

PROTECTION DES DONNEES PERSONNELLES

Dans le cadre d'une demande d'examen(s), le laboratoire commun 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 25
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 mutations 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 et doit être acheminé au laboratoire à température ambiante dans un délai maximal de 3 heures.
- 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 formulaire de prescription est disponible sur le site internet de l'Institut de Cancérologie de Lorraine (www.icl-lorraine.fr).

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
<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Panel de recherche de mutations de gènes, identifié « Panel Capture » AKT1 exon 3, ALK exons 21 à 25, ARID1A (chr1:27056211-27056211_C_T ; chr1:27106878-27106878__C ;chr1:27105725-27105725_A_G ; chr1:27106002-27106002_C_G ;chr1:27023008-27023008__GCG ; chr1:27087548-27087548_C_T ; chr1:27100973-27100973_G_A ; chr1:27102119-27102119_C_A;chr1 :27099947-27099947_C_T ; chr1:27105931-27105931_G_ ;chr1:27106667-27106667__TT), BRAF exons 11 et 15, BRCA 1 tous les exons, BRCA 2 tous les exons, CDK4 exon 2, CDKN2A exons 1*, 2 et 3, CTNNB1 exon 3, DDR2 exon 18, DICER1 exons 24 et 25, EGFR exons 18 à 21, ERBB2 exons 8, 17 et 20, ERBB4 exons 10 et 12, ESR1 exons 2 à 8 (sans UTR3), FBXW7 exons 8 à 12, FGFR1 exons 13 et 15, FGFR2 exons 7, 12 et 14, FGFR3 exons 7, 9, 14 et 16, FOXL2 exon 1*, GNA11 exons 4 et 5, GNAQ exons 4 et 5, GNAS exon 8, H3F3A exon 2*, H3F3B exon 2*, HIST1H3B exon 1, HRAS exons 2 à 4, IDH1 exon 4, IDH2 exon 4, KIT exons 8 à 11, 13, 17 et 18, KMT2A (chr11:118348829-118348829 ; chr11:118342559-118342559), KMT2D (chr12:49431880-49431880 ; chr12:49443567-49443567 ;chr12:49425386-49425386 ;chr12:49445095-49445095 ;chr12:49436060-49436060), KRAS exons 2 à 4, MAP2K1 exons 2 et 3, MAP2K2 exons 2 à 7, MET, exons 2 et 14 à 20, MTOR exons 46 à 52, MYOD1 exon 1, NRAS exons 2 à 4, PDGFRA exons 12, 14 et 18,</p>	<p>Tissu inclus en paraffine ou congelé, sang (cfDNA)</p>	<p>Séquençage haut-débit MiSeq (illumina) Kit capture Custom Solid Tumor Solution de Sophia Genetics</p>	<p>Recherche de mutations tumorales pour les indications thérapeutiques selon les recommandations de l'INCa. Délais indicatifs : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement, à l'exception des recherches de mutations BRCA1 et 2 (6 semaines à réception du prélèvement)</p>

Manuel de prélèvement

	<p>PIK3CA exons 1, 2, 4, 5, 7, 9 et 20, PTPN11 exon 3, RAC1 exon 3, RAF1 exons 7, 10, 12, 13*, 14* et 15*, RET exons 11, 13, 15 et 16, ROS1 exons 38* et 41*, SF3B1 exons 15 à 17, SMAD4 exons 8 à 12, TERT promoteur et exons 1*, 8*, 9* et 13*, TGFB2 (chr3:30691872-30691872_A_ ; chr3:30691872-30691872_AA ; chr3:30732969- 30732969_C_T ; chr3:30713478- 30713481_CAGA_ ; chr3:30732969- 30732969_C_T ; chr3:30729932-30729933_GA_ ; chr3:30713594- 30713611_TTCCTGACGGCTGAGGAG_ ; chr3 :30713724-30713724_T_C), TP53 tous les exons</p>			
<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Panel de recherche de mutations 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>	<p>Tissu inclus en paraffine</p>	<p>Séquençage haut-débit NextSeq 550 (illumina) Kit Sophia DDM Dx Homologous Recombination Deficiency Solution de Sophia Genetics</p>	<p>Recherche de mutations tumorales pour les indications thérapeutiques selon les recommandations de l'ESMO. Délais indicatifs : 21 jours ouvrés</p>

Manuel de prélèvement

<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Recherche de fusions de gènes, identifié Panel « RNAseq » de 14 gènes :</p> <ul style="list-style-type: none"> -ALK exons 2,4,6,10,16,17,18,19,20,21,22,23,26 (en 5'), mutations 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'), mutations 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'), mutations 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'), mutations A883, M918 - ROS1 exons 2,4,7,31,32,33,34,35,36,37 (en 5'), mutation G2032 - KRAS uniquement les mutations G12-G13, Q61 	<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 : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement</p>
<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') 	<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 : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement</p>

Manuel de prélèvement

	<p>-FOXO1 exons 1*,2*,3 (en 3') exons 1*,2*,3 (en 5')</p> <p>-FUS exons 3,4,5,mid-exons 6,6,7,8,9,10,11,13,14 (en 3')</p> <p>-GLI1 exons 4,5,6,7 (en 3') exons 4,5,mid-exons 5,6,7 (en 5')</p> <p>-HMGA2 exons 1,2,3,4,mid-exons5*,5* (en 3')</p> <p>-JAZF1 exons 2,3,4 (en 3')</p> <p>-MDM2 exons 2,4,6,8,10 (en 3') exons 5,9 (en 5')</p> <p>-MEAF6 exons 4,5 (en 3')</p> <p>-MET exons 2,13 (en 3') exons 2,4,5,6,13,14,15,16,17,21 (en 5')</p> <p>-MGEA5 exons 4,5,6,7,8,9,12,13,14,15 (en 5')</p> <p>-MKL2 exons 11,12,13 (en 5')</p> <p>-NCOA1 exons 11,12,13,14,intron 14,15 (en 5')</p> <p>-NCOA2 exons 14 (en 3') exons 11,12,13,14, intron 14,15,16,22 (en 5')</p> <p>-NR4A3 exon 8 (en 3') exons 2*,3*,4,5,7,9 (en 5')</p> <p>-NTRK1 exons 1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,(en 5')</p> <p>-NTRK2 exons11,14 (en 3') exons 4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,1,7,18 (en 5')</p> <p>-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')</p> <p>-NUTM1 exons 2*,3, mid-exon3,4,5, mid-exon 6,6 (en5')</p> <p>-PAX3 exons 3,5,6,7,8 (en 3') exons 2,4,8 (en 5')</p> <p>-PDGFB exons 2,3 (en 5')</p> <p>-PHF1 exons 10,11,12 (en 3') exons 1*,2 (en 5')</p> <p>-PLAG1 exons 1,2,3,4 (en 5')</p> <p>-PRKCA exons 4,5,6,9 (en 5')</p> <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>			
<p>Biologie Médicale/ Génétique somatique (GENSOBM)</p>	<p>Recherche de mutations hotspots du gène <i>EGFR</i> (exons 18, 19, 20 et 21)</p>	<p>Tissu inclus en paraffine</p>	<p>Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)</p>	<p>Recherche de mutations de sensibilité ou de résistance du gène <i>EGFR</i> dans le cadre de la prescription d'inhibiteurs de l'activité tyrosine-kinase de l'EGFR dans le cancer bronchique non à petites cellules.</p>

Manuel de prélèvement

		Sang (cfDNA)	PCR en temps réel cobas® EGFR Mutation Test v2 (Roche)	<p>Ces techniques ciblées permettent la détection de la mutation T790M de l'EGFR, mais ne permettent pas la recherche des mutations de résistance aux inhibiteurs de l'activité tyrosine-kinase de l'EGFR de 3^{ème} génération</p> <p>Délais indicatifs : 5 jours ouvrés à réception du prélèvement.</p>
Recherche de mutations hotspots du gène <i>BRAF</i> (exon 15, mutations V600E, V600K, V600R)	Tissu inclus en paraffine		Plateforme Idylla automatisée de PCR en temps réel (Biocartis)	<p>Recherche des mutations 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 mutations de l'exon 15 du gène <i>BRAF</i> comme marqueur pronostique chez les patients atteints d'un cancer colorectal métastatique.</p> <p>Délais indicatifs : 5 jours ouvrés à réception du prélèvement</p>
Recherche de mutations 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 mutations 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-EGFR chez les patients atteints d'un cancer colorectal métastatique.</p> <p>Délais indicatifs : 5 jours ouvrés à réception du prélèvement</p>
Recherche de mutations 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, DDO1, MRE11, RYR3, SEC31A, SULF2)</p> <p>Séquençage haut-débit MiSeq (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 : 5 jours ouvrés à réception du prélèvement (technique idylla), 10 jours ouvrés 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 : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement.</p>
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)	<p>Recherche de clonalité T pour aide au diagnostic des tumeurs lymphoïdes.</p> <p>Délais indicatifs : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement.</p>
Recherche de méthylation du promoteur du gène MGMT	Tissu inclus en paraffine		Bisulfitation de l'ADN, PCR et analyse de fragments (séquenceur 3500 Dx).	<p>Recherche de méthylation du promoteur du gène MGMT à visée théranostique.</p> <p>Délais indicatifs : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement.</p>
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	<p>Recherche de méthylation du promoteur du gène MLH1 à visée diagnostique</p> <p>Délais indicatifs : 10 jours ouvrés à réception du prélèvement.</p>
Recherche de déficience de la recombinaison homologue	Tissu inclus en paraffine		Séquençage haut-débit	<p><u>Examen sous-traité au laboratoire Myriad (Etats-Unis) dans le cadre de l'ATU de l'olaparib dans les cancers de l'ovaire</u></p>
Extraction et dosage d'ADN	Tissu inclus en paraffine ou congelé, sang (cfDNA)		Kit extraction QIAGEN Kit extraction Roche cobas® cfDNA Sample Preparation Kit Fluorimétrie (Qubit)	Extraction de l'ADN tumoral pour analyse des mutations 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.