

ANMELDUNG FÜR ONKOGENOMISCHE ANALYSEN



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		Entnahmedatum :
Name :		
Vorname :		
Adresse :		
Geburtsdatum :		
Geschlecht : <input type="checkbox"/> Männlich <input type="checkbox"/> Weiblich		
		RECHNUNG
		<input type="checkbox"/> Patient
		<input type="checkbox"/> Auftraggeber

EINSENDER

Arzt :

Tel./BIP :

Spital :

Abteilung :

KOPIE(N) :

EINVERSTÄNDNISERKLÄRUNG FÜR BIOLOGISCHE UNTERSUCHUNGEN

<p>Nach jeder in unserem Labor durchgeführten biologischen Analyse, jeder Probe oder jedem Analyseprodukt:</p> <p><input type="checkbox"/> kann im Labor aufbewahrt werden, um falls nötig eine vom Arzt neu angeforderte Analyse hinzufügen (standardmässig)</p> <p><input type="checkbox"/> kann für Entwicklungs- und Forschungszwecken verwendet werden (standardmässig)</p> <p><input type="checkbox"/> muss vernichtet werden</p>	<p>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.</p>
	<p>Unterschrift des anfordernden Arztes erforderlich :</p> <p>_____</p>

<p>MATERIAL Li Heparin, bei Zimmertemperatur aufbewahren</p> <p>Wenn < 2ml bitte begründen warum so wenig Material :</p> <p><input type="checkbox"/> Knochenmark</p> <p><input type="checkbox"/> Biopsie</p> <p><input type="checkbox"/> Peripheres Blut, % BLASTEN :</p> <p><input type="checkbox"/> Anderes :</p>	<p>STATUS</p> <p><input type="checkbox"/> Erstdiagnose</p> <p><input type="checkbox"/> Verlauf : <input type="radio"/> Remission <input type="radio"/> Rezidiv/Fortschreiten <input type="radio"/> Transformation</p>	<p>Datum der Erstdiagnose :</p> <p>.....</p>	<p>THERAPIE / ANDERE PATHOLOGIE</p> <p><input type="checkbox"/> Nein</p> <p><input type="checkbox"/> Ja</p> <p>Kommentar :</p>
	<p>TRANSPLANTATION</p> <p><input type="checkbox"/> Nein <input type="checkbox"/> Ja</p>	<p>Datum :</p> <p><input type="radio"/> Autolog <input type="radio"/> Allogene</p>	<p><u>Geschlecht des Spenders :</u> <input type="radio"/> Männlich <input type="radio"/> Weiblich</p>

DIAGNOSE

<input type="checkbox"/> Verdachtsdiagnose	<input type="checkbox"/> Definitiv				
<input type="checkbox"/> AML	<input type="checkbox"/> MDS	<input type="checkbox"/> CMML	<input type="checkbox"/> MDS-MPN	<input type="checkbox"/> MPN	<input type="checkbox"/> PV
<input type="checkbox"/> Eosinophilie	<input type="checkbox"/> AA/SAA	<input type="checkbox"/> Mastozytose	<input type="checkbox"/> CML	<input type="checkbox"/> B-ALL	<input type="checkbox"/> T-ALL
<input type="checkbox"/> CLL	<input type="checkbox"/> Waldenström	<input type="checkbox"/> Lymphom (Typ :			<input type="checkbox"/> VEXAS syndr.
					<input type="checkbox"/> ET
					<input type="checkbox"/> Myelom
					<input type="checkbox"/> PMF
					<input type="checkbox"/> MGUS
					<input type="checkbox"/> 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 :

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

- Standardanalysen gemäss Diagnose**
- **AML Panel** (Karyotyp, FISH *KMT2A*, *MECOM* und *RUNX1*, standard myeloisches NGS Panel*)
 - **MDS/CMML/AA Panel** (SNP array, standard myeloisches NGS Panel*)
 - **Eosinophilie Panel** (Karyotyp, FISH *FIP1L1/PDGFR*, *PDGFRB*, *FGFR1*, *JAK2*)
 - **MDS-MPN Panel** (Karyotyp, standard myeloisches NGS Panel*)
 - **CML Panel** (Karyotyp)
 - **MPN Panel** (Karyotyp, standard myeloisches NGS Panel* einschliesslich *JAK2* ex12+14, *MPL*, *CALR*)
- * Standard myeloisches NGS Panel : *ASXL1*, *BCOR*, *BCORL1*, *BRAF*, *CALR*, *CBL*, *CEBPA*, *CSF3R*, *CUX1*, *DDX41*, *DNMT3A*, *ETNK1*, *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* + *Fragmantanalyse FLT3-ITD*, *ASXL1*
- **Zusätzliche NGS Gene zur Verfügung: *CXCR4*, *ARID1A*, *SMC3*, *RAD21*, *GATA1*, *SETD1B*, *KMT2D*, *XPO1*, *CSF3R* (vollständiges Gen)

Kommentar :

