



## Campagne 2026

### **INSTRUCTIONS AUX LABORATOIRES** à lire attentivement avant l'analyse des échantillons.

- 
- 1. Principe**
  - 2. Confidentialité des participants**
  - 3. Information sur les échantillons**
  - 4. Informations détaillées par programme**
    - a. Module Analyse multiparamétrique sur tissus
    - b. Modules Méthode ciblée par gène
  - 5. Cellularité tumorale**
  - 6. Interprétation**
    - a. Interprétation des variants identifiés sur les échantillons analysés
    - b. Analyse de l'interprétation à partir d'une liste de variants supplémentaires
  - 7. Demande de matériel supplémentaire**
  - 8. Transmission des résultats**
  - 9. Notation**
    - a. Score de génotypage
    - b. Score de compte-rendu
    - c. Score d'interprétation
    - d. Certificat de participation
  - 10. Assistance**
  - 11. Contacts**
-

## 1. Principe

La campagne 2026 comporte 9 modules pour l'analyse tissulaire et 3 modules pour l'analyse d'ADN circulant. L'envoi des échantillons s'effectue en 3 phases entre juillet et début octobre afin de pouvoir échelonner les analyses et les interprétations des résultats.

Le premier envoi d'échantillons a eu lieu la semaine du 27/07/2026 pour les 4 modules suivants :

- ❖ Analyse multiparamétrique sur tissus (NGS)
- ❖ Méthode ciblée par gène - EGFR
- ❖ Méthode ciblée par gène - KRAS
- ❖ Méthode ciblée par gène - BRAF

Un second envoi est prévu pour les échantillons des 3 modules ADN tumoral circulant d'ici la fin du mois d'août.

Le dernier envoi d'échantillons est prévu début octobre pour les modules suivants :

- ❖ Méthode ciblée par gène - NRAS
- ❖ Méthode ciblée par gène - MLH1/MSI
- ❖ Ovaire comprenant le Test de la déficience du mécanisme de la recombinaison homologue (HRD)
- ❖ Fusion

Après extraction de l'ADN à partir des échantillons, le laboratoire analyse la présence de mutations **ayant un impact médical** en appliquant **son protocole habituel** sans modification et de préférence **au cours d'un run de routine du laboratoire contenant également des échantillons patients**.

## 2. Anonymat

Les laboratoires ayant déjà participé à la campagne d'EEQ de Gen&Tiss en 2025 conservent le numéro d'anonymat attribué au moment de la mise en place de la plateforme Qualytest. Les structures nouvellement inscrites en 2026 vont recevoir leur numéro d'anonymat ainsi que les modalités de connexion à la plateforme Qualytest via courrier électronique.

## 3. Information sur les échantillons

Les boîtes de lames ou les tubes envoyés au laboratoire participant contiennent des sections de blocs tumoraux fixés et inclus en paraffine.

Les blocs sont obtenus à partir de prélèvements différents, comportant ou ne comportant pas une mutation du gène étudié.

Ces échantillons proviennent de blocs réels, évalués et sélectionnés par des plateformes expertes dans le cadre du soin, puis qualifiés de manière centralisée pour donner des résultats contributifs.

Un laboratoire européen, externe au programme de contrôle de qualité Gen&Tiss, effectue en parallèle une validation de tous les échantillons. En cas de discordance, l'échantillon concerné pourrait être exclu du contrôle de qualité. Par conséquent, le résultat de cet échantillon ne serait pas pris en compte dans la note globale et serait considéré comme « éducatif »

Les échantillons tissulaires peuvent se présenter sous 2 formes :

| Coupes de tissus sur lames blanches                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            | Copeaux de tissus en tubes                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <p>Le laboratoire dispose de 3 coupes de tissu d'une épaisseur de 5 µm, dont <b>une</b>, doit être utilisée pour réaliser une <b>coloration HE afin de déterminer le pourcentage de cellules tumorales</b>.</p> <p>Il est recommandé de conserver les lames HE annotées (ou les images) indiquant la cellularité tumorale afin de pouvoir s'y référer en cas de discordance dans les résultats obtenus.</p> <p>Les deuxième et troisièmes coupes servent, après macro-dissection, à l'extraction de l'ADN.</p> | <p>Le laboratoire dispose de 3 copeaux de tissu fixé au formol et inclus en paraffine, d'une épaisseur de 5 µm.</p> <p><b>L'extraction d'ADN peut être réalisée directement à partir du tube</b></p> <p>La cellularité de ces échantillons est fournie dans les tableaux spécifiques à chaque programme (Paragraphe 4. Informations détaillées par programme)</p> |

Chaque échantillon est numéroté de la façon suivante :  
année-type de programme-numéro d'identification de l'échantillon-n° de position des coupes dans le bloc.

Par exemple, la lame 26-Multi-01-coupe n°37 correspond à un échantillon du module 2026 Analyse multiparamétrique, cas n°1, 37ème coupe du bloc.

**Le protocole d'extraction à partir des tissus doit être identique à celui utilisé en routine dans le laboratoire.**

**Les échantillons doivent être traités comme des échantillons à usage clinique**, ils doivent être manipulés et éliminés conformément aux procédures de sécurité établies dans le laboratoire participant.

## 4. Informations détaillées par programme

### a. Module Analyse multiparamétrique sur tissus

Ce module donne la possibilité aux participants d'étudier plusieurs marqueurs en parallèle sur les mêmes échantillons et favorise ainsi l'étude du génotype complet.

Il s'agit du programme principal qui comporte des analyses sur le cancer du côlon, le cancer du poumon et le mélanome. Le participant reçoit 10 échantillons tissulaires : 3 par organe et un échantillon éducatif.

Il est possible d'utiliser toute technique d'analyse moléculaire, y compris le séquençage de nouvelle génération (NGS).

Les participants sont invités à analyser **tous les échantillons** et à tester **tous les marqueurs**, indépendamment du tissu.

- Pour le cas **26-Multi-01** : le laboratoire dispose de 3 coupes de tissus (5 µm) sur lames dont **une coupe doit être utilisée pour réaliser une coloration HE** afin de déterminer le pourcentage de cellules tumorales. Les deuxième et troisièmes coupes de ce cas servent à l'extraction de l'ADN après macro-dissection.

Ce cas est accompagné d'une prescription fictive comportant les informations essentielles devant figurer dans le compte-rendu à soumettre.

**Le laboratoire doit anonymiser au mieux le compte-rendu en masquant les en-têtes de la structure et les informations identifiant les pathologistes / biologistes.**

- Le cas **26-Multi-10** est l'échantillon complémentaire à but « éducatif » qui est aussi utilisé pour évaluer la qualité des données NGS. **Les résultats de génotypage obtenus pour cet échantillon ne font pas partie de la notation globale du génotype pour ce module.**
- **En complément :**  
Le module « **Analyse bio-informatique des données NGS** » est basé sur l'évaluation de la qualité de l'analyse NGS à partir de l'échantillon éducatif (26-Multi-10).  
Il est possible de soumettre plusieurs pipelines.  
Les données bam et vcf sont à télécharger sur un site dédié (le lien vers ce site vous sera envoyé ultérieurement par le secrétariat gen&tiss).  
Le participant ne peut soumettre qu'une seule méthode (technique d'enrichissement et séquenceur).

| Échantillons            | Échantillons            | Organes  | Cellularité  | Prescription et Compte-rendu (CR) |
|-------------------------|-------------------------|----------|--------------|-----------------------------------|
| 26-Multi-01-n° de coupe | 3 lames blanches 5 µm   | Poumon   | à déterminer | <b>CR demandé</b>                 |
| 26-Multi-02-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 40%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-03-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 15%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-04-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | Côlon    | 65%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-05-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 60%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-06-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 40%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-07-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | Mélanome | 40%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-08-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 30%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-09-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) |          | 80%          | Pas de CR                         |
| 26-Multi-10-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | Poumon   | 25%          | Pas de CR                         |

**Le participant doit obligatoirement analyser les gènes *EGFR*, *KRAS*, *NRAS* et *BRAF* sur les 9 échantillons notés.**

Il est également possible de rechercher des altérations sur les gènes *KIT*, *PIK3CA*, *ERBB2* ou encore d'analyser le statut des microsatellites.

Note : les exons comportant des mutations activatrices connues doivent impérativement être couverts :

- ❖ pour *EGFR* : exons 18,19, 20 et 21
- ❖ pour *BRAF* : exons 11 et 15
- ❖ pour *KRAS/NRAS* : exons 2, 3, et 4
- ❖ pour *ERBB2* : exon 20
- ❖ pour *PIK3CA* : exons 2, 5, 8,10 et 21

## b. Modules Méthode ciblée par gène

Il s'agit des modules dédiés à l'analyse ciblant **un gène unique**,  
Les laboratoires doivent rendre les résultats sur les 5 échantillons fournis par module.  
Le score de génotypage est déterminé sur tous les résultats.  
Il n'y a pas d'analyse d'autres gènes.

|             | Échantillons           | Échantillons            | Cellularité | CR demandé                   |
|-------------|------------------------|-------------------------|-------------|------------------------------|
| <b>EGFR</b> | 26-EGFR-01-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 15%         | CR demandé pour 26-EGFR-01 * |
|             | 26-EGFR-02-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 15%         |                              |
|             | 26-EGFR-03-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
|             | 26-EGFR-04-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
|             | 26-EGFR-05-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
| <b>KRAS</b> | 26-KRAS-01-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 30%         | CR demandé pour 26-KRAS-01 * |
|             | 26-KRAS-02-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 25%         |                              |
|             | 26-KRAS-03-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 30%         |                              |
|             | 26-KRAS-04-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
|             | 26-KRAS-05-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 20%         |                              |
| <b>BRAF</b> | 26-BRAF-01-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 25%         | Pas de CR                    |
|             | 26-BRAF-02-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
|             | 26-BRAF-03-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 15%         |                              |
|             | 26-BRAF-04-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 40%         |                              |
|             | 26-BRAF-05-n° de coupe | 1 tube (3 copeaux 5 µm) | 25%         |                              |

\* CR demandé si indiqué dans le document intitulé « Fiche d'accompagnement des échantillons » dans le cas où le laboratoire ne participe pas au module Analyse Multiparamétrique

Les exons comportant des mutations activatrices connues **doivent être couverts** :

- ❖ pour *KRAS/ NRAS* : tous les exons 2, 3, 4
- ❖ pour *BRAF* : exons 11 et 15
- ❖ pour *EGFR* : exons 18, 19, 20 et 21

## 5. Cellularité tumorale

Les recommandations sur la détermination histologique de la cellularité sont issues de la réunion collégiale clôturant la campagne gen&tiss 2012.

La cellularité est à évaluer uniquement pour les cas reçus sous forme de tissus FFPE sur lames.

### ❖ Définition :

- Nombre total de cellules tumorales / nombre total de cellules, tous types confondus, en particulier en intégrant les lymphocytes (dans la zone tissulaire soumise à l'analyse de biologie moléculaire),

Ce nombre est donné en % (% CT).

### ❖ Bornes de quantification :

| Pour les % faibles (< 30%)<br>se limiter aux tranches suivantes |        |        | Pour les % forts (≥ 30%)<br>se limiter aux valeurs suivantes : |
|-----------------------------------------------------------------|--------|--------|----------------------------------------------------------------|
| < 1%                                                            |        |        | 30%                                                            |
| 1-4%                                                            | 5-9%   | 10-14% | 50%                                                            |
| 15-19%                                                          | 20-24% | 25-29% | 80%                                                            |

**Note** : la cellularité se détermine sur les **cellules viables**.

Si vous identifiez la présence de nécrose et/ou de plaques de mucus dans les tumeurs mucineuses :

- éviter si possible ces zones lors de la macro-dissection
- signaler si de telles zones sont présentes dans l'échantillon
- quantifier ces zones en termes de surface

## 6. Interprétation

Il y a deux niveaux d'évaluation de l'interprétation des résultats :

### a. Interprétation des variants identifiés sur les échantillons analysés

Tous les cas doivent être considérés comme des cas de patients avec tumeurs avancées nécessitant une orientation vers une thérapeutique ciblée en fonction des résultats moléculaires.

Pour l'interprétation des résultats MSI / méthylation du promoteur MLH1, il est demandé de fournir une interprétation sur la présence ou non d'un syndrome de Lynch.

Le laboratoire participant doit donner une interprétation des variants identifiés, au plus proche possible des pratiques du laboratoire. Il sera évalué la capacité à juger de la **pathogénicité** des variants et à donner une **orientation thérapeutique** en fonction des résultats.

Il est rappelé qu'un résultat sans mutation doit être interprété comme une absence de marqueur de sensibilité ou de résistance.

Il est demandé au participant de donner une conclusion pour chaque cas.

L'interprétation des résultats doit être saisie dans le formulaire de saisie de résultats en ligne, spécifique à chaque module.

### b. Analyse de l'interprétation à partir d'une liste de variants supplémentaires

Une liste de variants supplémentaires est fournie dans le formulaire de saisie de résultats du module Analyse multiparamétrique pour juger de la capacité du laboratoire à classer des variants selon leur **pathogénicité** et leur **impact thérapeutique**.

La recevabilité du classement de ces variants se fera en fonction du risque de perte de chance pour le patient. Plusieurs réponses peuvent donc être acceptables.

## 7. Demande de matériel supplémentaire

Les participants peuvent demander l'envoi de matériel supplémentaire dans les cas exceptionnels suivants :

1. lame(s) cassée(s) lors du transport et signalée(s) comme telle(s) dans l'attestation de réception
2. Non réception de l'envoi d'échantillons par le participant
3. Problème technique lors de l'analyse d'une lame (ex : perte de matériel lors de l'extraction)

Les situations n°1 et n°2 sont prioritaires sur la situation n°3.

La demande doit être adressée par courrier électronique à [secretariat@genetiss.org](mailto:secretariat@genetiss.org) en précisant la raison.

Si la demande est acceptée, le matériel est envoyé sous 48h après confirmation.

La demande de matériel supplémentaire peut se faire jusqu'au **30/08/2026**.

## 8. Transmission des résultats

Les résultats doivent être soumis en ligne via la plateforme [Qualitytest](#) au plus tard le **30/09/2026**

Les modalités de connexion ainsi qu'un guide d'utilisation seront envoyés par voie électronique aux laboratoires nouvellement inscrits en 2026.

Les modalités de connexion restent identiques pour les laboratoires ayant participé à la campagne 2025.

## 9. Notation

L'évaluation des participants porte sur les résultats de génotypage, l'interprétation des résultats de génotypage et l'évaluation d'un compte-rendu par laboratoire.

### a. Score de génotypage

La réussite à un module est validée lorsque le score de génotypage global est **supérieur ou égal à 90% du score maximum** :

- le score maximum du module Analyse multiparamétrique est 18/18
- le score maximum des modules Méthode ciblée par gène est 10/10

Les résultats sur les échantillons « éducatifs » sont évalués mais leur score n'est pas intégré dans le score global. Selon le programme, le nombre de cas notés pour le score global est indiqué dans le tableau ci-dessous :

|                         |       |
|-------------------------|-------|
| Multiparamétrique       | 9 cas |
| Méthode ciblée par gène | 5 cas |

Le score de génotypage est attribué pour chaque gène analysé, selon les critères définis dans le tableau ci-dessous :

| Critères de notation                                                                                                                                                                                     |                                           |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------|
| Génotype correct                                                                                                                                                                                         | 2 points                                  |
| Mutation détectée, mais le changement de nucléotide n'est pas décrit en raison de la technique utilisée (analyse de fragment, qPCR*)                                                                     | 2 points                                  |
| La méthode ou la sensibilité ne permet pas la détection de la / des mutation(s).                                                                                                                         | 2 points                                  |
| Mutation non identifiée car non recherchée pour les autres marqueurs                                                                                                                                     | 2 points                                  |
| Mutation non identifiée car fréquence allélique inférieure à la limite de détection annoncée – 5% tissu et 1% ctDNA                                                                                      |                                           |
| Mutation détectée, mais la nomenclature est fausse après séquençage (erreur de nucléotide, mais même codon), pas de mutation mentionnée 'muté', ou faux nombre des paires de bases en cas d'une délétion | 1,5 point                                 |
| Erreur d'écriture dans le tableau de génotypage                                                                                                                                                          | 1 point                                   |
| Échantillon non contributif                                                                                                                                                                              | 0,5 point                                 |
| Génotype incorrect                                                                                                                                                                                       | 0 point                                   |
| Mutation non identifiée car non recherchée pour <i>EGFR</i> exon 18 ou pour <i>KRAS/NRAS</i> exon 2,3,4                                                                                                  | 0 point                                   |
| Une des deux mutations n'est pas identifiée                                                                                                                                                              | 0 point                                   |
| Nomenclature non HGVS                                                                                                                                                                                    | - 0,5 point (une seule fois sur le total) |

- \* La méthode utilisée doit être précisée dans le champ « Commentaires » lors de la saisie des résultats. À défaut, le score sera 0 point comme dans le cas d'une erreur de mutation.

### Rappels :

#### ❖ Nomenclature :

L'utilisation de la **nomenclature HGVS** doit être utilisée pour homogénéiser les résultats (par exemple *KRAS*, c.34G>T, p.(Gly12Cys)).

L'utilisation d'autres nomenclatures entraînera un retrait de 0,5 point sur le score total.

Toute erreur de nomenclature (le codon est bien identifié, mais les nucléotides sont faux) entraîne une note de 1,5 au lieu de 2 pour l'échantillon.

Toute erreur de mutation (locus différent – erreur de codon) entraîne une note nulle pour l'échantillon.



❖ Échantillons non contributifs

Les échantillons ont été qualifiés pour donner des résultats contributifs.

Si un échantillon est rendu « non contributif », le score pour cet échantillon sera de 0,5 point et il est demandé au laboratoire de préciser les raisons dans le champ « Commentaire » lors de la saisie du résultat.

○ **Module Analyse Multiparamétrique**

Les exons comportant des mutations activatrices connues doivent être couverts (cf.paragraphe 4a).

L'absence de détection de ces mutations donne lieu à un score nul (0 point) pour l'échantillon, même si la recherche n'a pas été effectuée par la technique appliquée.

Pour les exons 19 et 20 du gène *EGFR* ainsi que pour l'exon 20 du gène *ERBB2*, il est accepté de ne pas décrire la mutation complètement **si la technique utilisée ne le permet pas**. Les 2 points seront attribués si la mutation est détectée (Exemple : « délétion de l'exon 19 / insertion exon 20 », toutefois, la description de la méthode **doit être présente** sans ambiguïté dans la section « Commentaire » lors de la saisie des résultats.

○ **Module Analyse bio-informatique des données NGS**

Pour l'évaluation du NGS, le participant devra réaliser l'analyse de l'échantillon « éducatif » du programme multiparamétrique.

Le score prendra en compte les faux positifs / faux négatifs sur des marqueurs actionnables.

Chaque participant recevra un rapport individuel spécifique à cette évaluation.

○ **Module Méthode ciblée par gène**

Le génotype sera noté par gène pour chacun des cas à évaluer. Les exons comportant des mutations activatrices connues doivent être couverts (tous les exons 2, 3, 4 pour *KRAS/ NRAS* – exons 11 et 15 pour *BRAF* – exons 18,19,20 et 21 pour *EGFR* – exons 10 et 21 pour *PIK3CA*). Pour ces cas, l'absence de détection de mutation donne une note nulle (0 point) au lieu de 2 pour l'échantillon, même si la recherche n'a pas été effectuée par la technique appliquée. Pour les analyses MSI, les réponses acceptables sont MSI, MSS, Non contributif et non testé.

**b. Score de comptes rendus**

Les comptes rendus feront l'objet d'une évaluation spécifique portant sur les données saisies et sur la présence de plusieurs items, selon les recommandations de l'INCa (voir Annexe 1). Chaque item présent est noté 1 point. Le score total sera le pourcentage d'items présents par rapport à l'ensemble des items attendus.

Les données fictives à faire figurer sur le compte rendu sont fournies sur la feuille de prescription factice adressée avec les échantillons.

La notation des comptes rendus prend en compte la présence des items **et** la pertinence des informations associées.

**c. Score d'interprétation**

L'interprétation des résultats se fera directement sur le formulaire de saisie de résultats en ligne. Il est demandé au laboratoire participant de fournir sa conclusion pour chaque cas analysé. Ce score sera complété par les résultats d'interprétation des variants additionnels, intégrés au module Multiparamétrique.

Pour les variants additionnels, il est demandé de classer la pathogénicité et l'actionabilité.

Pour chacun de ces critères, plusieurs choix sont proposés par variant.

Si l'interprétation est erronée et entraîne une prise en charge inadaptée, aucun point ne sera attribué ; dans tous les autres cas, 2 points seront attribués.



## d. Certificat de participation

Un certificat individuel de participation sera émis pour chaque laboratoire participant. Le résultat général pour chaque programme souscrit ainsi que le détail par gène sera indiqué sur le certificat.

**Les participants avec moins de 18 sur 20 au score de génotype sur un marqueur donné ne pourront pas avoir la mention de réussite pour ce marqueur.** Ils pourront justifier des modifications dans leur protocole à la suite du résultat du programme.

## 10. Assistance

Après réception des échantillons, vous pourrez adresser toute question administrative ou technique au [secretariat@genetiss.org](mailto:secretariat@genetiss.org) et si besoin par téléphone au 03 88 12 81 41.

Afin de garantir la confidentialité, le contenu des messages adressés ne devra comporter aucune information à caractère nominatif.

## 11. Contacts



Caroline EGELE  
Anne GAIRE

+33 (0)3 88 12 81 41  
[secretariat@genetiss.org](mailto:secretariat@genetiss.org)



Etienne ROULEAU

+33 1 42 11 44 08  
[etienne.rouleau@gustaveroussy.fr](mailto:etienne.rouleau@gustaveroussy.fr)



Biomedical Quality Assurance Research Unit

Els DEQUEKER

+32 16 3 45881  
[Els.Dequeker@kuleuven.be](mailto:Els.Dequeker@kuleuven.be)

## **Annexe 1 : Liste des items devant figurer sur le compte-rendu**

### **Section Interprétation**

#### **Section Identification du patient :**

- Nom du patient
- Nom de famille (femme)
- N° identification / date de naissance
- Nature de l'échantillon
- Histologie
- Raison de la prescription
- % cellularité

#### **Section Information sur les méthodes :**

- Méthode utilisée
- NGS: panel/kit, plateforme/séquenceur et pipeline de bio-informatique
- NGS QC Metrics: couverture et profondeur (préciser si les exons sont couverts partiellement ou totalement)
- Sensibilité
- Liste des mutations testées
- Séquence de référence

#### **Section Information générale :**

- Un identifiant unique par page
- Indication du nombre total de page
- Indication du numéro de page
- Titre explicite
- Date de prélèvement
- Nom et/ou signature du pathologiste ayant déterminé la cellularité tumorale