

Таблица 6. Рекомендуемые цитогенетические и молекулярно-генетические исследования для диагностики системного mastоцитоза в зависимости от сложности проводимых лабораторий тестов (сформировано по данным литературы [22, 25–28, 4] с дополнениями)
Table 6. Recommended cytogenetic and molecular genetic studies of systemic mastocytosis based on the complexity of the tests performed by the laboratory (composed according to the literature [22, 25–28, 4] with additions)

Нозология Diagnosis	Минимальный объем исследований Minimal list of tests	Оптимальный объем исследований [#] Optimal list of tests [#]	Научно-исследовательские показатели (выполняются в дополнение к минимальному и оптимальному объемам) Research indicators (performed in addition to the minimum and optimal lists of tests)
Место проведения — локальная лаборатория Venue — local laboratory	<p>1. СЦИ проводится только при нетипичном течении заболевания;</p> <p>2. FISH для выявления перестроек PDGFRA, PDGFRB, FGFR1, химерного гена JAK2::PCM1 — в случаях системного mastоцитоза с эозинофилией и дифференциальной диагностики;</p> <p>3. ПЦР-РВ для выявления V617F JAK2, W515L/K MPL, ПЦР с фрагментным анализом или ПЦР-РВ для выявления мутаций в CALR — в случаях системного mastоцитоза, ассоциированного с гематологическими заболеваниями и дифференциальной диагностики.</p> <p>Системный mastоцитоз Systemic mastocytosis</p>	<p>Место проведения — специализированная или централизованная лаборатория референсного уровня Venue — specialized or centralized reference laboratory</p> <p>1. ПЦР-РВ или цифровая ПЦР для выявления других мутаций D816 в гене KIT;</p> <p>2. Секвенирование по Сэнгеру или таргетное ВПС для детекции иных активирующих мутаций в гене KIT;</p> <p>3. Таргетное ВПС для выявления мутаций ASXL1, CBL, RUNX1, DNMT3A, SRSF2, NRAS;</p> <p>4. ВПС для анализа экзона и транскриптома.</p> <p>1. Real-time PCR or digital PCR to detect other D816 KIT mutations;</p> <p>2. Sanger sequencing or targeted NGS to detect other activated KIT mutations;</p> <p>3. Targeted NGS to reveal ASXL1, CBL, RUNX1, DNMT3A, SRSF2, NRAS mutations;</p> <p>4. Whole-exome and whole-transcriptome NGS analysis.</p>	<p>Примечание. [#] — в случае, если на предыдущем этапе не были проведены минимальный объем исследований, он проводится на этом уровне.</p> <p>Note. [#] — in the event that the minimum amount of research was not carried out at the previous stage, it is carried out at this level.</p>