

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 : ☐ Männlich ☐ Weiblich

Entnahmedatum :

RECHNUNG

☐ Patient
☐ 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 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 :

STATUT

Datum der Erstdiagnose :

☐ Erstdiagnose ☐ Verlauf :
 Kommentar :

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
☐ 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
☐ Myelom Panel (BRAF, GPRC5D, KRAS, NRAS, TNFRSF17, TP53)
☐ TP53 allein ☐ Fluorescent in situ Hybridisation (FISH):
☐ UBA1 (VEXAS synd. vollständiges Gen)

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)
- 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, ETNK1, 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 :

