

# 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](mailto: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 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 : .....

## STATUS

- Erstdiagnose  
 Verlauf :  Remission .....  
 Rezidiv/Fortschreiten  
 Transformation

Datum der Erstdiagnose :

## THERAPIE / ANDERE PATHOLOGIE

- Nein  
 Ja  
 Kommentar :

## TRANSPLANTATION

- Nein  Ja  
 Datum : .....  
 Autolog  
 Allogen

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)**
- TP53 allein

### 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*, *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* + Fragmentanalyse *FLT3-ITD*, *ASXL1*

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

Kommentar :

