



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 :

Etiquette patient

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

☐ oui ☐ non

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 :
☐ *NPM1* ☐ Surexpression *WT1*
☐ *CEBPA* ☐ Surexpression *EVI1/MECOM*
☐ *FLT3-ITD* ☐ Transcrits de fusion dont *RUNX1-*
☐ *FLT3-TKD* *RUNX1T1, CBFB-MYH11, MLLT3-KMT2A,*
☐ *IDH1* et *IDH2* *DEK-NUP214, NUP98-NSD1*

☐ 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-PDGFR*
- ☐ 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 :

SIL-FE-CBP-238 Version 8
 Version : Janvier 2022

Page 1 sur 1

