

ANMELDUNG FÜR ONKOGENOMISCHE ANALYSEN



Service d'hématologie
Laboratoire d'oncogénomique
Réception des laboratoires BH18-100
1011 Lausanne <http://www.chuv.ch/log>
Tél. : 021 314 33 93 e-mail : log@chuv.ch
Laboröffnungszeiten : Montag-Freitag 08h00-17h00



PATIENT

Name :
Vorname :
Adresse :
Geburtsdatum :
Geschlecht : ☐ Männlich ☐ Weiblich

Entnahmedatum :

RECHNUNG

☐ Patient
☐ Auftraggeber

EINSENDER

Arzt :
Tel./BIP :
Spital :
Abteilung :

KOPIE(N) :

EINVERSTÄNDNISERKLÄRUNG FÜR BIOLOGISCHE UNTERSUCHUNGEN

Nach jeder in unserem Labor durchgeführten biologischen Analyse, jeder Probe oder jedem Analyseprodukt:

- ☐ kann im Labor aufbewahrt werden, um falls nötig eine vom Arzt neu angeforderte Analyse hinzufügen (standardmässig)
- ☐ kann für Entwicklungs- und Forschungszwecken verwendet werden (standardmässig)
- ☐ muss vernichtet werden

Jede konstitutionelle genetische Untersuchung muss von einer genetischen Beratung begleitet werden (Bundesgesetz über genetische Untersuchungen beim Menschen – GUMG). Der anfordernde Arzt bestätigt mit seiner Unterschrift, den Betroffenen gemäss den geltenden gesetzlichen Pflichten zur konstitutionellen Genetik aufgeklärt und seine Zustimmung zu genetischen Analysen und allen anderen biologischen Analysen erhalten zu haben.

Unterschrift des anfordernden Arztes erforderlich :

MATERIAL

Li Heparin, bei Zimmertemperatur aufbewahren
Wenn < 2ml bitte begründen warum so wenig Material :
☐ Knochenmark
☐ Biopsie
☐ Peripheres Blut, % BLASTEN :
☐ Anderes :

STATUS

☐ Erstdiagnose
☐ Verlauf : ☐ Remission
☐ Rezidiv/Fortschreiten
☐ Transformation

Datum der Erstdiagnose :

THERAPIE / ANDERE PATHOLOGIE

☐ Nein
☐ Ja
Kommentar :

TRANSPLANTATION

☐ Nein ☐ Ja
Datum :
☐ Autolog
☐ Allogene

Geschlecht des Spenders : ☐ Männlich
☐ Weiblich

DIAGNOSE

- ☐ Verdachtsdiagnose ☐ Definitiv
- ☐ AML ☐ MDS ☐ CMML ☐ MDS-MPN ☐ MPN ☐ PV ☐ ET ☐ PMF
☐ Eosinophilie ☐ AA/SAA ☐ Mastozytose ☐ CML ☐ B-ALL ☐ T-ALL ☐ Myelom ☐ MGUS
☐ CLL ☐ Waldenström ☐ Lymphom (Typ :)
☐ VEXAS syndr. ☐ Anderes :

Kommentar :

METHODEN

- ☐ Standardanalysen gemäss Diagnose ☐ Standardanalysen ohne NGS/ddPCR gemäss Diagnose
(Wenn keine Methode angegeben ist führt das Labor die bestgeeigneten Methoden im Kontext der angegebenen Diagnose durch.)

Ausserhalb der Standardanalysen, können die folgenden Analysen vorgenommen werden :

- ☐ Konventionelle Zytogenetik (Karyotyp) ☐ Digital PCR (ddPCR)
- ☐ SNP array ☐ KIT c.2447A>T p.D816V
☐ Fluorescent in situ Hybridisation (FISH): ☐ MYD88 c.794T>C p.L265P
☐ Hochdurchsatz-Sequenzierung (DNA NGS, Mutationanalyse) ☐ BRAF c.1799T>C p.V600E
☐ Standard myeloisches Panel (siehe Einzelheiten der nachstehenden Gene*) ☐ NOTCH1 c.7541_7542delCT p.P2514Rfs*4
☐ Andere zur Verfügung stehende Gene (siehe Einzelheiten der nachstehenden Gene**) :
☐ Myelom Panel (TP53, BRAF, NRAS, KRAS) ☐ Hochdurchsatz-Sequenzierung (RNA NGS, 687 Fusionen)
☐ CML Panel (Karyotyp) ☐ UBA1 (VEXAS synd. vollständiges Gen)

Standardanalysen gemäss Diagnose

- AML Panel (Karyotyp, SNP array, FISH KMT2A, MECOM und RUNX1, standard myeloisches NGS Panel*)
- MDS/AA Panel (SNP array, standard myeloisches NGS Panel*)
- Eosinophilie Panel (Karyotyp, FISH FIP1L1::PDGFRA, PDGFRB, FGFR1, JAK2)
- MDS-MPN/CMML Panel (Karyotyp, SNP array, standard myeloisches NGS Panel*)
- CML Panel (Karyotyp)
- MPN Panel (Karyotyp, standard myeloisches NGS Panel* einschliesslich JAK2 ex12+14, MPL, CALR)

- ALL Panel (Karyotyp, SNP array, Untersuchung von KMT2A, TCF3, ETV6::RUNX1 und BCR::ABL1 Rearrangements)
- CLL Panel (SNP array, NGS TP53)
- Myelom Panel (SNP array, FISH IGH)
- Wenn IGH positiv, werden IGH::CCND1, IGH::FGFR3 und IGH::MAF untersucht
- Mastozytose Panel (Karyotyp, ddPCR KIT)
- Waldenström Panel (Karyotyp, ddPCR MYD88)

* Standard myeloisches NGS Panel : ASXL1, BCOR, BCORL1, BRAF, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CUX1, DDX41, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, GNB1, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NF1, NRAS, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, UBA1, U2AF1, WT1, ZRSR2 + Fragmentanalyse FLT3-ITD, ASXL1

**Zusätzliche zur Verfügung stehende NGS Gene : CXCR4, ARID1A, SMC3, RAD21, GATA1, SETD1B, KMT2D, XPO1, CSF3R (vollständiges Gen)

Kommentar :

