

	Département de Biopathologie 28, rue Laennec 69373 Lyon Cedex 08 - Bâtiment Cheney B 2 ^{ème} étage		Cadre réservé au laboratoire Réception ___/___/___ H___
	A-2359F-V1 12/05/2023	UF de Biologie des Tumeurs: du lundi au vendredi 9h – 16h30 Secrétariat : Tél : 04.78.78.51.73 Fax : 04.69.85.64.20 SecretariatBiomol@lyon.unicancer.fr - Sécurisé : secretariat.biologie.destumeurs@clb.aura.mssante.fr Biologistes de l'UF de Biologie des Tumeurs : Drs E.Beillard, A.Buisson, L.Paulet, G.Tachon Mail biologistes : Medecins.biomolsomatique@lyon.unicancer.fr	

Biologie moléculaire des hémopathies malignes

Bon de demande

Patient 	Prescripteur Médecin prescripteur : Téléphone : _ _ _ _ _ Autres correspondants à informer du résultat :
---	--

Informations patient		
Prélèvement : ___ / ___ / 20 ___ - ___ H ___ - Nom du préleveur : _____		
<i>Prélèvements déconseillés le vendredis et veille de jours fériés. Merci de prévenir les biologistes du laboratoire la veille.</i>		
Nature du prélèvement ☐ Sang (EDTA) ☐ Cytoponction médullaire (EDTA) ☐ Autre liquide biologique : _____ <i>Les biopsies ostéomédullaires sont à adresser à la réception du département de Biopathologie avec un bordereau spécifique.</i>	Stade de la maladie ☐ Diagnostic ☐ (Suspicion de) Rechute/Progression <i>Le suivi moléculaire de la maladie n'est pas assuré hormis dans un cadre protocolaire</i>	Référence Etude / Protocole ☐ Etude / Protocole : _____ N Inclusion : _____ ☐ Non applicable
Traitement antinéoplasique Hématologie ☐ aucun ☐ antérieur : _____ ☐ en cours : _____ Ligne de traitement : _____	Tumeur solide (si oui, renseigner la tumeur) ☐ aucun ☐ antérieur: _____ ☐ en cours: _____ ☐ non connu	Grefe ☐ aucune ☐ autogreffe: ___ / ___ / 20 ___ ☐ allogreffe: ___ / ___ / 20 ___ ☐ non connu
Renseignements cliniques : _____ _____ _____ _____		

Analyses demandées			
LMC Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	1 ^e intention Envoyer en LABM ou ☐ NGS RNAseq <i>(Accord préalable)</i>	2 ^e intention ☐ Transcrits rares <i>BCR-ABL</i> (NGS RNAseq) ☐ Profil mutationnel (NGS ADN) ☐ Recherche de résistance (NGS RNAseq)	
SMP Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	1 ^e intention ☐ NGS RNAseq <i>JAK2(V617F), CALR(E364-L367, K385), MPL (S505, W515)</i>	2 ^e intention ☐ Panel NGS ADN <i>dont JAK2 cds, CALR (8-9), MPL cds</i>	
SMD Moelle (1 mL)	1 ^e intention ☐ Panel NGS ADN avec calcul du score IPSS-M		
Lymphomes et LLC Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	☐ Recherche isolée de mutation de TP53 ☐ Panel NGS ADN dont mutations de résistance aux thérapies ciblées (IBTK, BH3,...) <i>Le statut mutationnel des IGHV est à adresser au CHLS (bordereau spécifique)</i>		
Hyperéosinophilie Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	1 ^e intention ☐ NGS RNAseq	2 ^e intention Envoyer au cente de référence	
Mastocytose Moelle (1 mL)	1 ^e intention ☐ NGS RNAseq <i>dont KIT (D816V)</i>	2 ^e intention Envoyer au cente de référence	
LAM / LAL Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	☐ LAM t-related(NGS ADN) Autres cas : Envoi direct au CHLS (bordereau spécifique)		
Hématopoïèse clonale Moelle (1 mL) ou sang (10 mL)	☐ Panel NGS ADN		

CENTRE DE LUTTE CONTRE LE CANCER LEON BERARD	Département de Biopathologie 28, rue Laennec 69373 Lyon Cedex 08 - Bâtiment Cheney B 2^{ème} étage	Cadre réservé au laboratoire Réception __ / __ / __, __H__ Nb tubes reçus : Type tubes : N° BM :
A-2359F –V1 12/05/2023	UF de Biologie des Tumeurs: du lundi au vendredi 9h – 16h30 Secrétariat : Tél : 04.78.78.51.73 Fax : 04.69.85.64.20 SecretariatBiomol@lyon.unicancer.fr - Sécurisé : secretariat.biologie.destumeurs@clb.aura.mssante.fr Biologistes de l'UF de Biologie des Tumeurs : Drs E.Beillard, A.Buisson, L.Paulet, G.Tachon Mail biologistes : Medecins.biomolsomatique@lyon.unicancer.fr	

Panel ADN Hématologie (HEM V2, Agilent):

ABL1 (4-9); ANKRD26 (CDS+5'UTR); ARID1A; ASXL1 (10-13); ASXL2 (10-13); ATM; ATRX; B2M; BAX; BCL2; BCL2L1 (BCL-XL); BCL6; BCOR; BCORL1; BIM; BIRC3 (3-9); BRAF (11,15); BTG1; BTK; CALR (8-9); CARD11 (4-9, 15); CBL (7-9); CCND1; CCND2; CCND3; CCR4; CD274; CD28 (2,4); CD58; CD79A (4-5); CD79B (4-6); CDKN2A (p16/p14); CDKN2B (p15); CEBPA; CHD2; CIITA; CREBBP (1-31); CSF3R; CXCR4; DDX3X; DDX41; DNMT3A; EP300; ETNK1; ETV6; EZH2; FAT1; FBXW7* (9-12); FLT3 (10-11,14-17,20); FOXO1; FYN; GATA1; GATA2; GNA13; GNB1; H1-2; H1-3; H1-4; H1-5; H2AC20; H2BC12; H2BC21; H2BC4; H3C2; H3C8; HRAS*; ID3; IDH1 (4); IDH2 (4); IKZF1; INPP5D (SHIP1); IRF4; ITPKB (1-6); JAK2; JAK3 (11-24); KIT (2,8-11,13,17-18); KLF2; KMT2A; KMT2D; KRAS*; LUC7L2; LYN; MAL; MAP2K1 (2-10); MAU2; MCL-1; MECOM; MEF2B; MFHAS1 (1); MPL; MYC; MYD88; NF1; NFKBIE; NOTCH1 (26-28,34); NOTCH2 (26-28,34); NPM1; NRAS; PAX5; PHF6; PIGA; PIM1*; PLCG1; PLCG2 (17-30); POT1 (4-10); PPM1D; PRDM1; PRKCB; PRPF8; PTEN; PTPN11; PTPRD; RAD21; REL*; RHOA; RUNX1; SAMD9; SAMD9L; SETBP1 (4); SETD2; SF3B1 (13-18); SH2B3; SMC1A; SMC3; SOCS1; SRSF2 (1); SRY; STAG1; STAG2; STAT3 (20-21); STAT5B (15-16); STAT6 (9-16); SUZ12; TBL1XR1*; TCF3 (17-19); TERC*; TERT (CDS+Prom.); TET2; TNFAIP3; TNFRSF14; TP53; TP63 (4-14); TRAF2; TRAF3; U2AF1 (2-6); U2AF2; VAV1; WT1; XPO1 (15-18); ZRSR2.

Couverture complète de la séquence codante + 10 pb dans les régions introniques flanquantes sauf mention contraire (n° exon + 10 pb). Génome de référence: GRCh37 (hg19), transcrits MANE sauf * (Refseq).

Panel RNAseq ciblé Myéloïde (SK0088, Archer):

Mutations ciblées (n=46)

ABL1 (Y253-E255, V299, T315-F317, M351-F359); AKT3 (K172); ASXL1 (Y591, H630-E635, I641-G646, R693, E1102); BRAF (V600); CALR (E364-L367, K385); CBL (Q367-Y371, L380-C384, C404-W408, R420); CEBPA (P23-H24, Q83, K304-L317); CREBBP (P1053, C1240, R1446, S1680-L1681); CSF3R (T618, Q766-Q768, Q776); DCK (A32, E70); DNMT2 (V649, L789); DNMT3A (R688-K693, R882); ETV6 (Y104-R105); EZH2 (Y602, Y646, R690); FBXW7 (R224-T226, R338-I347, T385, R465, R479, R505); FGFR2 (R6); FGFR3 (Y373, K650); FLT3 (F590-N609, D835-S838); GATA1 (M1, S30, Y62-D65); GATA2 (A318-L321, R362); GNAS (D323); IDH1 (R132); IDH2 (R140, R172); IKZF3 (L162); JAK1 (V658, S703, R724); JAK2 (F537-F547, V617-C618, L681-R683, L855, V863, A880, V911, M929-R938, I960, R980-E985, D994); JAK3 (M511, A572-A573, R657, S789); KDM6A (V1113); KIT (T417-D419, T670, R796, D816, N822-V825); KRAS (G12-G13, Q61, A146); MPL (S505, W515); MYD88 (V217-S219, M232, S243, L265); NOTCH1 (L1574, V1578, L1585, F1592-L1593, R1598-L1600, L1678-I1680, P2514-E2515, P2525); NPM1 (W288-W290); NRAS (G12-G13, G60-Q61); PHF6 (R116, R274-G275, I314-R319); PML (C212-S220); PTPN11 (G60-D61, E69-T73, E76, S502-G503); RARA (E197, R272, T283-M284, L290-M297, R394, Q411); SETBP1 (D868-I871); SF3B1 (E622-N626, H662-K666, K700, G742); SLC29A1 (Y11, P419); SRSF2 (P95); U2AF1 (S34, R156-Q157); WT1 (R301-V303, R352-V354, P359-A365, R445-H448); XPO1 (E571).

Transcrits de fusions dont fusions avec partenaires inconnus (n=39)

ABL1; BCR; CBFβ; CHD1; CHIC2; CREBBP; CSF1R; ERG; ETV6; FGFR1; FLT3 (ITD); GLIS2; IKZF1 (saut d'exon); IKZF3; JAK2; KAT6A; KMT2A (fusion et PTD); MECOM; MKL1; MLLT10; MLLT4; MYC; MYH11; NF1; NOTCH1 (fusion et saut d'exon); NUP214; NUP98; PDCD1LG2; PDGFRA; PDGFRB; PICALM; PML; RARA; RBM15; ROS1; RUNX1; RUNX1T1; SETD2; TCF3; TFG.

Tarification RIHN des analyses (version 2023):

	Code acte	Libellé de l'acte de la liste RIHN	Valorisation	Liste
Panel NGS RNAseq	N452	Forfait séquençage haut débit (NGS) < 20 kb	882,90 €	RIHN
Panel NGS ADN Hématologie	N454	Forfait séquençage haut débit (NGS) > 100 kb et < 500 kb	2205,90 €	RIHN