



Date de Prélèvement : / / Heure de prélèvement : :

NOM de NAISSANCE :

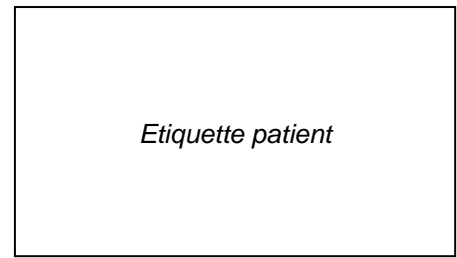
PRENOM complet du patient :

SEXE : F M DATE de NAISSANCE : / /

NOM (Marital) complet du patient :

Centre demandeur : Service :

Médecin prescripteur :



Le patient s'oppose-t-il à la conservation de ses prélèvements ? oui non
 Réponse OBLIGATOIRE.

Informations cliniques, caryotype, traitement éventuel :

STADE DE LA MALADIE : Diagnostic Avéré Suivi Rémission
 Suspicion Rechute Post-allogreffe

RENSEIGNEMENTS CLINIQUES : LMC TE PV MF
 LAL LAM SMD LMMC VEXAS
 LLC LNH folliculaire LNH Manteau Waldenström SHE
 Leucémie Prolymphocytaire T LGL Autres (préciser) :

PRELEVEMENT (stockage à 4°C) : Sang Moelle Autre (préciser) :

ANALYSE(S) DEMANDEE(S) :

Congélation seule (conservation pour analyse moléculaire ultérieure)

LMC

- Recherche du réarrangement *BCR-ABL1** : Diagnostic
- Quantification du transcrite *BCR-ABL1* : Suivi
- Mutations du domaine tyrosine kinase d'*ABL1*

* Joindre impérativement le résultat de la NFS.

SMP non LMC

Bilan mutationnel : *JAK2 V617F* puis *JAK2 exon12* ou *CALR/MPL* en fonction des renseignements cliniques*

Recherche isolée : *JAK2 V617F** *JAK2 exon12** *CALR**
 MPL W515

Panel NGS SMP (10 gènes) : *ASXL1, CALR, CBL, CSF3R, ETNK1, JAK2, KIT, MPL, SETBP1, SH2B3*

Panel NGS myéloïde complet (> 80 gènes)

* Joindre impérativement le résultat de la NFS.

LAM (NB : en cas de demande urgence, utiliser l'ordonnance dédiée)

Bilan diagnostique standard

- | | |
|---|--|
| Mutations géniques : | Analyses transcriptionnelles : |
| <input type="checkbox"/> <i>NPM1</i> | <input type="checkbox"/> Surexpression <i>WT1</i> |
| <input type="checkbox"/> <i>CEBPA</i> | <input type="checkbox"/> Surexpression <i>EVI1/MECOM</i> |
| <input type="checkbox"/> <i>FLT3-ITD</i> | <input type="checkbox"/> Transcrits de fusion dont <i>RUNX1-</i> |
| <input type="checkbox"/> <i>FLT3-TKD</i> | <i>RUNX1T1, CBFβ-MYH11, MLLT3-KMT2A,</i> |
| <input type="checkbox"/> <i>IDH1</i> et <i>IDH2</i> | <i>DEK-NUP214, NUP98-NSD1</i> |

Suivi de la maladie résiduelle

- Mutations de *NPM1* (type A, B, D et variants rares)
- Expression de *WT1*
- Transcrit *RUNX1-RUNX1T1 (AML1-ETO)*
- Transcrit *CBFB-MYH11*
- Transcrit *MLLT3-KMT2A (AF9-MLL)*
- Autre cible sur demande (préciser) :

LAM / SMD / LMMC / autres hémopathies

Panel NGS myéloïde complet (> 80 gènes)

(NB : en cas de demande urgence, utiliser l'ordonnance dédiée)

Panel NGS de prédisposition* (17 gènes) :

ANKRD26, CEBPA, CHEK2, DDX41, DHX34, ETV6, GATA2, IKZF1, MBD4, PAX5, RUNX1, SAMD9/SAMD9L, SRP72, TERC, TERT, TP53
 * Joindre le consentement adapté.

Hyperéosinophilies / SHE

- Transcrit *FIP1L1-PDGFRα*
- Clonalité T
- Panel NGS hyperéosinophilie

VEXAS : Mutations *UBA1* Panel NGS myéloïde

LAL

Bilan diagnostique

- Marqueurs de clonalité LAL-B et T (réarrangements Ig/TCR)
- Transcrits de fusion dont *BCR-ABL1, KMT2A-AFF1, ETV6-RUNX1, TCF3-PBX1, TCF3-HLF, STIL-TAL1* et B-others.
- Surexpressions *HOX11 (TLX1), HOX11L2 (TLX3), WT1* (si LAL-T)
- MLPA : délétions *IKZF1* et *ERG* (LAL-B) / délétions *PTEN* (LAL-T)
- Panel NGS LAL (classifier T ou B)
- SNP-array (Cytoscan HD)

Suivi de la maladie résiduelle

- Ig/TCR sur ADN
- BCR-ABL1* sur ARN
- Autre cible sur demande (préciser) :

Hémopathies lymphoïdes chroniques

- Clonalité B Clonalité T
- Surexpression de *BCL1 / t(11;14)/ Cycline D1*
- Réarrangement *BCL2-JH / t(14;18)*
- Réarrangement *NPM-ALK / t(2;5)*
- Mutations *MYD88 L265P* *BRAF V600E*
- Statut mutationnel des IgVH dans les LLC**
- Panel NGS syndromes lymphoprolifératifs/LNH***
- Orientation B** (LLC, MZL, Manteau, Waldenström...)
- Orientation T** (LGL, TPLL, LNH-T...)

* Diagnostic à préciser impérativement

Informations sur les panels NGS en scannant le QR code :

Version : Janvier 2022

