

Date de Prélèvement : / / Heure de prélèvement : :

NOM de NAISSANCE :

PRENOM complet du patient :

SEXE : F ☐ M ☐ DATE de NAISSANCE : / /

Etiquette patient

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)

STADE DE LA MALADIE : **Diagnostic** ☐ Avéré ☐ **Suivi** ☐ Rémission Informations cliniques, caryotype, CMF,
☐ Suspicion ☐ Progression anatomopathologie, traitement éventuel :
☐ Rechute
☐ Post-allogreffe

PATHOLOGIE : ☐ LMC ☐ TE ☐ PV ☐ MF
☐ LAM ☐ SMD ☐ LMMC ☐ VEXAS ☐ SHE
☐ LAL ☐ LLC ☐ LNH folliculaire ☐ LNH Manteau ☐ MZL
☐ Waldenström ☐ T-PLL ☐ LGL ☐ Autres (préciser) :

PRELEVEMENT (stockage à 4°C) : ☐ Sang ☐ Moelle ☐ LCR ☐ 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.

NMP non LMC

- ☐ JAK2 V617F* ☐ JAK2 autres mutations* ☐ CALR* ☐ MPL*
☐ Suivi quantitatif sur demande (préciser) :

Mastocytose

- ☐ KIT D816V* ☐ KIT autres mutations

☐ **Panel NGS myéloïde complet : Myélofibrose, évolution de NMP avéré (> 100 gènes)**

*Joindre impérativement le résultat de la NFS.

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

Bilan diagnostique standard

- ☐ Mutations par NGS (panel > 100 gènes incluant *NPM1*, *CEBPA*, *FLT3*, *IDH1*, *IDH2*, et gènes ELN)
☐ Analyses transcriptionnelles :
☐ Surexpression *WT1*
☐ Surexpression *EVI1/MECOM*
☐ Transcrits de fusion

Suivi de la maladie résiduelle

- ☐ Mutations de *NPM1* (type A, B, D et variants rares)
☐ Mutations *FLT3*-ITD par NGS-UHS
☐ Expression de *WT1*
☐ Transcrit *RUNX1::RUNX1T1*
☐ Transcrit *CBFB::MYH11*
☐ Autre cible sur demande (préciser) :

☐ **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.

SMD / LAM / LMMC / VEXAS / autres hémopathies

- ☐ **Panel NGS myéloïde complet (> 100 gènes)**

Hyperéosinophilies clonales / SHE

- ☐ Transcrit *FIP1L1::PDGFRA*
☐ Panel NGS hyperéosinophilie

LAL

Bilan diagnostique

- ☐ Marqueurs de clonalité LAL-B et T (réarrangements IG/TR)
☐ 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)
☐ Délétions *IKZF1* et *ERG* (LAL-B) / délétions *PTEN* (LAL-T)
☐ Panel NGS LAL (classifier T ou B)

Suivi de la maladie résiduelle

- ☐ IG/TR sur ADN
☐ 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)
☐ Expression de la famille *TCL1* (T-PLL)
 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, T-PLL, LNH-T, Sézary...)
 *Diagnostic à préciser impérativement

Myélome *Utiliser l'ordonnance dédiée

Informations sur les panels NGS en scannant le QR code :

SIL-FE-CBP-238 V9
 Version : Mars 2026
 Page 1 sur 1

