



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 ? oui non
 Réponse OBLIGATOIRE.

Informations cliniques

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

RENSEIGNEMENTS CLINIQUES : LMC TE PV MF
 LAL LAM SMD LMMC
 LLC LNH folliculaire LNH Manteau Waldenström Autres (préciser SVP) :

CARYOTYPE :

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: JAK2V617F puis JAK2 exon12 ou CALR/MPL en fonction des renseignements cliniques*

- Recherche isolée
- JAK2 V617F* JAK2 exon12* CALR* MPL W515*
 - Transcrit FIP1L1-PDGFR4

* Joindre impérativement le résultat de la NFS

LAM

Bilan diagnostique

- Mutations géniques Surexpression WT1
- FLT3-ITD Surexpression EVI1
- FLT3-TKD
- NPM1 Transcrits de fusion (RT-MLPA)
- CEBPA incluant RUNX1-RUNX1T1 (AML1-ETO),
- IDH1 CBFβ-MYH11, MLLT3-KMT2A (AF9-MLL),
- IDH2 DEK-NUP214, NUP98-NSD1.

Suivi de la maladie résiduelle

- Mutations de NPM1 (type A, B ou D)
- Expression de WT1
- Transcrit RUNX1-RUNX1T1 (AML1-ETO)
- Transcrit CBFβ-MYH11 (type A, D ou E)
- Transcrit MLLT3-KMT2A (AF9-MLL)(type A, B ou D)

LAL

Bilan diagnostique

- Marqueurs de clonalité LAL-B et T (réarrangements Ig/TCR)
- SNP-array (Cytoscan HD)

Si LAL-B :

- Transcrits de fusion (RT-MLPA) incluant BCR-ABL1 et B-others, MLL-AF4 (KMT2A-AFF1), ETV6-RUNX1 (TEL-AML1), TCF3-PBX1 (E2A-PBX1), TCF3-HLF (E2A-HLF).
- Délétions d'IKZF1

Si LAL-T :

- Transcrits de fusion (RT-MLPA) incluant BCR-ABL1, SIL-TAL1, NUP214-ABL1.
- Surexpressions HOX11, HOX11L2, WT1
- Panel NGS LAL-T : NOTCH1, FBXW7, PTEN, NRAS, KRAS, TP53.

Suivi de la maladie résiduelle

- Ig/TCR sur ADN
- BCR-ABL1 sur ARN Autres cibles sur demande justifiée

LAM / SMD / LMMC / autres hémopathies

Mutations géniques par séquençage haut-débit (NGS) :

- Panel myéloïde (36 gènes)** : ASXL1, BCOR, BCORL1, CALR, CBL, CSF3R, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NIPBL, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RAD21, RIT1, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SMC1A, SMC3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2.
- Panel de gènes de prédisposition familiale aux hémopathies myéloïdes*** : ANKRD26, CEBPA, DDX41, ETV6, GATA2, RUNX1, SRP72, TERC, TERT, TP53.

* Joindre impérativement le consentement adapté.

Hémopathies lymphoïdes chroniques

- Clonalité B Clonalité T
- Statut mutationnel des IgVH dans les LLC
- Surexpression de BCL1 / t(11;14)/ Cycline D1
- Réarrangement BCL2-JH / t(14;18)
- Réarrangement NPM-ALK / t(2;5)

Mutations MYD88 L265P CD79A et B (NGS) BRAF6 V600E

Panel NGS syndromes lymphoprolifératifs (29 gènes) :

Diagnostic à préciser impérativement : TP53, ATM, BRAF6, BIRC3, BTK, CARD11, CD79A et B, CXCR4, EZH2, FBXW7, KLF2, KRAS, MYD88, NOTCH1, NOTCH2, NRAS, PLCG2, PTEN, RHOA, SF3B1, STAT3, TNFAIP3, XPO1...