

**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)

**ou 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**

<b>Laboratoire d'Anatomo-cyto-pathologie</b> Dr Juliette HAUDEBOURG, responsable du laboratoire <a href="mailto:Juliette.haudebourg@nice.unicancer.fr">Juliette.haudebourg@nice.unicancer.fr</a> Tél : 04 92 03 11 75 Fax : 04 92 03 16 29	<b>Laboratoire d'Oncopharmacologie, Bâtiment B 1<sup>er</sup> étage</b> (accès par terrasse extérieure) Dr Marie-Christine ETIENNE-GRIMALDI, responsable du laboratoire <a href="mailto:Service.oncopharmacologie@nice.unicancer.fr">Service.oncopharmacologie@nice.unicancer.fr</a> 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 48 gènes « tumeur solide » incluant amplification (analyse NGS)
- Panel 20 gènes de réparation «GREAT» incluant BRCA1/2 (analyse NGS)
- Transcrits de fusion (RNA Seq sur panel Agilent 53 gènes)
- Recherche des génomes viraux HPV16/HPV18
- Autre\* :

**Demande d'analyse immunohistochimique :**

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

\* Avec accord préalable 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

<b>RÉCEPTION en Oncopharmacologie et CONFORMITÉ du prélèvement</b> 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 48 gènes tumeurs solides** (cotation N453) :

C\_STS\_E\_v2 Sophia Genetics (taille 68 KB)

Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq	Gènes	Exons	RefSeq
<b>AKT1</b>	4	NM_001382430	<b>FGFR3</b>	7, 9, 14,16	NM_000142	<b>MYOD1</b>	1	NM_002478
<b>ALK</b>	[21 - 25]	NM_004304	<b>FOXL2</b>	1*	NM_023067	<b>NOTCH1</b>	26, 27, 34	NM_017617
<b>BRAF</b>	11, 15	NM_004333	<b>GNA11</b>	4,5	NM_002067	<b>NRAS</b>	[2 - 4]	NM_002524
<b>CCND1</b>	[1-5]	NM_053056	<b>GNAQ</b>	4,5	NM_002072	<b>PDGFRA</b>	12,14, 18	NM_006206
<b>CDK4</b>	2	NM_000075	<b>GNAS</b>	8	NM_000516	<b>PIK3CA</b>	2*,3 ,6*, 8, 10, 21	NM_006218
<b>CDKN2A</b>	1*, 2 , 3	NM_000077	<b>H3-3A</b>	2*	NM_002107	<b>POLE</b>	[9-14]	NM_006231
<b>CTNNB1</b>	3	NM_001904	<b>H3-3B</b>	2*	NM_005324	<b>PTEN</b>	[1-9]	NM_000314
<b>DDR2</b>	18	NM_006182	<b>H3C2 (HIST1H3B)</b>	1	NM_003537	<b>PTPN11</b>	3	NM_002834
<b>DICER1</b>	24 , 25	NM_177438	<b>HRAS</b>	[2 - 4]	NM_005343	<b>RAC1</b>	3	NM_006908
<b>EGFR</b>	[18- 21]	NM_005228	<b>IDH1</b>	4	NM_005896	<b>RAF1</b>	7, 10, 12, 13*,14*,15*	NM_002880
<b>ERBB2</b>	8,17,20	NM_004448	<b>IDH2</b>	4	NM_002168	<b>RET</b>	Full coding regions	NM_020630
<b>ERBB4</b>	10,12	NM_005235	<b>KIT</b>	[8-11], 13, 17,18	NM_000222	<b>ROS1</b>	38* ,41*	NM_002944
<b>ESR1</b>	[4-8]	NM_000125	<b>KRAS</b>	[2 - 4]	NM_004985	<b>SF3B1</b>	[15-17]	NM_012433
<b>FBXW7</b>	[7-11]	NM_033632	<b>MAP2K1</b>	2,3	NM_002755	<b>SMAD4</b>	[8-12]	NM_005359
<b>FGFR1</b>	13,15	NM_023110	<b>MET</b>	2, [14 -20]	NM_000245	<b>TERT</b>	(Promoter,1,8,9,13)*	NM_198253
<b>FGFR2</b>	7,12, 14	NM_000141	<b>MYC</b>	[1-3]	NM_002467	<b>TP53</b>	Full coding regions	NM_000546

(\* ) 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 « GREAT » 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
<b>ATM</b>	NM_000051	<b>CDK12</b>	NM_016507	<b>FANCL</b>	NM_018062	<b>RAD51B</b>	NM_133510
<b>BARD1</b>	NM_000465	<b>CHEK1</b>	NM_001114122	<b>MRE11</b>	NM_005591	<b>RAD51C</b>	NM_058216
<b>BRCA1</b>	NM_007294	<b>CHEK2</b>	NM_007194	<b>NBN</b>	NM_002485	<b>RAD51D</b>	NM_002878
<b>BRCA2</b>	NM_000059	<b>FANCA</b>	NM_000135	<b>PALB2</b>	NM_024675	<b>RAD54L</b>	NM_003579
<b>BRIP1</b>	NM_032043	<b>FANCD2</b>	NM_001018115	<b>PPP2R2A</b>	NM_002717	<b>TP53</b>	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
<b>AKT3</b>	NM_005465	<b>EWSR1</b>	NM_005243	<b>NOTCH2</b>	NM_024408	<b>RAF1</b>	NM_002880
<b>ALK</b>	NM_004304	<b>FGFR1</b>	NM_015850	<b>NRG1</b>	NM_004495	<b>RELA</b>	NM_021975
<b>ARHGAP26</b>	NM_015071	<b>FGFR2</b>	NM_000141	<b>NTRK1</b>	NM_002529	<b>RET</b>	NM_020630
<b>AXL</b>	NM_021913	<b>FGFR3</b>	NM_000142	<b>NTRK2</b>	NM_006180	<b>ROS1</b>	NM_002944
<b>BRAF</b>	NM_004333	<b>FGR</b>	NM_005248	<b>NTRK3</b>	NM_002530	<b>RSPO2</b>	NM_178565
<b>BRD3</b>	NM_007371	<b>INSR</b>	NM_000208	<b>NUMBL</b>	NM_004756	<b>RSPO3</b>	NM_032784
<b>BRD4</b>	NM_014299	<b>MAML2</b>	NM_032427	<b>NUTM1</b>	NM_175741	<b>TERT</b>	NM_198253
<b>EGFR</b>	NM_005228	<b>MAST1</b>	NM_014975	<b>PDGFRA</b>	NM_006206	<b>TFE3</b>	NM_006521
<b>ERG</b>	NM_004449	<b>MAST2</b>	NM_015112	<b>PDGFRB</b>	NM_002609	<b>TFEB</b>	NM_007162
<b>ESR1</b>	NM_001122742	<b>MET</b>	NM_000245	<b>PIK3CA</b>	NM_006218	<b>THADA</b>	NM_022065
<b>ETV1</b>	NM_004956	<b>MSMB</b>	NM_002443	<b>PKN1</b>	NM_002741	<b>TMPRSS2</b>	NM_005656
<b>ETV4</b>	NM_001986	<b>MUSK</b>	NM_005592	<b>PPARG</b>	NM_015869		
<b>ETV5</b>	NM_004454	<b>MYB</b>	NM_001130173	<b>PRKCA</b>	NM_002737		
<b>ETV6</b>	NM_001987	<b>NOTCH1</b>	NM_017617	<b>PRKCB</b>	NM_002738		

**Recherche des génomes viraux HPV16 région E7 et HPV18 région E6** (cotation N131)