

**BON DE PRESCRIPTION D'ANALYSES DE GENETIQUE MOLECULAIRE DES HEMOPATHIES MALIGNES**

**PATIENT**

Nom :  
Nom de naissance :  
Prénom :  
Date de naissance :  
Sexe :

**PRESCRIPTEUR**

Hôpital :  
Service demandeur :  
Médecin prescripteur :

**PRELEVEMENT**

Date du prélèvement :  
Nature du prélèvement :  
 Sang (EDTA)  Moelle osseuse (EDTA)  Ganglion  Autre (préciser) :

**RENSEIGNEMENTS CLINIQUES (A renseigner impérativement)**

**En l'absence de renseignement clinique, les résultats ne pourront être validés**

Pathologie:

- |   |   |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> Leucémie Myéloïde Chronique                    | <input type="checkbox"/> Thrombocytémie Essentielle                     |
| <input type="checkbox"/> Polyglobulie de Vaquez                         | <input type="checkbox"/> Myélofibrose primitive                         |
| <input type="checkbox"/> Syndromes Hyperéosinophiliques                 | <input type="checkbox"/> Mastocytose                                    |
| <input type="checkbox"/> Syndromes Myélodysplasiques                    | <input type="checkbox"/> Syndromes Myéloprolifératifs/Myélodysplasiques |
| <input type="checkbox"/> Leucémie Aiguë Lymphoblastique de type : ..... | <input type="checkbox"/> Leucémie Aiguë Myéloblastique de type : .....  |
| <input type="checkbox"/> Lymphome folliculaire                          | <input type="checkbox"/> Lymphome du manteau:                           |
| <input type="checkbox"/> Leucémie Lymphoïde Chronique                   | <input type="checkbox"/> Maladie de Waldenström                         |
| <input type="checkbox"/> Autre (à préciser) : .....                     |   |

Stade de la maladie:

- Diagnostic confirmé  
 Diagnostic suspecté  
 Suivi  
Traitement (à préciser) : .....

**LEUCEMIE MYELOIDE CHRONIQUE**

**Prescription accompagnée obligatoirement d'un résultat de NFS**

- Recherche d'un réarrangement *BCR-ABL1*  
 Quantification des ARNm *BCR-ABL1* en unité internationale ou IS (*e13a2, e14a2*)  
 Quantification des ARNm *BCR-ABL1* rares (*e6a2, e19a2, autres*)  
 Mutations du domaine tyrosine kinase de *BCR-ABL1*

**LYMPHOMES MALINS NON HODGKINIENS  
SYNDROMES LYMPHOPROLIFERATIFS**

**Prescription accompagnée obligatoirement du nombre de lymphocytes et du phénotype**

- Recherche du réarrangement *IgH-BCL1*  
 Recherche du réarrangement *IgH-BCL2*  
 Expression de la *Cycline D1*  
 Recherche de la mutation L265P de *MYD88*

**SYNDROMES MYELOPROLIFERATIFS (HORS LMC)  
SYNDROMES MYELODYSPLASIQUES (SMD)**

**Prescription accompagnée obligatoirement d'un résultat de NFS**

- Recherche de la mutation *JAK2 V617F*  
 Quantification des allèles *JAK2 V617F*  
 Recherche des insertions/délétions de *CALR*  
 Recherche des mutations W515L/K de *MPL*  
 Recherche du réarrangement *FIP1L1-PDGFR $\alpha$*   
 Recherche du réarrangement *TEL-PDGFR $\beta$*   
 Recherche du réarrangement *ZNF198-FGFR1*  
 Recherche de la mutation D816V de *c-KIT*  
 Autre recherche (à préciser) : .....

## LEUCEMIES AIGUES - DIAGNOSTIC

**Prescription accompagnée obligatoirement du type FAB (LAM), du phénotype (LAL)  
et du pourcentage de blastes dans le prélèvement analysé (LAM et LAL)**

- |  |   |
|--|---|
| <input type="checkbox"/> Plaque LAM<br>(PML-RARa, CBFβ-MYH11, AML1-ETO, WT1)   | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement MLL-AF9       |
| <input type="checkbox"/> Recherche des ITD de FLT3   | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement MLL-AF10      |
| <input type="checkbox"/> Recherche des mutations D835 de FLT3  | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement MLL-ENL       |
| <input type="checkbox"/> Recherche des mutations de NPM1   | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement MLL-ELL       |
| <input type="checkbox"/> Plaque LAL adulte<br>(BCR-ABL1 Mbc, BCR-ABL1 mbc, TEL-AML1, E2A-PBX, SIL-TAL, MLL-AF4)                              | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement DEK-CAN       |
| <input type="checkbox"/> Plaque LAL pédiatrique<br>(réarrangements BCR-ABL1 Mbc, BCR-ABL1 mbc, TEL-AML1, E2A-PBX, E2A-HLF, SIL-TAL, MLL-AF4) | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement CALM-AF10     |
| <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement MLL-AF6  | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement NPM1-MLF1     |
|  | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement NUP98-LEDGF   |
|  | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement TEL-EVI1/MDS1 |
|  | <input type="checkbox"/> Recherche du réarrangement BCR-JAK2      |
|  | <input type="checkbox"/> Autre recherche (préciser) : .....       |

## SUIVI MOLECULAIRE DES LEUCEMIES AIGUES

**Si patient non connu, antériorité indispensable**

- |   |  |
|---|--|
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm BCR-ABL1 (mbc)           | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm CBFβ-MYH11        |
| <input type="checkbox"/> Mutations du domaine tyrosine kinase de BCR-ABL1 | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm AML1-ETO          |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm TEL-AML1                 | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm CALM-AF10         |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm E2A-PBX                  | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm DEK-CAN           |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm E2A-HLF                  | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm NPM1-MLF1         |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm SIL-TAL                  | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm NUP98-LEDGF       |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm PML-RARa                 | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm TEL-EVI1/MDS1     |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm MLL-AF4                  | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm WT1               |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm MLL-AF6                  | <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm NPM1 mutés        |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm MLL-AF9                  | <input type="checkbox"/> Quantification autre (à préciser) : ..... |
| <input type="checkbox"/> Quantification des ARNm MLL-AF10                 |  |

## NGS (Séquençage moyen débit ciblé)

**Nécessité d'un avis en RCP et d'une entente préalable avec le laboratoire**

Gène	Exons analysés	Gène	Exons analysés	Gène	Exons analysés	Gène	Exons analysés
<b>ABL1</b>	4 - 6	<b>DNMT3A</b>	Totalité	<b>KDM6A/UTX</b>	Totalité	<b>RUNX1</b>	Totalité
<b>ASXL1</b>	12	<b>ETV6/TEL</b>	Totalité	<b>KIT</b>	2, 8, 9, 10, 11, 13, 17	<b>SETBP1</b>	4 (partiel)
<b>ATRX</b>	8 - 10, 17 - 31	<b>EZH2</b>	Totalité	<b>KRAS</b>	2, 3	<b>SF3B1</b>	13 - 16
<b>BCOR</b>	Totalité	<b>FBXW7</b>	9 - 11	<b>MLL</b>	5 - 8	<b>SMC1A</b>	2, 11, 16, 17
<b>BCORL1</b>	Totalité	<b>FLT3</b>	14, 15, 20	<b>MPL</b>	10	<b>SMC3</b>	10, 13, 19, 23, 25, 28
<b>BRAF</b>	15	<b>GATA1</b>	2	<b>MYD88</b>	3 - 5	<b>SRSF2</b>	1
<b>CALR</b>	9	<b>GATA2</b>	2 - 6	<b>NOTCH1</b>	26, 27, 28, 34	<b>STAG2</b>	Totalité
<b>CBL</b>	8, 9	<b>GNAS</b>	8, 9	<b>NPM1</b>	12	<b>TET2</b>	3 - 11
<b>CBLB</b>	8, 10	<b>HRAS</b>	2, 3	<b>NRAS</b>	2, 3	<b>TP53</b>	2 - 11
<b>CBLC</b>	8, 11	<b>IDH1</b>	4	<b>PDGFRA</b>	12, 14, 18	<b>U2AF1</b>	2, 6
<b>CDKN2A</b>	Totalité	<b>IDH2</b>	4	<b>PHF6</b>	Totalité	<b>WT1</b>	7, 9
<b>CEBPA</b>	Totalité	<b>IKZF1</b>	Totalité	<b>PTEN</b>	5, 7	<b>ZRSR2</b>	Totalité
<b>CSF3R</b>	14 - 17	<b>JAK2</b>	12, 14	<b>PTPN11</b>	3, 13		
<b>CUX1</b>	Totalité	<b>JAK3</b>	13	<b>RAD21</b>	Totalité		

*En orange : gènes faisant partie de la liste de l'INCa (panels leucémies, lymphomes et syndromes lymphoprolifératifs)*