

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

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 durchgeföhrten 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 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

Geschlecht des Spenders :

Männlich

Weiblich

Nein

Ja

Autolog

Allogen

DIAGNOSE Verdachtdiagnose

Definitiv

AML

MDS

CMML

MDS-MPN

Eosinophilie

AA/SAA

Mastozytose

CML

CLL

Waldenström

Lymphom (Typ :

PV

ET

PMF

B-ALL

T-ALL

Myelom

MGUS

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)

Fluorescent in situ Hybridisation (FISH):

TP53 allein

UBA1 (VEXAS synd. vollständiges Gen)

Standardanalysen gemäss Diagnose

- AML Panel (Karyotyp, SNP array, OGM***, myeloisches NGS Panel*)

- ALL Panel (Karyotyp, SNP array, OGM***)

- MDS/AA Panel (SNP array, standard myeloisches NGS Panel*)

- CLL Panel (SNP array, NGS TP53)

- Eosinophilie Panel (Karyotyp, OGM***)

- Myelom Panel (SNP array, Myelom NGS panel; FISH IGH)

- MDS-MPN/CML Panel (Karyotyp, SNP array, myeloisches NGS Panel*)

- Wenn IGH positiv, werden IGH:CCND1, IGH:FGFR3 und IGH:MAF untersucht

- CML Panel (Karyotyp +NGS/FRAG ASXL1)

- Mastozytose Panel (Karyotyp, ddPCR KIT)

- MPN Panel (Karyotyp, myeloisches NGS Panel* reduziert** einschliesslich JAK2 ex12+14, MPL, CALR)

- Waldenström Panel (Karyotyp, ddPCR MYD88)

* myeloisches NGS Panel : **ABL1, ANKRD26, ARID1A, ASXL1, ASXL2, ATRX, BCOR, BCORL1, BRAF, BRC3, 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 :