette.haudebourg@nice.unicancer.fr Tél : 04 92 03 11 75 Fax : 04 92 03 16 29	Laboratoire d'Oncopharmacologie, Bâtiment B 1^{er} étage (accès par terrasse extérieure) Dr Marie-Christine ETIENNE-GRIMALDI, responsable du laboratoire Service.oncopharmacologie@nice.unicancer.fr Tél : 04 92 03 15 55 Fax : 04 92 03 15 49
---	---

PATIENT ou étiquette

Nom d'usage : Nom de naissance :
 Prénom : Date de naissance : / / Sexe : M F

ANALYSES DEMANDEES

Recherche d'altérations moléculaires (voir détails au verso) :

- Mutations *KRAS/NRAS*
- Mutations *BRAF*
- Mutations *PIK3CA*
- Instabilités microsatellitaires (statut MSI)
- Panel 54 gènes tumeurs solides incluant MSI et amplifications (analyse NGS)
- Panel 20 gènes de réparation incluant BRCA1/2 (analyse NGS)
- Transcrits de fusion (RNA Seq)
- Autre*:

* Avec accord du biologiste / pathologiste

Demande d'analyse immunohistochimique :

- ALK
- ROS1
- PDL1
- NTRK
- MLH1/PMS2/MSH2/MSH6
- Autre*:

PRESCRIPTEUR et MOTIF de la PRESCRIPTION

NOM, prénom : Tel : Fax :
 Email : @
 Service / Etablissement / Ville :
 Date de la prescription: / /
 Signature: Motif: Recherche de marqueurs théranostiques (AMM ou hors AMM)
 Recherche de marqueurs pronostiques
 Progression sous traitement ciblé, préciser :
 Suspicion d'un Syndrome de prédisposition héréditaire aux cancers
 Autre :

ECHANTILLON TUMORAL

NOM du Pathologiste : Laboratoire / Ville :
 Email : Tel : Fax :
Nature du matériel transmis: Bloc tumoral, si plusieurs préciser Copeaux de bloc tumoral ou ADN, dans ces 2 cas préciser:
 - Pourcentage de cellules tumorales dans la zone sélectionnée: % Validé par le Dr
 - Si macrodissection: oui/ non Signature :

Référence du(des) bloc tumoral correspondant : Date du prélèvement: / /

Nature de la tumeur :

Localisation du cancer primitif : Type histologique:
 Stade du prélèvement: Tumeur primitive Récidive locale Métastase, préciser l'organe:
 Type du prélèvement: Pièce opératoire Biopsie

RÉCEPTION en Oncopharmacologie et CONFORMITÉ du prélèvement

Personne ayant réceptionné le prélèvement :
 Prélèvement(s) conforme(s) : Oui Non, préciser :

Date et heure de réception :

Détails des anomalies moléculaires recherchés et techniques:

Noter que ces analyses requièrent au moins 30% de cellules tumorales dans l'échantillon

Mutations KRAS*: G12A, G12C, G12D, G12R, G12S, G12V, G13A, G13C, G13D, G13R, G13V, A59E, A59G, A59S, A59T, A59V, Q61E, Q61H, Q61K, Q61L, Q61P, Q61R, K117N, A146G, A146P, A146T, A146V.

Mutations NRAS*: G12A, G12C, G12D, G12R, G12S, G12V, G13A, G13C, G13D, G13R, G13S, G13V, Q61E, Q61H, Q61K, Q61L, Q61P, Q61R, A146T.

Mutations BRAF*: G469A, G469E, G469R, G469S, G469V, D594G, D594V, L597P, L597Q, L597R, L597S, L597V, V600A, V600D, V600E, V600G, V600K, V600L, V600M, V600Q, V600R, V600_K601>E.

Mutations PIK3CA*: E542G, E542K, E542Q, E542V, E545A, E545G, E545K, E545Q, E545V, Q546E, Q546K, Q546L, Q546P, Q546R, N1044D, N1044Y, H1047L, H1047P, H1047Q, H1047R, H1047Y.

* Mutations recherchées par la technique Mass Array Agena.

Instabilités microsatellites: Les 5 microsatellites du consensus de Bethesda II (BAT25, BAT26, NR27, NR21, NR24) sont analysés par électrophorèse capillaire (séquenceur Beckman CEQ8000).

Détail du panel 54 gènes tumeurs solides (C_STS_E_v1 Sophia Genetics, taille 68 KB, sur MiniSeq Illumina):

Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq
AKT1	3	NM_001014431.1	FGFR3	7, 9, 14,16	NM_000142.4	NRAS	[2 - 4]	NM_002524.4
ALK	[21 - 25]	NM_004304.4	FOXL2	1*	NM_023067.3	PDGFRA	12,14, 18	NM_006206.5
BIRC3	2	NM_001165	GNA11	4,5	NM_002067.4	PIK3CA	2*,3,6*, 8, 10, 21	NM_006218.3
BRAF	11, 15	NM_004333.5	GNAQ	4,5	NM_002072.4	POLE	[9-14]	NM_006231.3
CASP2	12	NM_001224	GNAS	8	NM_000516.4	PTEN	[1-9]	NM_000314.7
CCND1	[1-5]	NM_053056.2	H3F3A	2*	NM_002107.4	PTPN11	3	NM_002834.4
CDK4	2	NM_000075.3	H3F3B	2*	NM_005324.4	RAC1	3	NM_006908.4
CDKN2A	1*, 2, 3	NM_000077.4	HIST1H3B	1	NM_003537.3	RAF1	7, 10, 12, 13*,14*,15*	NM_002880.3
CTNNB1	3	NM_00001098209.1	HRAS	[2 - 4]	NM_001130442.2	RET	11, 13, 15, 16	NM_020630.5
DDR2	18	NM_001014796.2	IDH1	4	NM_005896.2	ROS1	38*,41*	NM_002944.2
DICER1	24, 25	NM_001195573.1	IDH2	4	NM_002168.3	SEC63	16	NM_007214
EGFR	[18- 21]	NM_005228.3	KIT	[8-11], 13, 17,18	NM_000222.2	SF3B1	[15-17]	NM_001005526.2
ERBB2	8,17,20	NM_001005862.2	KRAS	[2 - 4]	NM_004985.4	SLC7A8	1	NM_012244
ERBB4	10,12	NM_001042599.1	MAP2K1	2,3	NM_002755.3	SMAD4	[8-12]	NM_005359.5
ESR1	[4-8]	NM_000125.3	MET	2, [14 -20]	NM_000245.3	STT3A	18	NM_152713
FBXW7	[8 - 12]	NM_001013415.2	MSH2	5	NM_000251	TERT	(Promoter,1,8,9,13)*	NM_001193376.1
FGFR1	13,15	NM_001174063.1	MYC	[1-3]	NM_002467.5	TP53	Full coding region	NM_000546.5
FGFR2	7,12, 14	NM_000141.4	MYOD1	1	NM_002478.4	ZNF2	5	NM_021088

(*) uniquement les Hotspots. Les 16 gènes recommandés par l'INCa « Panel tumeurs solides v1.1, 2016 » sont indiqués en gras.

Ce panel inclut la recherche d'amplifications (Copy Number Variation, CNV) pour les 37 gènes suivants : **ALK, BRAF, CCND1, CDK4, CDKN2A, CTNNB1, DICER1, EGFR, ERBB2, ERBB4, ESR1, FBXW7, FGFR 1/2/3, FOXL2, GNAQ, HIST1H3B, HRAS, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, MYC, MYOD1, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, POLE, PTEN, RAF1, RET, ROS1, SF3B1, SMAD4, TERT, TP53**, ainsi que l'analyse des microsatellites BAT25, BAT26, CAT25, NR21, NR22 et NR27.

Détail du panel 20 gènes de réparation (GREAT_A_v1 Sophia Genetics, taille 86 KB, sur MiniSeq Illumina):

Séquençage de l'ensemble des régions codantes (±25 pb). Cette technique ne permet pas de détecter les réarrangements génomiques de grande taille (RGT) et ne se substitue pas à une analyse d'oncogénétique constitutionnelle.

Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq
ATM	NM_000051.3	CDK12	NM_00016507.3	FANCL	NM_018062.3	RAD51B	NM_001321812.1
BARD1	NM_000465.3	CHEK1	NM_001114121.2	MRE11	NM_005591.3	RAD51C	NM_058216.2
BRCA1	NM_007294.3	CHEK2	NM_007194.3	NBN	NM_0002485.4	RAD51D	NM_002878.3
BRCA2	NM_000059.3	FANCA	NM_000135.2	PALB2	NM_024675.3	RAD54L	NM_003579.3
BRIP1	NM_032043.2	FANCD2	NM_0001018115.2	PPP2R2A	NM_002717.3	TP53	NM_000546.5

Liste des transcrits de fusion explorés (CSTS_E PLUS v1 Sophia Genetics, sur MiniSeq Illumina) :

Gènes	Partenaires référencés dans les bases de données (COSMIC, CHIMERDB)
AKT2	C19orf12, TSHZ3
ALK	ATIC, CLTC, DCTN1, EML4, FN1, GCC2, KIF5B, RANBP2, TPM3, VCL
BRAF	AGAP3, AGK, CCDC6, CDK5RAP2, CUL1, FAM131B, GIPC2, KIAA1549, MKRN1, MYH14, OSBPL9, PHTF2, PJA2, PRKAR1B, PRKAR2B, RBM33, SCRIB, SND1, ZNF207
EGFR	EGFR, RAD51
ERBB2	GRB7, C1orf87
FGFR1	ACPP, RAB11FIP1
FGFR2	AHCYL1, CEP112, CTNNA3
FGFR3	TACC3, TNIP2, JAKMIP1
MET	MET
NTRK1	GON4L, LMNA, TPM3
NTRK3	EML4, ETV6, KHDRBS1, MYO5A
RELA	C11orf95
PPARG	PAX8
RET	CCDC6, KIF5B, NCOA4, PDCD10, PRKAR1A, RASSF4, TFG
ROS1	CD74, CEP85L, EZR, GOLGB1, GOPC, PLAGL1, SDC4, SLC16A10, SLC34A2, SLC4A4, TPM3, ZCCHC8

