

# ANALYSES MOLECULAIRES HEMOPATHIES BON DE DEMANDE ADMINSTRATIF

*Cette fiche de transmission est à joindre à toute demande d'analyses et vaudra bon de facturation :*

## LABORATOIRE D'ONCOLOGIE MOLECULAIRE

**Dr B. DADONE-MONTAUDIE**

Hôpital L'ARCHET 2 Niveau -3

151, route Saint-Antoine de Ginestière

CS 23079 - 06202 Nice Cedex 3

Tel: 04 92 03 80 07

Fax: 04 92 03 75 29

@mail: [lom-sec-past@chu-nice.fr](mailto:lom-sec-past@chu-nice.fr)

IDENTIFICATION DU PATIENT(E)

Étiquette patient.e

MEDECIN PRESCRIPTEUR : .....

Étiquette UF

*Transmettre le consentement de prélèvement pour la réalisation d'examens génétiques à des fins médicales et/ou conservation dans banque d'ADN/ARN (date et visa patient/praticien)*

PRELEVEMENT(S) : un patient, un sachet

URGENT

- Type de prélèvement : sang  moelle osseuse  autre  .....

**SANG ET MOELLE : 1 à 2 TUBE(S) EDTA** (bouchon violet) de 9 mL (prélever stérilement)  
transport à température ambiante (< à 48h)

**LIQUIDES DE PONCTION : 1 TUBE NEUTRE** (bouchon blanc) (prélever stérilement) transport à température ambiante (< à 48h)

**ATTENTION**  
**LES PRELEVEMENTS SONT A ADRESSER**  
**CENTRE DE TRI**  
**HOPITAL ARCHET 2**

Date du prélèvement :

Heure :

Préleveur (nom) :

CADRE RESERVE AU LABORATOIRE

DATE ET HEURE DE RECEPTION :

VISA :

DATE ET HEURE DE RECEPTION AU LOM :

VISA :

CADRE RESERVE AU LABORATOIRE

CONSENTEMENT OUI  NON

CONFORMITE : OUI  NON  N° de FNC :

VISA :

# ANALYSES MOLECULAIRES HEMOPATHIES BON DE DEMANDE SPECIFIQUE

Étiquette PATIENT(E)	<b>RENSEIGNEMENTS CLINIQUES :</b>  LAM/SMD/CYTOPENIE <input type="checkbox"/> SMP/NMP <input type="checkbox"/> LMC (BCR::ABL1 qualitatif) <input type="checkbox"/> HYPEREOSINOPHILIE <input type="checkbox"/> LLC/LYMPHOME <input type="checkbox"/> MASTOCYTOSE <input type="checkbox"/> AUTRES <input type="checkbox"/> préciser.....  DIAGNOSTIC <input type="checkbox"/> SUIVI <input type="checkbox"/> RECHUTE/EVOLUTION <input type="checkbox"/> POST ALLOGREFFE <input type="checkbox"/>
----------------------	--

Lien pour le manuel de prélèvement du CHU de Nice <https://chu-nice.manuelprelevement.fr/>

HEMOPATHIES MYELOIDES - RECHERCHE DE MUTATIONS /FUSIONS	COMMENTAIRES PRESCRIPTEUR
<input type="checkbox"/> <b>NGS MYELOIDE<sup>A</sup> (N453*)</b> panel de <b>45 gènes</b> impliqués dans les hémopathies myéloïdes Si nécessaire, préciser le ou les gène(s) d'intérêt: ..... <input type="checkbox"/> <b>OU EN CAS DE SMP/NMP (N455* par cible) :</b> JAK2 V617F <input type="checkbox"/> CALR <input type="checkbox"/> MPL <input type="checkbox"/> JAK2 exon 12 <input type="checkbox"/> <i>A noter que la recherche de ces mutations est réalisée de façon simultanée, non séquentielle, par technique de NGS. Sur demande, une analyse bioinformatique exhaustive des 45 gènes du panel pourra être réalisée (N453*) sur demande, sans nouveau prélèvement (transmission d'un nouveau bon de demande impératif)</i> <input type="checkbox"/> <b>KIT D816V (DDPCR N408*)</b> <input type="checkbox"/> <b>UBA1 (NGS, panel UBA1 (full coding gene) N452*)</b> <input type="checkbox"/> <b>Recherche de gènes de fusion (RNAseq ciblé<sup>A</sup> panel Myéloïde N453*)</b> Si nécessaire, préciser le ou les gène(s) d'intérêt: ..... <i>A noter : les analyses quantitatives des transcrits de fusion sont réalisées au Laboratoire d'Oncohématologie. Merci de leur transmettre directement un échantillon.</i> <input type="checkbox"/> <b>CGH/SNP-array (B034) Recherche d'anomalies génomiques quantitatives (amplification, délétion, perte d'hétérozygotie)</b>	
SUIVI HEMOPATHIES – MALADIE RESIDUELLE (MRD**)	
<input type="checkbox"/> <b>NPM1 (mutations A, B ou D) (PCR en temps réel N451*)</b> <i>**A noter que les analyses quantitatives des transcrits de fusion sont réalisées au Laboratoire d'Oncohématologie. Merci de leur transmettre directement un échantillon.</i>	
HEMOPATHIES LYMPHOIDES	COMMENTAIRES PRESCRIPTEUR
<input type="checkbox"/> <b>NGS MYELOIDE/LYMPHOÏDE<sup>A</sup> (N453*)</b> panel de <b>45 gènes</b> incluant les gènes <b>TP53, BRAF, TET2, IDH2, MYD88</b> <input type="checkbox"/> <b>NGS pour recherche de mutation TP53</b> (incluant tous les exons - NGS ciblé N452*) <input type="checkbox"/> <b>BRAF V600</b> (pyroséquençage N408*) <input type="checkbox"/> <b>MYD88 L265P (DDPCR N457*)</b> <input type="checkbox"/> <b>Recherche d'hypermutations somatiques des IGH – statut IGHV (NGS ciblé N452*)</b> <input type="checkbox"/> <b>Clonalité T (NGS ciblé – TRG N453*)</b> <input type="checkbox"/> <b>Clonalité B (NGS ciblé – IGH/IGK N453*x2)</b> <input type="checkbox"/> <b>Recherche de gènes de fusion et/ou mutations (RNAseq ciblé N453*)</b> Si nécessaire, préciser le ou les gène(s) d'intérêt: ..... <b>A noter que la détection des translocations impliquant les gènes BCL2, CCND1 ou MYC n'est pas réalisée par cette méthode.</b>	

**A noter : Les anomalies cytogénétiques des myélomes ne sont pas ciblées par nos panels)**

<sup>A</sup> Listes des gènes des panels NGS et RNAseq ciblés disponibles sur demande au laboratoire

\*Cotation RIHN ou liste complémentaire (<https://solidarites-sante.gouv.fr/systeme-de-sante-et-medico-social/recherche-et-innovation/rihn>)