

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 / $\mu$ l: \_\_\_\_\_

Thrombozyten / $\mu$ l: \_\_\_\_\_

Hämoglobin g/dl: \_\_\_\_\_

Lymphozyten/ $\mu$ l: \_\_\_\_\_

Blasten %: \_\_\_\_\_

### ■ Präsentation

Erstdiagnose

Verlaufskontrolle

### ■ Diagnose / Klinische Angaben

Gesicherte Diagnose (ggf. Subtyp)/V.a. – Genetischer Erstbefund – Klinik – Therapie – Angaben zur SZT/KMT

### ■ Untersuchung

Chromosomenanalyse (Heparin)

FISH

Molekulargenetik

Untersuchung kann auf der Rückseite spezifiziert werden

### ■ Hinweise zu Probenmaterial, Versand

**Material:** Chromosomenanalyse (Karyotyp): 2-5ml Knochenmarksaspirat (Antikoagulans Heparin). Molekulargenetik: 2-5ml Knochenmarksaspirat oder 5-10 ml peripheres Blut (Heparin oder EDTA).

**Versand:** Das Probenmaterial sollte innerhalb 24h Stunden nach Entnahme im Labor eintreffen. Materialannahme von Mo bis Sa. Bestellung von Transportgefässen und vorfrankierten Express-Versandtüten im Labor. Transport in der Stadt Zürich mittels Velokurier (Veloblitz: 044 272 72 72).

## 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"/>	SIL1-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"/>	13q14/RB1 Deletion (MM/NHL)
<input type="checkbox"/>	13q14 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 (AML/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 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"/>	<b>MM**</b> -1p/+1q,IGH,-TP53,-13q14,Aneupl.(5/9/15)
<input type="checkbox"/>	<b>CLL</b> -6q,-ATM,IGH-CCND1,+12,-13q14,-TP53
<input type="checkbox"/>	<b>B-ALL</b> BCR-ABL,TEL-AML1,MLL,Aneupl.(4/10/17)
<input type="checkbox"/>	<b>MDS</b> -5/5q,-/7/7q,+8,-TP53,-20q12,-Y

## Molekulargenetik

<input type="checkbox"/>	AMLplex - 10 Fusionsgene (AML)
<input type="checkbox"/>	BCR-ABL (MPN/ALL)
<input type="checkbox"/>	BCR-ABL quantitativ Verlauf (MPN/ALL)
<input type="checkbox"/>	CEBPA (AML)*
<input type="checkbox"/>	JAK2 V617F (MPN)
<input type="checkbox"/>	JAK2 V617F Quantitative (MPN)
<input type="checkbox"/>	JAK2 Exon 12 (MPN)
<input type="checkbox"/>	KIT (AML)*
<input type="checkbox"/>	MPL W515 (MPN)*
<input type="checkbox"/>	TP53 (CLL)*
<input type="checkbox"/>	Andere molekulargenetische Analysen*:

## Andere Analysen

---



---



---

\*Extern durchgeführte Analyse \*\* FISH an CD-138+ Zellen