

## Hämatologie

### Tumorzytogenetik

Einsender:		Patient:	
Name:	Klinik/Labor:	Name:	Geschlecht:
Adresse:	Telefon:	Vorname:	<input type="checkbox"/> Männlich
		Geburtsdatum:	<input type="checkbox"/> Weiblich
		Adresse:	<input type="checkbox"/> Unbekannt
Befundversand:			
E-Mail: <small>(HIN-gesichert)</small>			
Kopieempfänger: <small>(HIN-gesicherte E-Mail oder vollständige Adresse)</small>			
Rechnungsadresse:			
<input type="checkbox"/> Patient <input type="checkbox"/> Einsender <input type="checkbox"/> andere (vollständige Adresse):			

Untersuchungsmaterial:	Klinische Angaben / Diagnose:
<input type="checkbox"/> Heparin Blut <input type="checkbox"/> anderes: <input type="checkbox"/> Heparin-Knochenmark Minimalvolumen: 5 ml	<input type="checkbox"/> Multiples Myelom <input type="checkbox"/> MCL <input type="checkbox"/> weitere: <input type="checkbox"/> Diagnose <input type="checkbox"/> CLL <input type="checkbox"/> Eosinophilie <input type="checkbox"/> Verlauf <input type="checkbox"/> B-ALL <input type="checkbox"/> MDS <input type="checkbox"/> Rezidiv <input type="checkbox"/> T-ALL <input type="checkbox"/> AML
Entnahmedatum:	Weitere Angaben / Therapie:
Entnahmezeit:	

Analysenangebot	
<input type="checkbox"/> Fluoreszenz <i>in-situ</i> Hybridisierung (FISH)	<input type="checkbox"/> Asservierung (FISH)

ALLGEMEINE HINWEISE	
Probenannahme	Montag bis Donnerstag 8.00-17.00 Uhr, Freitag und vor Feiertagen 8.00-12.00 Uhr
Probenmaterial	Knochenmark (Heparin) oder Blut (Heparin). Bei AML vorzugsweise Knochenmark. Minimalvolumen: 5 ml. Knochenmarksentnahme: Probe sofort mit dem Antikoagulans mischen. PBL: Heparin ohne Gel, ohne Granulat: S-Monovette orange 7.5 ml oder Vacutainer grün 6 ml KM: Heparin ohne Gel, ohne Granulat: S-Monovette orange 7.5 ml oder Vacutainer grün 6 ml
Versand	Proben sofort nach Entnahme ungekühlt per Express (Mondexpress Swiss Post oder Cityexpress 0800 88 88 88) oder per Kurier (Kuriere werktags an: Murtenstrasse 31, im CGL, 6. Stock) senden. <b>Wichtig:</b> Die Proben müssen innerhalb von 24 Stunden im Labor eintreffen.
Antwortzeit	2-5 Tage, komplexe Analysen bis 14 Tage.
Notfallanalyse	<i>PML::RARA</i> kann als Notfalluntersuchung sofort durchgeführt werden (bitte Voranmeldung 031 664 19 32).
Qualität	Aufträge mit unvollständig beschrifteten Röhrchen oder unvollständig ausgefülltem Auftragsformular können aus Sicherheitsgründen nicht angenommen werden. Ebenfalls können aufgrund des Kontaminationsrisikos nur ungeöffnete Probengefässe akzeptiert werden. Vorliegendes Material wird anonymisiert für allfällige Zusatzuntersuchungen, zur internen Q-Kontrolle oder zu Forschungszwecken im Zusammenhang mit der Erkrankung des Patienten verwendet und mehrere Jahre aufbewahrt.
Weitere Informationen	In diesem Labor werden nur tumorzytogenetische Analysen durchgeführt. Es können jedoch auch Keimbahnabnormalitäten festgestellt werden. Asservierte Proben werden max. 5 Jahre aufbewahrt. Die Dauer der Aufbewahrung hängt von der Lagerkapazität ab.

**Patient:**

Name:

Vorname:

Geburtsdatum:

**FLUORESCENZ IN-SITU HYBRIDISIERUNG (FISH)**
*Es können ganze FISH Panels oder nur einzelne Sonden ausgewählt werden.*

- Multiples Myelom Panel  
*CDKN2C (p18)/CKS1B [1p-/1q+], MYC Rearrangement, del(13q), IGH Rearrangement, IGH::FGFR3 [t(4;14)], IGH::CCND3 [t(6;14)], IGH::CCND1 [t(11;14)], IGH::MAF [t(14;16)], IGH::MAFB [t(14;20)], del(17p) (TP53 Deletion), Hyperdiploidie*
- CLL Panel  
*del(11q22.3) (ATM Deletion), Trisomie 12, del(13q), del(17p) (TP53 Deletion)*
- B-ALL Panel (Erwachsene)  
*BCR::ABL1 [t(9;22)], KMT2A Rearrangement, TCF3 Rearrangement*
- B-ALL Panel (Kinder)  
*CRLF2 Rearrangement, BCR::ABL1 [t(9;22)], KMT2A Rearrangement, ETV6::RUNX1 [t(12;21)], IGH Rearrangement, TCF3 Rearrangement, Hyperdiploidie*
- T-ALL Panel  
*TLX3, TRB, BCR::ABL1 [t(9;22)] / ABL1 Amplifikation, del(9p) [CDKN2A/B], TLX1, TCRA/D, TCL1 Rearrangements*
- Mantelzelllymphom  
*IGH::CCND1 [t(11;14)]*
- Eosinophilie Panel  
*PDGFRA [inkl. FIP1L1::PDGFRA (CHIC2 Deletion)], PDGFRB, FGFR1, JAK2 Rearrangements*
- MDS Panel  
*-Y, MECOM Rearrangement (EV11), del(5q), del(7q) / Monosomie 7, Trisomie 8, del(13q), del(17p) (TP53 Deletion), del(20q)*
- AML Panel  
*MECOM Rearrangement (EV11), del(5q), del(7q) / Monosomie 7, Trisomie 8, RUNX1::RUNX1T1 [t(8;21)], BCR::ABL1 [t(9;22)], KMT2A Rearrangement, PML::RARA [t(15;17)], CBFβ Rearrangement, del(17p) (TP53 Deletion)*
- Reife B-Zellneoplasien  
*BCL6 Rearrangement, del(7q), MYC Rearrangement, IGH Rearrangement, del(17p) (TP53 Deletion), BCL2 Rearrangement*
- Alle Sonden
 

<input type="checkbox"/> BCL2 (18q21) Rearrangement	<input type="checkbox"/> IGK (2p11)
<input type="checkbox"/> BCL6 (3q27) Rearrangement	<input type="checkbox"/> JAK2 (9p24) Rearrangement
<input type="checkbox"/> BCR::ABL1 [t(9;22)]	<input type="checkbox"/> KMT2A (11q23.3) Rearrangement
<input type="checkbox"/> CBFβ (16q21-22) Rearrangement	<input type="checkbox"/> KMT2A::AFF1 [t(4;11)]
<input type="checkbox"/> CBFβ::MYH11 [inv(16)/t(16;16)]	<input type="checkbox"/> MALT1 (18q21.3) Rearrangement
<input type="checkbox"/> CCND1 (11q13.3) Rearrangement	<input type="checkbox"/> MECOM Rearrangement [(EV11);inv(3)(q21q26) / t(3;3)(q21;q26)]
<input type="checkbox"/> CDKN2C (p18)/CKS1B [1p-/1q+]	<input type="checkbox"/> MYC (8q24) Rearrangement
<input type="checkbox"/> CRLF2 (Xp22.33 / Yp11.32) Rearrangement	<input type="checkbox"/> NUP98 (11p15.4) Rearrangement
<input type="checkbox"/> DEK::NUP214 [t(6;9)]	<input type="checkbox"/> PCM1::JAK2 [t(8;9)]
<input type="checkbox"/> del(5q) / Monosomie 5	<input type="checkbox"/> PDGFRA (4q12) Rearrangement
<input type="checkbox"/> del(6q)	<input type="checkbox"/> PDGFRB (5q32) Rearrangement
<input type="checkbox"/> del(7q) / Monosomie 7	<input type="checkbox"/> PML::RARA [t(15;17)]
<input type="checkbox"/> del(9p) [CDKN2A/B]	<input type="checkbox"/> RUNX1 (21q22)
<input type="checkbox"/> del(11q) (ATM Deletion)	<input type="checkbox"/> RUNX1::RUNX1T1 [AML1::ETO; t(8;21)]
<input type="checkbox"/> del(13q)	<input type="checkbox"/> TCF3::HLF [t(17;19)]
<input type="checkbox"/> del(17p) (TP53 Deletion)	<input type="checkbox"/> TCF3::PBX1 [t(1;19)]
<input type="checkbox"/> del(20q)	<input type="checkbox"/> TCL1 (14q32.13) Rearrangement
<input type="checkbox"/> ETV6::RUNX1 [t(12;21)]	<input type="checkbox"/> TCRA/D (14q11.2) Rearrangement
<input type="checkbox"/> FGFR1 (8p11.2) Rearrangement	<input type="checkbox"/> TET2 (4q24) Deletion
<input type="checkbox"/> IGH (14q32.33) Rearrangement <ul style="list-style-type: none"> <li><input type="checkbox"/> IGH::BCL2 [t(14;18)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::CCND1 [t(11;14)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::CCND3 [t(6;14)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::FGFR3 [t(4;14)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::MAF [t(14;16)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::MAFB [t(14;20)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::MALT1 [t(14;18)]</li> <li><input type="checkbox"/> IGH::MYC [t(8;14)]</li> </ul>	<input type="checkbox"/> TLX1 (10q24.31) Rearrangement
	<input type="checkbox"/> TLX3 (5q35.1) Rearrangement
	<input type="checkbox"/> TRB (7q34) Rearrangement
	<input type="checkbox"/> Trisomie 8
	<input type="checkbox"/> Zentromere: u.a. XY