

ANMELDUNG FÜR ONKOGENOMISCHE ANALYSEN

CHUV Centre hospitalier universitaire vaudois
 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 : <input type="checkbox"/> Männlich <input type="checkbox"/> Weiblich	Entnahmedatum :
RECHNUNG <input type="checkbox"/> Patient <input type="checkbox"/> Auftraggeber	

EINSENDER
Arzt :
 Tel./BIP :
 Spital :
 Abteilung :

KOPIE(N) :

EINVERSTANDNISERKLÄRUNG 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 hinzuzufügen (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 konstitutionelle 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 :

STATUT Datum der Erstdiagnose :
 Erstdiagnose Verlauf :
 Kommentar :

THERAPIE / ANDERE PATHOLOGIE
 Nein
 Ja
 Kommentar :

TRANSPLANTATION Datum :
 Nein Ja
 Geschlecht des Spenders : Männlich Weiblich
 Autolog
 Allogen

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
 Hochdurchsatz-Sequenzierung (DNA NGS, Mutationanalyse) **MYD88** c.794T>C p.L265P
 Standard myeloisches Panel (siehe Einzelheiten der nachstehenden Gene*) **BRAF** c.1799T>A p.V600E (Haarzell-Leukämie)
 Myelom Panel (*BRAF, GPRC5D, KRAS, NRAS, TNFRSF17, TP53*)
 TP53 allein **Fluorescent in situ Hybridisation (FISH):**

- Standardanalysen gemäss Diagnose**
- **AML Panel** (Karyotyp, SNP array, OGM***, myeloisches NGS Panel*)
 - **MDS/AA Panel** (SNP array, standard myeloisches NGS Panel*)
 - **Eosinophilie Panel** (Karyotyp, OGM***)
 - **MDS-MPN/CMML Panel** (Karyotyp, SNP array, myeloisches NGS Panel*)
 - **CML Panel** (Karyotyp +NGS/FRAG ASXL1)
 - **MPN Panel** (Karyotyp, myeloisches NGS Panel* reduziert** einschliesslich *JAK2 ex12+14, MPL, CALR*)
 - **Neuroblastom Panel** (SNP-Array, NGS *ALK* oder NB Panel (27 Gene, *ALK* enthalten, Details auf Anfrage)
- **ALL Panel** (Karyotyp, SNP array, OGM***)
 • **CLL Panel** (SNP array, NGS *TP53*)
 • **Myelom Panel** (SNP array, Myelom NGS panel; FISH *IGH*)
 Wenn *IGH* positiv, werden *IGH::CCND1*, *IGH::FGFR3* und *IGH::MAF* untersucht
 • **Mastozytose Panel** (Karyotyp, ddPCR *KIT*)
 • **Waldenström Panel** (Karyotyp, ddPCR *MYD88*)

* myeloisches NGS Panel : *ABL1, ANKRD26, ARID1A, ASXL1, ASXL2, ATRX, BCOR, BCORL1, BRAF, BRCC3, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, CUX1, CXCR4, DDX41, DNMT3A, EP300, ETKN1, ETV6, EZH2, FBXW7, FLT3, GATA1, GATA2, GNAS, GNB1, HRAS, IDH1, IDH2, IKZF1, JAK2, JAK3, KDM6A, KIT, KRAS, MPL, MYD88, NF1, NOTCH1, NPM1, NRAS, PDGFRA, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTEN, PTPN11, RB1, RAD21, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SMC1A, SMC3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, UBA1, WAS, WT1, ZBTB7A, ZRSR2*. + Analyse von Fragmenten *FLT3-ITD, ASXL1*

Gene in Fettschrift, * Analyse außerhalb des Akkreditierungsbereichs

Kommentar :

