

Profil épidémiologique et biologique des leucémies aiguës myéloïdes et impact pronostique : étude monocentrique au centre hospitalier Cheikh Zaid, Rabat

K. Ameziane Hassani, P.M. Moussounda Bamba, S. Ouzrene, F. Hamzy, M. Mechtoune, K. Zine Filali, D. Dassouli, T.Moutiqui, S. Daghri, A. Quessar.

INTRODUCTION

- Problématique** : La LAM est une pathologie hétérogène. Son pronostic dépend de facteurs cliniques et biologiques, standardisés par la classification ELN 2022.
- Spécificité locale** : Les données sur les LAM au Maroc sont parcellaires, notamment sur le profil moléculaire, alors que l'accès aux nouvelles thérapies et à l'allogreffe sont en développement.
- Objectif principal** : Décrire les caractéristiques épidémiologiques, cliniques, biologiques et évolutives des patients atteints de LAM pris en charge dans notre centre.

MATÉRIEL & MÉTHODES



TYPE D'ÉTUDE ET POPULATION

- Étude rétrospective monocentrique.
- Période d'inclusion : janvier 2021 – décembre 2025.
- **50 patients** atteints de LAM nouvellement diagnostiquée.



DIAGNOSTIC

- Le diagnostic de LAM a été posé sur la base de :
- la morphologie médullaire,
 - l'immunophénotypage par cytométrie en flux,
 - l'analyse cytogénétique conventionnelle.



ANALYSE MOLÉCULAIRE

Une étude moléculaire par séquençage de nouvelle génération (NGS) utilisant un panel de **21 gènes** a été réalisée chez **45 patients**.



STRATIFICATION PRONOSTIQUE

La stratification pronostique a été réalisée selon les recommandations **ELN 2022** chez **49 patients**.



DONNÉES RECUEILLIES

- Données démographiques et cliniques.
- Paramètres biologiques au diagnostic.
- Données cytogénétiques et moléculaires.
- Traitement d'induction et consolidation.
- Évolution et suivi des patients.



ANALYSE STATISTIQUE

- Analyse descriptive des caractéristiques des patients.
- Estimation des taux de réponse et de survie par la méthode de Kaplan-Meier.

Profil moléculaire des patients

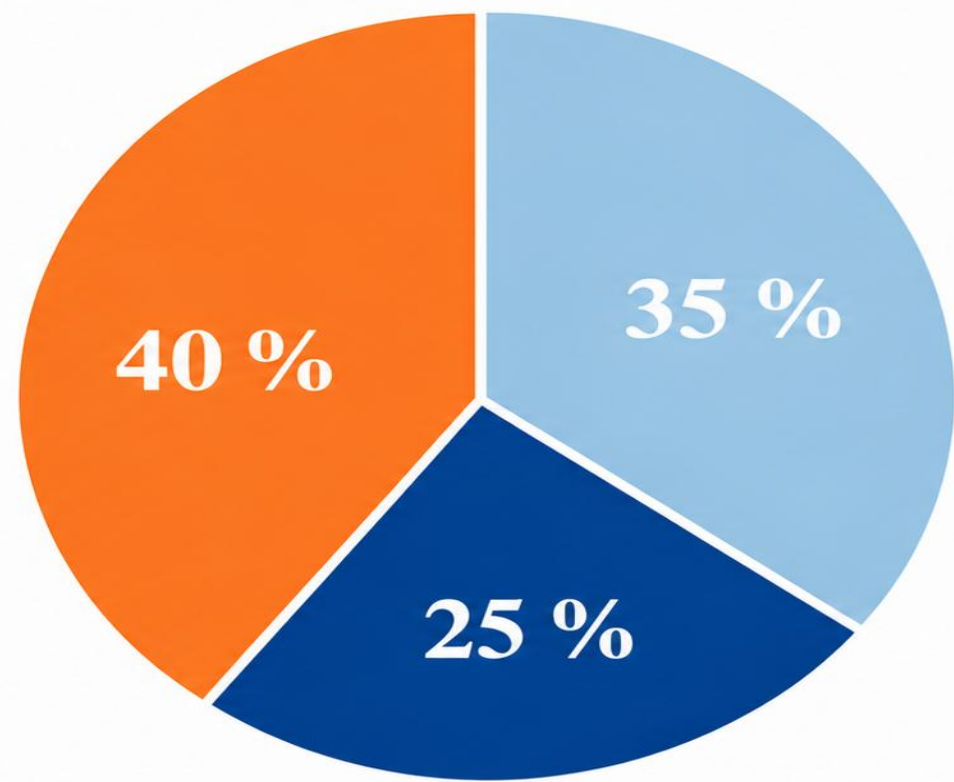
Mutation moléculaire	n (%)
FLT3-ITD/TKD	11 (24,4 %)
NPM1	7 (15,6 %)
CEBPA	6 (13,3 %)
IDH1/IDH2	6 (13,3 %)
SRSF2	6 (13,3 %)
ASXL1	6 (13,3 %)
RUNX1	4 (8,9 %)
DNMT3A	4 (8,9 %)
WT1	4 (8,9 %)
TET2	3 (6,7 %)
RAS (NRAS/KRAS)	4 (8,9 %)
KMT2A	2 (4,4 %)
TP53	1 (2,2 %)
Autres mutations*	4 (8,9 %)

*Autres mutations : EZH2 (2), PTPN11 (1), JAK2 (1).

n : nombre de patients ; % : pourcentage sur l'ensemble des patients (n = 50).

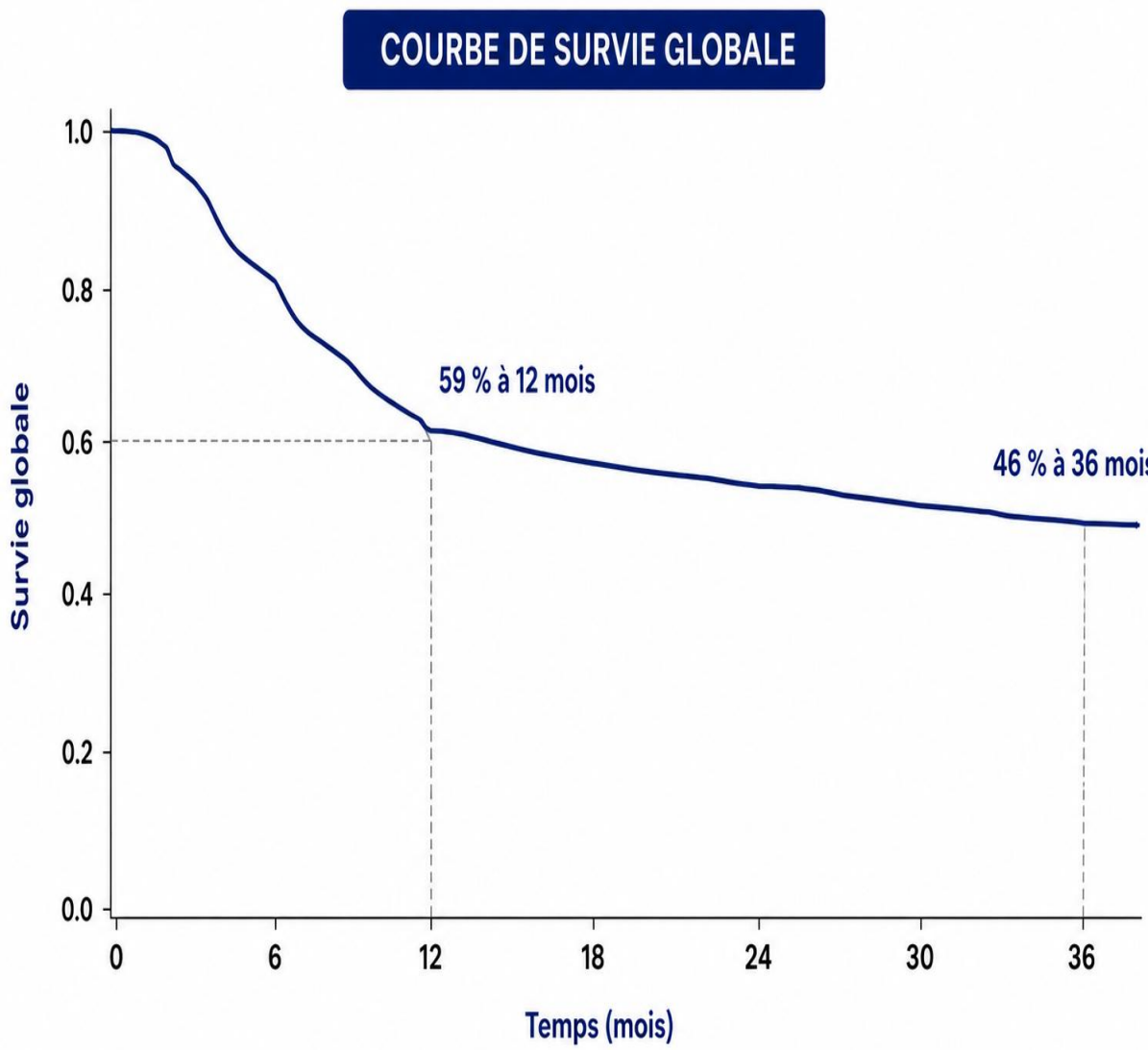
Répartition pronostique selon l'ELN 2022

- **Favorable**
- **Intermédiaire**
- **Défavorable**



Remarque : les APL, exclues de cette répartition, représentaient 10 % des patients.

Évolution et survie des patients



Paramètre	Résultat
 Rémission complète après induction	73,5 %
 Mortalité précoce post-induction (J30)	17 %
 Survie globale médiane	19 mois

CONCLUSION

- Notre étude met en évidence l'importante hétérogénéité cytogénétique et moléculaire des LAM au sein de notre cohorte marocaine. Selon la classification ELN 2022, une prédominance des groupes pronostiques défavorables a été observée. Comparativement à la série marocaine de Khoubila et al., notre population apparaît plus âgée, ce qui pourrait contribuer à une fréquence plus élevée des anomalies défavorables. Par ailleurs, l'intégration de la biologie moléculaire dans notre étude, absente dans la série de Khoubila, a permis une stratification pronostique plus précise et une meilleure caractérisation des patients. Nos résultats restent globalement concordants avec les données marocaines et internationales.

REFERENCES

- Khoubila N, Bendari M, Hda N, et al. *Cancer Genet.* 2019;238:1-9.
- Döhner H, Wei AH, Appelbaum FR, et al. *Blood.* 2022;140(12):1345-1377.
- Papaemmanuil E, Gerstung M, Bullinger L, et al. *N Engl J Med.* 2016;374:2209-2221.
- Cancer Genome Atlas Research Network. *N Engl J Med.* 2013;368:2059-2074.

Caractéristiques clinico-biologiques des patients

Caractéristiques des patients	Résultats (n = 50)
Nombre de patients inclus	50 patients inclus
Âge médian (min–max)	53,5 ans (15–77)
Sex-ratio H/F	0,92
Origine géographique	46 % de la région Rabat Salé Kénitra
LAM de novo	86 %
Syndrome anémique	96 %
Hyperleucocytose	60 %

Profil cytogénétique des patients

Anomalie cytogénétique	n	%
Caryotype normal	22	44 %
Caryotype complexe (≥ 3 anomalies)	5	10 %
Anomalies numériques		
Trisomie 8	3	6 %
Trisomie 4	1	2 %
Monosomie 7	2	4 %
Translocations récurrentes		
t(8;21)(q22;q22.1) <i>RUNX1::RUNX1T1</i>	2	4 %
t(9;22)(q34;q11.2) <i>BCR::ABL1</i>	2	4 %
t(15;17)(q24;q21) <i>PML::RARA</i>	1	2 %
t(2;12)(p13;q24.1)	1	2 %
Autres anomalies structurales		
inv(16)(p13.1q22) <i>CBFB::MYH11</i>	1	2 %
inv(9)(p11q13)	1	2 %
del(5q)(q13q33)	2	4 %
del(11q)(q23ter)	1	2 %
del(17p)(p13)	1	2 %
del(17p)/del(15q)	1	2 %
Échec d'analyse	1	2 %

n : nombre de patients ; % : pourcentage sur l'ensemble des patients (n = 50)