



GÉNÉTIQUE MOLÉCULAIRE ONCO- HÉMATOLOGIQUE

PRÉLÈVEMENT	
<input type="checkbox"/> Sang total EDTA (2x5 ml) <input type="checkbox"/> Moelle EDTA (1 à 2 ml) <input type="checkbox"/> Ganglion <input type="checkbox"/> Autre, précisez..... Date de prélèvement <input type="text"/> / <input type="text"/> / <input type="text"/> Heure de prélèvement <input type="text"/> h <input type="text"/> min	N°Client : C <input type="text"/> / <input type="text"/> <div style="text-align: right;">Cachet Laboratoire Préleveur</div>
PATIENT(E)	PRESCRIPTEUR
NOM PRÉNOM Nom de naissance Adresse CP Ville Date de naissance : <input type="text"/> / <input type="text"/> / <input type="text"/> Sexe	NOM PRÉNOM Adresse CP Ville Tél. <input type="text"/> / <input type="text"/> / <input type="text"/> Fax <input type="text"/> / <input type="text"/> / <input type="text"/> Adresse e-mail : Signature
TEST DEMANDÉ	
SYNDROMES MYÉLOPROLIFÉRATIFS : SMP	
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">LEUCÉMIE MYÉLOÏDE CHRONIQUE (LMC)</div> Diagnostic : <input type="checkbox"/> Recherche du transcrite BCR-ABL Suivi de la maladie résiduelle <i>(le type de transcrite est obligatoire sauf si la quantification antérieure a été réalisée au Cerba) :</i> Type de transcrite : <input type="checkbox"/> M-BCR-ABL (p210) <input type="checkbox"/> m-BCR-ABL (p190) <input type="checkbox"/> rare* : b2a3 b3a3 e19a2 e6a2 e8a2 Arrêt du traitement <input type="checkbox"/> NON <input type="checkbox"/> OUI <input type="checkbox"/> Non précisé <input type="checkbox"/> Quantification isolée <input type="checkbox"/> Quantification + recherche de mutations du domaine tyrosine kinase d'ABL1* (résistance ITK)	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">SYNDROME MYÉLOPROLIFÉRATIF NON-LMC</div> <input type="checkbox"/> Bilan SMP : JAK2 V617F et exon12 / CALR / MPL Recherche isolée : <input type="checkbox"/> JAK2 V617 F (recherche de 1 ^{ère} intention) <input type="checkbox"/> JAK2 – Mutations de l'exon 12 <input type="checkbox"/> CALR <input type="checkbox"/> Transcrite FIP1L1-PDGFR <input type="checkbox"/> MPL <i>NB : La recherche de mutations du gène c-kit n'est plus réalisée isolément mais au décours du panel NGS SMP (cf ci-après)</i>
LEUCÉMIES AIGÜES MYÉLOÏDES : LAM	
Diagnostic : Bilan moléculaire LAM : <input type="checkbox"/> FLT3 (ITD/TKD), NPM1, CEBPA, IDH1, IDH2 Recherche isolée : <input type="checkbox"/> FLT3 (ITD/TKD) <input type="checkbox"/> IDH1 <input type="checkbox"/> IDH2 <input type="checkbox"/> TP53	Suivi de la maladie résiduelle : <input type="checkbox"/> AML1-ETO <input type="checkbox"/> CBFβ-MYH11 types A / D / E <input type="checkbox"/> PML-RARA type : <input type="checkbox"/> bcr 1 <input type="checkbox"/> bcr 2 <input type="checkbox"/> bcr 3 <input type="checkbox"/> Mutation NPM1* : <input type="checkbox"/> Type A <input type="checkbox"/> Type B <input type="checkbox"/> Type D
LEUCÉMIES AIGÜES LYMPHOBLASTIQUES : LAL	
Diagnostic : <input type="checkbox"/> Recherche du transcrite BCR-ABL	Suivi de la maladie résiduelle : <input type="checkbox"/> Transcrite M-BCR-ABL (p210) <input type="checkbox"/> Transcrite m-BCR-ABL (p190)

* Examens effectués en collaboration avec un laboratoire de biologie médicale de référence (LBMR)



GÉNÉTIQUE MOLÉCULAIRE

ONCO- HÉMATOLOGIQUE

SYNDROMES LYMPHOPROLIFÉRATIFS : SLP

- | | |
|--|---|
| <input type="checkbox"/> Statut mutationnel des IGHV
<input type="checkbox"/> LLC <input type="checkbox"/> LNH-B non LLC
<i>Joindre impérativement le résultat d'immunophénotypage lymphocytaire</i> | <input type="checkbox"/> MYD88 L265P
<i>NB : La recherche conjointe de mutations MYD88 et CXCR4 peut être réalisée au décours du panel NGS lymphoïde (cf ci-après)</i> |
| <input type="checkbox"/> Hyperexpression de la cycline D1
<input type="checkbox"/> TP53, recherche de mutations | <input type="checkbox"/> Clonalité B (réarrangements des Ig)
<input type="checkbox"/> Clonalité T (réarrangements du TCR)
<input type="checkbox"/> BRAF V600E |

ÉTUDE DES HÉMOPATHIES PAR SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT NGS

- Panel NGS Néoplasie Myéloproliférative 24 gènes**
ASXL1, CALR, CBL, CSF3R, DNMT3A, EZH2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NRAS, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, ZRSR2
- Panel NGS Néoplasie myélodysplasique 31 gènes**
ASXL1, BCOR, BCORL1, CBL, CEBPA, DNMT3A, ETNK1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, GNB1, IDH1, IDH2, KMT2A, KRAS, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TP53, U2AF1, WT1
- Panel NGS LAM 21 gènes**
ASXL1, BCOR, CEBPA, DNMT3A, EZH2, FLT3, IDH1, IDH2, KIT, KMT2A, NPM1, PHF6, RUNX1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2
- Panel NGS myéloïde complet LAM/SMD/LMMC/SMP 50 gènes**
ASXL1, ANKRD26, BCOR, BCORL1, BRAF, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CSNK1A1, DNMT3A, DDX41, ETNK1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, GNAS, GNB1, IDH1, IDH2, JAK2, KDM6A, KIT, KMT2A, KRAS, MPL, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTEN, PTPN11, RAD21, RUNX1, SAMD9, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, UBA1, U2AF1, WT1, ZRSR2
- Panel NGS lymphoïde mature incluant statut mutationnel TP53 18 gènes**
BIRC3, BRAF, BTK, CXCR4, DNMT3A, IDH2, MYD88, NOTCH1, NOTCH2, PLOG2, PTEN, RHOA, SF3B1, STAT3, STAT5B, TET2, TP53, XPO1
- Panel NGS Myélome multiple 26 gènes**
BIRC3, BRAF, CCND1, CDKN2A, CRBN, CUL4A, CUL4B, CXCR4, DIS3, EGFR, IDH1, IDH2, IKZF1, IKZF3, KRAS, MYC, MYD88, NRAS, NSD2, PIK3CA, PIM1, STAT3, TENT5C, TP53, TRAF3, XBP1

AUTRE DEMANDE

-
- Extraction ADN pour conservation
-
- Extraction ARN pour conservation
-
- Autre, précisez :

* Examens effectués en collaboration avec un laboratoire de biologie médicale de référence (LBMR)