



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.*

**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)

**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.*

**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-PDGFRα

*\* Joindre impérativement le résultat de la NFS*

**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

**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...