



Date de Prélèvement : ..... / ..... / ..... Heure de prélèvement : ..... : .....

**NOM de NAISSANCE** : .....

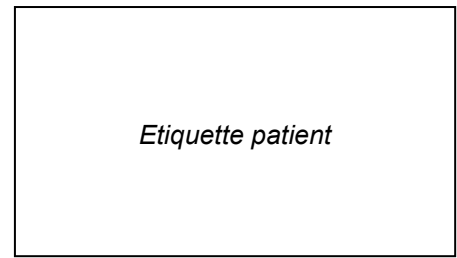
**PRENOM** complet du patient : .....

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

**NOM (Marital) complet du patient** : .....

Centre demandeur : ..... Service : .....

**Médecin prescripteur** : .....



**Le patient s'oppose-t-il à la conservation de ses prélèvements ?**  oui  non (Réponse OBLIGATOIRE)

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

Informations cliniques, caryotype, CMF, anatomopathologie, traitement éventuel :

**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.

**Hyperéosinophilies clonales / SHE**

Transcrit *FIP1L1::PDGFRA*  
 Panel NGS hyperéosinophilie

**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.

**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) : .....

**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) : .....

**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

**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.

**Myélome** \* Utiliser l'ordonnance dédiée

**SMD / LAM / LMMC / VEXAS / autres hémopathies**

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

**Informations sur les panels NGS en scannant le QR code :**  
 SIL-FE-CBP-238 V9  
 Version : Mars 2026  
 Page 1 sur 1