

Eingang Datum/Zeit

Bearbeitung

Unters.-Nr.

Auftrag für Tumorgenetik - Maligne Hämopathien

■ Patient/in

Name (Bitte Blockschrift)

Vorname

Geb.datum

w

m

Strasse

Rechnung an:

PLZ / Ort

Patient/in Einsender/in

■ Auftraggebender Arzt

■ Berichtkopie an

Ich bitte um Zustellung weiterer Auftragsformulare (Anzahl) _____

■ Untersuchungsmaterial

Knochenmark

Blut

Anderes: _____

Datum / Zeit Entnahme:

■ Blutbild

Leukozyten / μ l: _____

Thrombozyten / μ l: _____

Hämoglobin g/dl: _____

Lymphozyten/ μ l: _____

Blasten %: _____

■ Präsentation

Erstdiagnose

Verlaufskontrolle

■ Diagnose / Klinische Angaben

Gesicherte Diagnose (ggf. mit Subtyp)/V.a. – Klinische Symptomatik – Genetischer Erstbefund – Therapie – SZT/KMT

■ Untersuchung

Chromosomenanalyse (Heparin)

FISH

Molekulargenetik

Untersuchung kann auf der Rückseite spezifiziert werden

■ Hinweise zu Probenmaterial, Versand

Material: Benötigt werden 2-5ml Knochenmarksaspirat oder 10 ml peripheres Blut. Antikoagulans Heparin für die konvent. Chromosomenanalyse (Karyotyp). Heparin oder EDTA für Interphase-FISH und Molekulargenetik.

Versand: Das Probenmaterial sollte wenn möglich innerhalb weniger Stunden nach Entnahme im Labor eintreffen. Materialannahme von Mo bis Sa. Annahme molekulare Verlaufskontrollen von Mo bis Do.

Am Sa oder bei molekularen Verlaufskontrollen ist eine Voranmeldung erforderlich, ansonsten erwünscht. Kostenlose Bestellung von Transportgefässen und vorfrankierten Versandtüten (044 251 90 94).

Bezahlter Transport: Stadt Zürich Velokurier (Tel 044 272 72 72), ausserhalb Express- od. Postkurier (Tel 0800 88 88 88).

FISH

Lymphatische Reihe

Translokationen/Inversionen

<input type="checkbox"/>	ALK/2p23 Rearrangement (ALCL)
<input type="checkbox"/>	BCL2/18q21 Rearrangement (NHL)
<input type="checkbox"/>	BCL6/3q27 Rearrangement (NHL)
<input type="checkbox"/>	BCR-ABL t(9;22) Translokation (ALL)
<input type="checkbox"/>	ETV6-RUNX1 (TEL-AML1) t(12;21) Translokation (ALL)
<input type="checkbox"/>	IGH-CCND1 t(11;14) Translokation (MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	IGH-FGFR3 t(4;14) Translokation (MM)
<input type="checkbox"/>	IGH/14q32 Rearrangement (ALL/MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	IGH-BCL2 t(14;18) Translokation (NHL)
<input type="checkbox"/>	IGH-MAF t(14;16) Translokation (MM)
<input type="checkbox"/>	MALT1/18q21 Rearrangement (NHL)
<input type="checkbox"/>	MLL/11q23 Rearrangement (ALL)
<input type="checkbox"/>	cMYC/8q24 Rearrangement (ALL/MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	SIL-TAL1/1p32 Rearrangement (T-ALL)
<input type="checkbox"/>	TCR A/D/14q11 Rearrangement (T-ALL/T-NHL)

Deletionen/Aneuploidien

<input type="checkbox"/>	1p32(CDKN2C)/1q21(CKS1B) Deletion/Zugewinn (MM)
<input type="checkbox"/>	MYB/6q23 Deletion (NHL)
<input type="checkbox"/>	CDKN2A/p16/9p21 Deletion (B-/T-ALL)
<input type="checkbox"/>	ATM/11q22 Deletion (NHL)
<input type="checkbox"/>	RB1/13q14.2 Deletion (MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	13q14.3 Deletion (MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	TP53/17p13 Deletion (MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	cen3/5/cen9/cen11/cen15/19 Aneuploidien (MM)
<input type="checkbox"/>	cen4/cen10/cen17 Aneuploidien (ALL)
<input type="checkbox"/>	cen12 Trisomie (NHL)

Myeloische Reihe

Translokationen/Inversionen

<input type="checkbox"/>	BCR-ABL t(9;22) Translokation (MPN)
<input type="checkbox"/>	CBFB/16q22 Rearrangement (AML)
<input type="checkbox"/>	DEK-NUP214 t(6;9) Translokation (AML)
<input type="checkbox"/>	ETV6/12p13 Rearrangement/Deletion (AML/MPN)
<input type="checkbox"/>	EVI1/3q26 Rearrangement (AML/MDS)
<input type="checkbox"/>	FGFR1/8p11 Rearrangement (Eosinophilie)
<input type="checkbox"/>	MLL/11q23 Rearrangement (AML)
<input type="checkbox"/>	PDGFRB/5q32 Rearrangement (Eosinophilie)
<input type="checkbox"/>	PML-RARA t(15;17) Translokation (AML)
<input type="checkbox"/>	RUNX1-RUNX1T1 (AML1-ETO) t(8;21) Translokation (AML)

Deletionen/Aneuploidien

<input type="checkbox"/>	FIP1L1-PDGFR/4q12 CHIC2-Deletion (Eosinophilie)
<input type="checkbox"/>	EGR1/5q31 Deletion (AML/MDS)
<input type="checkbox"/>	7q31/7 Deletion/Monosomie (AML/MDS)
<input type="checkbox"/>	13q14.3 Deletion (MPN)
<input type="checkbox"/>	TP53/17p13 Deletion (AML/MDS)
<input type="checkbox"/>	20q12 Deletion (AML/MDS/MPN)
<input type="checkbox"/>	Y Verlust (MDS)
<input type="checkbox"/>	cen8 Trisomie (AML/MDS/MPN)
<input type="checkbox"/>	cen9 Trisomie (MPN)
<input type="checkbox"/>	17q Isochromosom (MPN)

Geschlechtsdifferenzierung

<input type="checkbox"/>	XX/XY Geschlechtsdifferenzierung nach SZT/KMT
--------------------------	---

FISH-Panels

<input type="checkbox"/>	AML AML1-ETO,PML-RARA,CBFB,MLL,-5/5q,-7/7q-
<input type="checkbox"/>	MDS -5/5q,-7/7q-,+8,-TP53,-20q12
<input type="checkbox"/>	MPN +8,-13q14,-20q12,BCR-ABL
<input type="checkbox"/>	B-ALL BCR-ABL,TEL-AML1,MLL,Aneupl.(+4/+10/+17)
<input type="checkbox"/>	MM -1p/+1q,IGH,-TP53,-13q14,Aneupl.(+5/+9/+15)
<input type="checkbox"/>	CLL -ATM,+12,-13q14,-TP53

Molekulargenetik

<input type="checkbox"/>	CEBPA Mutationsanalyse (AML)*
<input type="checkbox"/>	FLT3 ITD Mutationsanalyse (AML)
<input type="checkbox"/>	FLT3 TKD Mutationsanalyse (AML)
<input type="checkbox"/>	KIT Mutationsanalyse (AML)*
<input type="checkbox"/>	KIT Mutationsanalyse, wenn CBF t(8;21) od. inv(16)) pos. (AML)*
<input type="checkbox"/>	NPM1 Mutationsanalyse (AML)
<input type="checkbox"/>	JAK2 V617F Mutationsanalyse (MPN)
<input type="checkbox"/>	JAK2 Ex 12 Mutationsanalyse, wenn JAK2 V617F neg. (MPN)*
<input type="checkbox"/>	MPL W515 Mutationsanalyse, wenn JAK2 V617F neg. (MPN)*
<input type="checkbox"/>	BCR-ABL MRD Verlauf (CML/ALL)
<input type="checkbox"/>	NPM1 MRD Verlauf (AML)
<input type="checkbox"/>	Andere Fusionstranskripte/MRD Verlauf*:

Andere Analysen

*Extern durchgeführte Analyse