

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 Valombrese, 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 « tumeur solide » incluant amplification (analyse NGS)
- Panel GREAT 20 gènes de réparation incluant BRCA1/2 (analyse NGS)
- Transcrits de fusion (RNA Seq sur panel Agilent 53 gènes)
- Recherche du génome viral HPV16
- Autre* :

Demande d'analyse immunohistochimique :

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

* Avec accord du biologiste ou pathologiste

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 tumoral transmis: Bloc, si plusieurs préciser Copeaux 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:
 Prélèvement correspondant à : Tumeur primitive Récidive locale Métastase, l'organe:
 Type du prélèvement: Pièce opératoire Biopsie
Transmission de tissu sain souhaitable pour la recherche d'instabilités microsatellitaires dans les tumeurs de l'ovaire et de l'utérus:
 Si oui : Bloc, préciser N° du bloc Copeaux ADN

RÉCEPTION en Oncopharmacologie et CONFORMITÉ du prélèvement Personne ayant réceptionné le prélèvement : Prélèvement(s) conforme(s) : <input type="checkbox"/> Oui <input type="checkbox"/> Non, préciser :	Date et heure de réception :
--	------------------------------------

Détails des anomalies moléculaires recherchés :

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

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

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

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

* mutations uniquement identifiables par la technique Mass Array.

Cotations KRAS/NRAS/BRAF/PIK3CA :

forfait colorectal métastatique KRAS/NRAS N523, forfait mélanome BRAF V600/NRAS N525, BRAF V600 N501, BRAF hors V600 N535, PIK3CA N531, autre indication et par locus N408.

Microsatellites (cotation N500) :

NR21, NR22 (uniquement en NGS), NR24 (uniquement en analyse de fragment), NR27, BAT25, BAT26, et CAT25 (uniquement en NGS)

Détail du panel 54 gènes tumeurs solides (cotation N453) :

C_STS_E_v1 Sophia Genetics (taille 68 KB)

Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq
AKT1	3	NM_001382430	FGFR3	7, 9, 14,16	NM_000142	NRAS	[2 - 4]	NM_002524
ALK	[21 - 25]	NM_004304	FOXL2	1*	NM_023067	PDGFRA	12,14, 18	NM_006206
BIRC3	2	NM_001165	GNA11	4,5	NM_002067	PIK3CA	2*,3,6*, 8, 10, 21	NM_006218
BRAF	11, 15	NM_004333	GNAQ	4,5	NM_002072	POLE	[9-14]	NM_006231
CASP2	12	NM_001224	GNAS	8	NM_000516	PTEN	[1-9]	NM_000314
CCND1	[1-5]	NM_053056	H3-3A	2*	NM_002107	PTPN11	3	NM_002834
CDK4	2	NM_000075	H3-3B	2*	NM_005324	RAC1	3	NM_006908
CDKN2A	1*, 2, 3	NM_000077	H3C2 (HIST1H3B)	1	NM_003537	RAF1	7, 10, 12, 13*,14*,15*	NM_002880
CTNNB1	3	NM_001904	HRAS	[2 - 4]	NM_005343	RET	11, 13, 15, 16	NM_020630
DDR2	18	NM_006182	IDH1	4	NM_005896	ROS1	38*,41*	NM_002944
DICER1	24, 25	NM_177438	IDH2	4	NM_002168	SEC63	16	NM_007214
EGFR	[18- 21]	NM_005228	KIT	[8-11], 13, 17,18	NM_000222	SF3B1	[15-17]	NM_012433
ERBB2	8,17,20	NM_004448	KRAS	[2 - 4]	NM_004985	SLC7A8	1	NM_012244
ERBB4	10,12	NM_005235	MAP2K1	2,3	NM_002755	SMAD4	[8-12]	NM_005359
ESR1	[4-8]	NM_000125	MET	2, [14 -20]	NM_000245	STT3A	18	NM_152713
FBXW7	[8 - 12]	NM_033632	MSH2	5	NM_000251	TERT	(Promoter,1,8,9,13)*	NM_198253
FGFR1	13,15	NM_023110	MYC	[1-3]	NM_002467	TP53	Full coding region	NM_000546
FGFR2	7,12, 14	NM_000141	MYOD1	1	NM_002478	ZNF2	5	NM_021088

(*) uniquement les Hotspots. Les 16 Gènes listés dans les recommandations INCA « panel tumeurs solides » (v1.1, 2016) sont indiqués en gras.

Détail des 37 gènes analysé pour amplification (CNV): 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.

Détail du panel 20 gènes de réparation (cotation N453) :

GREAT_A_v1 Sophia Genetics (taille 86 KB). Séquençage de l'ensemble des régions codantes ±25 pb.

Cette technique ne permet pas de détecter les réarrangements génomiques de grande taille (RGT).

Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq
ATM	NM_000051	CDK12	NM_016507	FANCL	NM_018062	RAD51B	NM_133510
BARD1	NM_000465	CHEK1	NM_001114122	MRE11	NM_005591	RAD51C	NM_058216
BRCA1	NM_007294	CHEK2	NM_007194	NBN	NM_002485	RAD51D	NM_002878
BRCA2	NM_000059	FANCA	NM_000135	PALB2	NM_024675	RAD54L	NM_003579
BRIP1	NM_032043	FANCD2	NM_001018115	PPP2R2A	NM_002717	TP53	NM_000546

Liste des transcrits de fusion explorés (cotation N453) :

Solid tumor fusion 53 gènes (RNA fusion v2 Agilent)

Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq	Gènes	RefSeq
AKT3	NM_005465	EWSR1	NM_005243	NOTCH2	NM_024408	RAF1	NM_002880
ALK	NM_004304	FGFR1	NM_015850	NRG1	NM_004495	RELA	NM_021975
ARHGAP26	NM_015071	FGFR2	NM_000141	NTRK1	NM_002529	RET	NM_020630
AXL	NM_021913	FGFR3	NM_000142	NTRK2	NM_006180	ROS1	NM_002944
BRAF	NM_004333	FGR	NM_005248	NTRK3	NM_002530	RSPO2	NM_178565
BRD3	NM_007371	INSR	NM_000208	NUMBL	NM_004756	RSPO3	NM_032784
BRD4	NM_014299	MAML2	NM_032427	NUTM1	NM_175741	TERT	NM_198253
EGFR	NM_005228	MAST1	NM_014975	PDGFRA	NM_006206	TFE3	NM_006521
ERG	NM_004449	MAST2	NM_015112	PDGFRB	NM_002609	TFEB	NM_007162
ESR1	NM_001122742	MET	NM_000245	PIK3CA	NM_006218	THADA	NM_022065
ETV1	NM_004956	MSMB	NM_002443	PKN1	NM_002741	TMPRSS2	NM_005656
ETV4	NM_001986	MUSK	NM_005592	PPARG	NM_015869		
ETV5	NM_004454	MYB	NM_001130173	PRKCA	NM_002737		
ETV6	NM_001987	NOTCH1	NM_017617	PRKCB	NM_002738		

Recherche du génome viral HPV16 : région E7 (cotation N131)