



HAUTE AUTORITÉ DE SANTÉ

État des lieux de l'usage en soins courants du séquençage à haut débit (NGS) d'un panel de gènes en génétique somatique des cancers

Afin de répondre au mieux à ce questionnaire, nous vous prions d'abord de lire la lettre d'accompagnement.

Ce document concerne les actes du RIHN cités dans la lettre d'accompagnement (annexe I) et rappelés dans le tableau 1 (ci-dessous) et est organisé en deux chapitres :

- **le premier chapitre** est consacré à identifier les situations cliniques faisant actuellement l'objet d'un séquençage à haut débit d'un panel de gènes dans le cadre des soins courants. Chaque situation clinique est définie par trois composantes : **(1)** le cancer concerné, **(2)** le(s) gène(s) séquencé(s) pour ce cancer, et **(3)** la longueur totale séquencée en kilobase (kb).
- **le deuxième chapitre** est dédié à caractériser chaque situation clinique déclarée dans le premier chapitre (cancer concerné/gène(s) séquencé(s)/longueur totale séquencée). Nous vous remercions de dupliquer la totalité du deuxième chapitre en fonction du nombre de situation renseigné.

Comme indiqué dans la lettre d'accompagnement :

- merci d'argumenter et référencer au mieux vos réponses ;
- ces réponses seront incluses dans le rapport de la HAS et donc rendues publiques ;
- la date limite de réponse est le **jeudi 8 septembre 2022** à l'adresse suivante : has.seap.secretariat@has-sante.fr

Tableau 1. Volumes d'activité et nombre d'établissements prescripteurs des actes évalués.

Code acte hors nomenclatures	Liste	Libellé de l'acte	Nombre d'actes prescrits en 2019	Nombre d'établissements en 2019
N452	RIHN	Forfait séquençage haut débit (NGS) < 20 kb	184 848	504
N453	RIHN	Forfait séquençage haut débit (NGS) > 20 kb et < 100 kb	19 911	261
N454	RIHN	Forfait séquençage haut débit (NGS) > 100 kb et < 500 kb	12 570	112

Kb : kilobase ; NGS : *Next Generation Sequencing* ; RIHN : référentiel des actes innovants hors nomenclature.

Source : ministère de la santé.

Compte tenu de l'imprécision des libellés des actes ci-dessus (le cancer concerné et le(s) gène(s) séquencé(s)), ce questionnaire vise à connaître la pratique actuelle en France du NGS d'un panel de gènes en génétique somatique des cancers, réalisé à travers ces libellés, dans le cadre des soins courants.

La HAS remercie par avance votre structure pour le temps consacré à répondre à ce questionnaire.

Nom de la structure

Service expert sollicité par le GBMHM

Service d'Hématologie Biologique, Hôpital Saint-Louis ; DMU BIOGeM, AP-HP

Nom de la personne répondant au nom de la structure

Pr Emmanuelle Clappier

Position dans la structure

Biologiste médical, PU-PH responsable du secteur moléculaire

Nom et coordonnées de la personne pouvant être contactée par la HAS (possiblement plusieurs, dans ce cas, préciser leurs champs d'expertise)

Emmanuelle Clappier (emmanuelle.clappier@aphp.fr)

Pour le GBMHM, les contacts sont les membres du CA

Pr Olivier Kosmider (olivier.kosmider@aphp.fr)

Pr Pierre Sujobert (pierre.sujobert@chu-lyon.fr)

Pr Fanny Baran Marszak (fanny.baran-marszak@aphp.fr)

Dr Jean Michel Cayuela (jean-michel.cayuela@aphp.fr)

Dr Pascale Flandrin-Gresta (pascale.flandrin-gresta@chu-st-etienne.fr)

Dr Damien Luque Paz (damien.LuquePaz@chu-angers.fr)

Dr Anne Sophie Alary (ALARYA@ipc.unicancer.fr)

Chapitre 1 : Identification des situations cliniques

Dans le domaine d'activité de votre structure, quelle est la pratique actuelle de séquençage à haut débit (NGS) d'un panel de gènes en oncogénétique, dans le cadre du soin courant¹ en France ? En d'autres termes :

- Quels sont les cancers concernés ?
- Quels sont, pour chacun de ces cancers, les gènes (les séquences) ciblés ?
- Quelle longueur totale est ciblée/séquencée (en kilobase ; kb) ?

Merci de remplir le tableau ci-dessous pour répondre à ces questions².

Réponse :

Q1

	Cancer concerné	Gène(s) ou partie(s) de gène(s) séquencé(s)	Longueur totale séquencée (kb)
Situation n°1	LAL-B	Transcriptome entier (RNA-seq)	<input type="checkbox"/> < 20 kb <input type="checkbox"/> > 20 kb et < 100 kb <input type="checkbox"/> > 100 kb et < 500 kb <input checked="" type="checkbox"/> > 500 kb ; précisez : donnée non pertinente pour du transcriptome
Situation n°2	LAL-B	DNA-seq ciblé (panel de plus de 100 gènes, disponible en annexe)	<input type="checkbox"/> < 20 kb <input type="checkbox"/> > 20 kb et < 100 kb <input type="checkbox"/> > 100 kb et < 500 kb <input checked="" type="checkbox"/> > 500 kb ; précisez :
Situation n°3	LAL (B et T)	Réarrangements des gènes des Immunoglobulines (IGH, IGK) et du récepteur T à l'antigène (TCRD, TCRG et TCRB)	<input checked="" type="checkbox"/> < 20 kb <input type="checkbox"/> > 20 kb et < 100 kb <input type="checkbox"/> > 100 kb et < 500 kb <input type="checkbox"/> > 500 kb ; précisez : 800 kb
Situation ...			<input type="checkbox"/> < 20 kb <input type="checkbox"/> > 20 kb et < 100 kb <input type="checkbox"/> > 100 kb et < 500 kb <input type="checkbox"/> > 500 kb ; précisez :
Situation N			<input type="checkbox"/> < 20 kb <input type="checkbox"/> > 20 kb et < 100 kb <input type="checkbox"/> > 100 kb et < 500 kb <input type="checkbox"/> > 500 kb ; précisez :

¹ C'est-à-dire pour la prise en charge d'un patient, avec transmission du résultat au clinicien ; donc hors activité de recherche clinique et fondamentale.

² Ce tableau est une matrice ; vous pouvez augmenter le nombre de lignes afin d'être en mesure de pouvoir renseigner l'ensemble des situations cliniques.

Pour chaque situation clinique déclarée dans ce premier chapitre, merci de **dupliquer la totalité du deuxième chapitre** et de remplir intégralement le chapitre 2 pour chaque situation clinique.

Chapitre 2 : Caractérisation des situations cliniques

Situation clinique n° : 1

Quelle est l'indication clinique pour laquelle ce séquençage³ est effectué ?

Q1

Réponse :

Diagnostic ou rechute de LAL-B sans altération génomique classante ou ciblable identifiable par les techniques standard de cytogénétique et de biologie moléculaire.

Dans le cadre des soins courants, combien de patients sont concernés par cette indication par an en France ?

Q2

Réponse :

Environ 200/an (comprenant adultes + enfants)

Quel est la finalité clinique de ce séquençage ?

Q3

Réponse :

Cochez-la ou les cases correspondantes

- Diagnostique
- Pronostique
- Théranostique⁴

Commentaire :

- Thérapie liée au risque
- Thérapies ciblées

Quel est l'impact du résultat de ce séquençage sur la prise en charge médicale du patient ?
Précisez en fonction des différents types de résultats.

Q4

Réponse :

³ A partir de cette question, l'expression « ce séquençage » définit la combinaison : cancer concerné, gènes/parties de gènes ciblés et la longueur séquencée.

⁴ Théranostic : néologisme qui dérive de la contraction des termes « thérapeutique » et « diagnostique » ; c'est l'utilisation d'un test diagnostique, identifiant un marqueur, pour orienter la thérapeutique du patient en fonction de son statut pour le marqueur (statut positif ou négatif pour un marqueur binaire).

La classification de l'OMS distingue différents sous-types de LAL sur la base de la présence d'un certain nombre d'anomalies génétiques récurrentes (La classification OMS 2022 distingue ainsi neuf sous-types de LAL-B).

La présence de ces anomalies conditionne le pronostic et la nature du traitement qui sera administré (intensité et/ou choix de drogues ciblées) dans un contexte de thérapie basée sur le risque (risk-based therapy).

De plus, l'identification de certaines anomalies a un impact théranostique. Par exemple, les LAL avec fusions de classe ABL sont chimiorésistantes mais sensibles aux inhibiteurs de tyrosine kinase (Tanasi I et al., Blood 2019). L'identification d'une telle anomalie entraîne donc une modification du traitement standard, ce qui a fait l'objet d'une recommandation du groupe national GRAALL (Group for Research on Adult Acute Lymphoblastic Leukemia) pour les LAL de l'adulte, et fait partie de la stratification des protocoles de traitement des LAL pédiatriques.

Quelles sont les références bibliographiques sur lesquelles se fonde la réalisation de ce séquençage ? *Merci de citer en priorité les recommandations de bonne pratique, les préconisations des sociétés savantes, les consensus d'experts, etc. Merci également de transmettre les publications correspondantes in extenso ou un lien Internet si la publication est en libre accès.*

Réponse :

The 5th edition of the World Health Organization Classification of Haematolymphoid Tumours: Lymphoid Neoplasms. Leukemia. 2022 Jul;36(7):1720-1748. doi: 10.1038/s41375-022-01620-2.

Tanasi I et al., Blood 2019

(<https://ashpublications.org/blood/article/134/16/1351/374966/Efficacy-of-tyrosine-kinase-inhibitors-in-Ph-like>)

Q5

Inaba H et al., Front Pediatr 2017 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29255701/>)

Iacobucci I et al., J Clin Med 2021 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8432032/>)

Tran and Hunger, Seminars in Cancer Biology 2022

(<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1044579X20302182?via%3Dihub>)

Remarque : Il n'existe pas de recommandation de bonnes pratiques diagnostiques pour les LAL. Comme il s'agit de cancers rares, les patients bénéficient d'un bilan moléculaire diagnostique réalisé dans quelques laboratoires de référence, et la quasi-totalité d'entre eux est incluse dans des protocoles thérapeutiques nationaux ou internationaux qui allient les soins courants à des questions de recherche clinique d'ordre thérapeutique. Ces protocoles définissent le référentiel de soin, et les analyses biologiques, y compris génétiques, réalisées au diagnostic pour évaluer le pronostic et stratifier les patients dans différents groupes en fonction de leur niveau de risque de rechute sont réalisées en tant qu'examen de soins courants, i.e. ces examens sont réalisés pour tous les patients indépendamment de la ou des question(s) thérapeutique(s) posée(s) par le protocole.

Q6

Depuis quelle année approximativement, la réalisation de ce séquençage fait-elle partie de la pratique courante en France ?

Réponse :
2015

Q7 Actuellement, à combien estimez-vous le volume annuel de réalisation de ce séquençage en France ?

Réponse :
140

À combien estimez-vous le nombre actuel de laboratoires réalisant ce séquençage en France ? *Précisez le type de laboratoires.*

Q8 **Réponse :**
2 laboratoires, correspondant aux laboratoires de référence pour les LAL-B au niveau national :

- Laboratoire d'Hématologie Hôpital Saint-Louis (AP-HP), référent pour les LAL-B de l'adulte
- Laboratoire de Génétique Moléculaire, Hôpital Robert Debré (AP-HP), référent pour les LAL-B pédiatriques

Q9 Existe-il un ou des matériels commercialisés (automates et consommables) et dotés d'un marquage CE pour réaliser ce séquençage ?
Si oui, veuillez préciser pour chaque dispositif son nom commercial, son fabricant, son marquage CE (date, indication).

Réponse :
Non.

Selon vous, ces matériels commercialisés sont-ils utilisés en France pour le séquençage d'un panel de gènes en génétique somatique des cancers ?

Q10 **Réponse :**
 Oui, exclusivement
 Non, pas du tout
 Mixte, avec parallèlement un recours à des séquençage « maison »

Avant l'utilisation du séquençage par panel de gènes, quelle était la pratique antérieure (technique(s) utilisée(s) antérieurement) pour la même finalité clinique ?

Q11 **Réponse :**
RT-PCR, RT-MLPA et cytogénétique pour l'identification des fusions récurrentes, mais ces techniques ne permettent pas une détection exhaustive des altérations car elles ne couvrent pas les fusions variantes et/ou cryptiques.

Ce séquençage de panel de gènes se substitue-t-il entièrement à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Réponse :

- Oui
 Non

Justification :

Q12

Le séquençage du transcriptome entier offre la perspective de détecter en une seule technique de nombreux types d'anomalies d'intérêt clinique et de remplacer à terme les techniques ciblées (RT-PCR ou RT-MLPA).

Il n'est cependant pas possible pour l'instant de déterminer dans combien de temps cette technologie pourrait en pratique se substituer aux techniques actuelles pour un usage courant.

Une pratique rationnelle est d'utiliser en première intention les techniques rapides et peu coûteuses (RT-MLPA ou RT-PCR) permettant d'identifier les altérations fréquentes, puis d'utiliser en seconde intention le RNA-seq pour certains patients sélectionnés selon les résultats du bilan de première intention. Cette pratique correspond à une optimisation des coûts, des flux d'analyse et des délais de réponse.

Quels sont les avantages et les limites de ce séquençage par rapport à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Réponse :

Q13

Avantages	Limites
<ul style="list-style-type: none">- Identification exhaustive des fusions- Analyse des profils d'expression génique- Analyse mutationnelle	<ul style="list-style-type: none">- Coût relativement élevé, mais à mettre en regard des coûts cumulés des analyses cytogénétiques et moléculaires qui ne donnent pas autant d'informations- Nécessaire centralisation des analyses pour avoir le débit nécessaire pour combiner urgence du rendu de résultat et maîtrise des coûts.- Ressources bio-informatiques nécessaires pour l'analyse et le stockage des données

Avez-vous une ou des précision(s), information(s), remarque(s) qui n'aurai(en)t pas été traitée(s) par ces questions sur l'utilisation actuelle de ce séquençage dans le cadre des soins courants ?

Q14

Réponse :

Situation clinique n° : 2

Quelle est l'indication clinique pour laquelle ce séquençage⁵ est effectué ?

Q1

Réponse :

Diagnostic et rechute de LAL, identification des mutations et altérations géniques

Dans le cadre des soins courants, combien de patients sont concernés par cette indication par an en France ?

Q2

Réponse :

800 (adultes + enfants)

Quel est la finalité clinique de ce séquençage ?

Réponse :

Cochez-la ou les cases correspondantes

Diagnostique

Pronostique

Théranostique⁶

Q3

Commentaire :

Ce séquençage permet une caractérisation des altérations moléculaires de la LAL, comprenant les mutations et les anomalies de nombre de copie, qui peuvent être associées à un pronostic distinct, représenter des critères de stratification du traitement, ou des cibles thérapeutiques (voir commentaire situation clinique n°1) Ce séquençage permet également de mettre en évidence des mutations germinales et diagnostiquer une prédisposition génétique aux LAL.

Quel est l'impact du résultat de ce séquençage sur la prise en charge médicale du patient ?
Précisez en fonction des différents types de résultats.

Q4

Réponse :

La détection par ce séquençage de certaines anomalies va modifier la prise en charge du traitement selon les critères de stratification d'un schéma de traitement donné, voire indiquer un traitement ciblé.

Par exemple, l'identification d'une délétion d'IKZF1 dont le pronostic péjoratif a été démontré a pour impact l'intensification du traitement pour les patients inclus ou traités selon les protocoles nationaux GRAALL-2014 (LAL de l'adulte) et CALL-F (LAL de l'enfant).

⁵ A partir de cette question, l'expression « ce séquençage » définit la combinaison : cancer concerné, gènes/parties de gènes ciblés et la longueur séquencée.

⁶ Théranostic : néologisme qui dérive de la contraction des termes « thérapeutique » et « diagnostic » ; c'est l'utilisation d'un test diagnostique, identifiant un marqueur, pour orienter la thérapeutique du patient en fonction de son statut pour le marqueur (statut positif ou négatif pour un marqueur binaire).

Quelles sont les références bibliographiques sur lesquelles se fonde la réalisation de ce séquençage ? *Merci de citer en priorité les recommandations de bonne pratique, les préconisations des sociétés savantes, les consensus d'experts, etc. Merci également de transmettre les publications correspondantes in extenso ou un lien Internet si la publication est en libre accès.*

Q5

Réponse :

Inaba H et al., Front Pediatr 2017 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29255701/>)
Iacobucci I et al., J Clin Med 2021 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8432032/>)
Tran and Hunger, Seminars in Cancer Biology 2022
(<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1044579X20302182?via%3Dihub>)

Depuis quelle année approximativement, la réalisation de ce séquençage fait-elle partie de la pratique courante en France ?

Q6

Réponse :

2020

Actuellement, à combien estimez-vous le volume annuel de réalisation de ce séquençage en France ?

Q7

Réponse :

800 (comprenant adulte et enfants)

À combien estimez-vous le nombre actuel de laboratoires réalisant ce séquençage en France ? *Précisez le type de laboratoires.*

Q8

Réponse :

2 laboratoires, correspondant aux laboratoires de référence pour les LAL-B au niveau national :

- Laboratoire d'Hématologie Hôpital Saint-Louis (AP-HP), référent pour les LAL-B de l'adulte
- Laboratoire de Génétique Moléculaire, Hôpital Robert Debré (AP-HP), référent pour les LAL-B pédiatriques

Existe-il un ou des matériels commercialisés (automates et consommables) et dotés d'un marquage CE pour réaliser ce séquençage ?

Q9

Si oui, veuillez préciser pour chaque dispositif son nom commercial, son fabricant, son marquage CE (date, indication).

Réponse :

Non

Selon vous, ces matériels commercialisés sont-ils utilisés en France pour le séquençage d'un panel de gènes en génétique somatique des cancers ?

Q10

Réponse :

- Oui, exclusivement
- Non, pas du tout
- Mixte, avec parallèlement un recours à des séquençage « maison »

Avant l'utilisation du séquençage par panel de gènes, quelle était la pratique antérieure (technique(s) utilisée(s) antérieurement) pour la même finalité clinique ?

Q11 Réponse :

PCR, analyse de fragment, MLPA, Sanger.

Ce séquençage de panel de gènes se substitue-t-il entièrement à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Réponse :

- Oui
- Non

Q12 Justification :

Ce séquençage se substitue à une combinaison de techniques ciblées qui explorent beaucoup moins d'altérations et sont moins sensibles. Cependant, la rapidité et le faible coût des analyses ciblées font que certaines peuvent encore être réalisées en parallèle du NGS lorsqu'un résultat rapide est attendu pour une décision thérapeutique.

Quels sont les avantages et les limites de ce séquençage par rapport à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Réponse :

Q13

Avantages	Limites
<ul style="list-style-type: none">- Une seule technique qui remplace de multiples techniques ciblées- Davantage de gènes explorés- Meilleure sensibilité de détection des mutations par rapport au Sanger- Information sur la ploïdie, précieuse en cas d'échec de caryotype	<ul style="list-style-type: none">- Délais de technique et d'analyse plus long que les techniques ciblées

Avez-vous une ou des précision(s), information(s), remarque(s) qui n'aurai(en)t pas été traitée(s) par ces questions sur l'utilisation actuelle de ce séquençage dans le cadre des soins courants ?

Q14

Réponse :

Situation clinique n° : 3

Quelle est l'indication clinique pour laquelle ce séquençage⁷ est effectué ?

Q1

Réponse :

Diagnostic et rechute de LAL, identification et séquençage des réarrangements clono-spécifiques IG/TR pour l'évaluation ultérieure de la maladie résiduelle

Dans le cadre des soins courants, combien de patients sont concernés par cette indication par an en France ?

Q2

Réponse :

environ 800 (adultes + enfants)

Quel est la finalité clinique de ce séquençage ?

Q3

Réponse :

Cochez-la ou les cases correspondantes

Diagnostique

Pronostique

Théranostique⁸

Commentaire :

Quel est l'impact du résultat de ce séquençage sur la prise en charge médicale du patient ?
Précisez en fonction des différents types de résultats.

Q4

Réponse :

Ce séquençage au diagnostic (et à la rechute) permet de caractériser les cibles moléculaires nécessaires au suivi ultérieur de la maladie résiduelle, qui représente l'analyse incontournable pour l'évaluation de la réponse et l'adaptation du traitement dans les toutes les LAL (B et T, adulte et enfant), telle que l'intensification du traitement par chimiothérapie, immunothérapie ou allogreffe de cellules souches hématopoïétiques.

Quelles sont les références bibliographiques sur lesquelles se fonde la réalisation de ce séquençage ? *Merci de citer en priorité les recommandations de bonne pratique, les préconisations des sociétés savantes, les consensus d'experts, etc. Merci également de transmettre les publications correspondantes in extenso ou un lien Internet si la publication est en libre accès.*

Q5

Réponse :

Van Dongen JJM, Blood 2015 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25999452/>)

⁷ A partir de cette question, l'expression « ce séquençage » définit la combinaison : cancer concerné, gènes/parties de gènes ciblés et la longueur séquencée.

⁸ Théranostic : néologisme qui dérive de la contraction des termes « thérapeutique » et « diagnostic » ; c'est l'utilisation d'un test diagnostique, identifiant un marqueur, pour orienter la thérapeutique du patient en fonction de son statut pour le marqueur (statut positif ou négatif pour un marqueur binaire).

Brüggemann M, Leukemia 2019 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31243313/>)

Q6 Depuis quelle année approximativement, la réalisation de ce séquençage fait-elle partie de la pratique courante en France ?

Réponse :

2017

Q7 Actuellement, à combien estimez-vous le volume annuel de réalisation de ce séquençage en France ?

Réponse :

800

Q8 À combien estimez-vous le nombre actuel de laboratoires réalisant ce séquençage en France ? *Précisez le type de laboratoires.*

Réponse :

6 laboratoires référents, faisant partir du consortium international EuroMRD :

- Laboratoire d'Hématologie Hôpital Saint-Louis (AP-HP)
- Laboratoire de Génétique Moléculaire Hôpital Robert Debré (AP-HP)
- Laboratoire d'Hématologie Hôpital Necker (AP-HP)
- Laboratoire d'Hématologie CHU de Rennes
- Laboratoire d'Hématologie CHU de Lille
- Laboratoire d'Hématologie CHU de Toulouse

Q9 Existe-il un ou des matériels commercialisés (automates et consommables) et dotés d'un marquage CE pour réaliser ce séquençage ?

Si oui, veuillez préciser pour chaque dispositif son nom commercial, son fabricant, son marquage CE (date, indication).

Réponse :

Des kits CE-IVD existent, par exemple InvivoScribe.

Cependant, par rapport aux protocoles développés par les consortiums Biomed-2 et EuroClonality et adaptés par les laboratoires EuroMRD, ces solutions commerciales sont moins optimisées.

Q10 Selon vous, ces matériels commercialisés sont-ils utilisés en France pour le séquençage d'un panel de gènes en génétique somatique des cancers ?

Réponse :

- Oui, exclusivement
- Non, pas du tout
- Mixte, avec parallèlement un recours à des séquençage « maison »

Avant l'utilisation du séquençage par panel de gènes, quelle était la pratique antérieure (technique(s) utilisée(s) antérieurement) pour la même finalité clinique ?

Q11

Réponse :

PCR multiples, analyses de fragment et séquençages Sanger.

Ce séquençage de panel de gènes se substitue-t-il entièrement à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Q12

Réponse :

Oui

Non

Justification :

Gain de temps technique et d'analyse et meilleure performance.

Quels sont les avantages et les limites de ce séquençage par rapport à la ou aux techniques antérieures pratiquées ? (Cf. question 11).

Q13

Réponse :

Avantages	Limites
- Amélioration du workflow, gain de temps +++ - Meilleure caractérisation de la clonalité tumorale	Aucune, pour les laboratoires experts dotés d'une plateforme de séquençage adapté

Avez-vous une ou des précision(s), information(s), remarque(s) qui n'aurai(en)t pas été traitée(s) par ces questions sur l'utilisation actuelle de ce séquençage dans le cadre des soins courants ?

Q14

Réponse :

Analyse spécialisée réalisée dans le cadre du consortium international EuroMRD (<https://euomrd.org/>) qui définit les bonnes pratiques de sa réalisation et organise le contrôle de qualité.