



Tiroler
Kranken-
versicherungs-
träger

GKK für	BKK der	VA des Osterr. Bergbaues	Andere Kostenträger	1 Erwerbstätig Arbeitslos Selbstvers.	5 Pensionist(in)	7 Kriegs- hinter- bliebene(r)	9 Zwischen- staatl. Soz.		GT
Bitte den Namen des Kostenträgers einsetzen!				Bitte zutreffendes Feld bezeichnen!					

An: Zentrum Medizinische Genetik Innsbruck

Direktor: Univ.-Prof. DDr. med Johannes Zschocke
Peter-Mayr-Str. 1, 6020 Innsbruck,
Tel. 0512-9003-70531



**Anforderung
hämatologische Onkogenetik**

in Kooperation mit der Universitätsklinik für Innere Medizin V

Familienname(n)	Vorname(n)	Versicherungsnummer
Patient		<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> Tag Monat Jahr (Geburtsdatum)
<input type="checkbox"/> weiblich <input type="checkbox"/> männlich		
Anschrift		
Versicherter (nur auszufüllen, wenn ein Patient ein Angehöriger ist)		
<input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> Tag Monat Jahr		
Beschäftigt bei (Dienstgeber, Dienstort)		
Kostenübernahme/Status: <input type="checkbox"/> Ambulant <input type="checkbox"/> Stationär <input type="checkbox"/> Privat		
..... Ausstellungstag		
..... Unterschrift und Stempel des überweisenden Vertrags(fach)arztes		

Diagnose/Fragestellung/klinische Angaben: (Details ggf. unten)

Erstdiagnose Verlauf Z.n. allogener SZT, Datum:

Therapie Rezidiv Spender: weibl. männl.

Gewünschte Untersuchung/Leistung: (Details Rückseite)

Chromosomen / FISH Molekulargenetik nur DNA-Asservierung

Probenmaterial:

	Verwendbar für:	Zytogenetik		Mol.-genetik
		Chrom.	FISH	

- Heparin-Vollblut (5-10 ml) ✓ ✓ ✓
- Heparin-Knochenmark-Aspirat (5-10 ml) ✓ ✓ ✓
- Knochenmark-/Blut-Ausstriche ✓ ✓ ✓
- Paraffinmaterial für FISH (bitte Rücksprache) ✓
- EDTA-Vollblut (5-10 ml) ✓
- EDTA-Knochenmark-Aspirat (5-10 ml) ✓
- Sonstiges

Entnahmedatum:

Name Ärztin/Arzt:

Tel.-Nr.: (für Rückfragen, Blockschrift)

Zusatzinformationen

Klinische Informationen/Krankheitsbild:	Leukämie:
Myeloische Erkrankungen: <input type="checkbox"/> CML <input type="checkbox"/> AML <input type="checkbox"/> MDS <input type="checkbox"/> MPE <input type="checkbox"/> HES <input type="checkbox"/> Mastrozytose	% Blasten
Lymphatische Erkrankungen: <input type="checkbox"/> CLL <input type="checkbox"/> ALL <input type="checkbox"/> Myelom <input type="checkbox"/> Lymphom:	
Diagnose: <input type="checkbox"/> gesichert <input type="checkbox"/> Verdacht	
Sonstige Informationen:	

Patienteninformation und Einverständniserklärung:

Ich wurde darauf hingewiesen, dass insbesondere **molekulargenetische** Untersuchungen ggf. auch Veränderungen nachweisen können, welche als **konstitutionelle Veränderungen** in der Familie vorliegen und nicht nur in den Tumorzellen vorkommen. Falls eine solche Veränderung nachgewiesen wird, muss dies im Rahmen einer genetischen Beratung besprochen und ggf. durch eine Analyse außerhalb des Tumorgewebes überprüft werden.

Ich erteile die Erlaubnis, dass nach Abschluss der diagnostischen Analysen überschüssiges Probenmaterial in pseudonymisierter Form für wissenschaftliche Untersuchungen, die zur Aufklärung der Krankheitsentstehung und/oder der Weiterentwicklung der diagnostischen bzw. therapeutischen Möglichkeiten dienen, verwendet werden dürfen (Restprobenverwertung für Forschung; bei Ablehnung bitte streichen).

Name (PatientIn): Ort, Datum: Unterschrift:

Präanalytik: Blut/Knochenmark; für Zytogenetik zwingend heparinisiert, für Molekulargenetik EDTA oder Heparin, **ungekühlter Versand**

Probenannahme: **Mo-Do: 8-16 Uhr, Fr: 8-15 Uhr**

Chromosomen / FISH (Tumorzytogenetik)

Erwünschte FISH-Untersuchung: (zutreffendes ggf. bitte ankreuzen, konventionelle Chromosomenanalyse obligat; weitere Analysen indikationsabhängig)

- | | | | |
|--|---|--|---|
| <input type="checkbox"/> CML | BCR/ABL1 [t(9;22)(q34;q11)] | <input type="checkbox"/> CLL-Panel | 6q23, 11q22.3, 12/12q, 13q, IGH [14q32], TP53 [17p13] |
| <input type="checkbox"/> AML-Panel | EVI1 (MECOM) [3q26], 5/5q, 7/7q, TP53 [17p13], DEK/NUP214 [t(6;9)(p22;q34)], MLL (KMT2A) [11q23], RUNX1/RUNX1T1 [t(8;21)(q22;q22)], PML- RARA [t(15;17)(q24;q21)], CBFβ [16q22] | <input type="checkbox"/> Lymphom | Bitte genaue Diagnose oben angeben, Analysen davon abhängig!

<i>Spezifische Translokationen:</i>
CCND1/IGH [t(11;14)(q13;q32)]
IGH/BCL2 [t(14;18)(q32;q21)]
BIRC3/MALT1 [t(11;18)(q21;q21)]
<i>Rearrangements:</i>
IGH (14q32), TCR-A/D (14q11.2), ALK (2p23) |
| <input type="checkbox"/> MDS/CMML-Panel | EVI1 (MECOM) [3q26], 5/5q, 7/7q, 8, TP53 [17p13], 20q, XY | | |
| <input type="checkbox"/> MPE-Panel | BCR/ABL1 [t(9;22)(q34;q11)], PDGFRB [5q32], FGFR1 [8p11] | <input type="checkbox"/> Myelom-Panel | <i>nach Plasmazell-Anreicherung</i>
1q/1p, 11q, 13q, IGH [14q32], TP53 [17p13]
Hyperdiploidie (5/9/15)
<i>ggf. IGH-Translokationen</i>
FGFR3/IGH [t(4;14)(p16;q32)]
CCND1/IGH [t(11;14)(q13;q32)]
MAF/IGH [t(14;16)(q32;q23)] |
| <input type="checkbox"/> HES -Panel | FIP1L1/PDGFRα [4q12], PDGFRB [5q32], FGFR1 [8p11], JAK2 [9p24] | | |
| <input type="checkbox"/> B-ALL-Panel | BCR/ABL1 [t(9;22)(q34;q11)], MLL (KMT2A) [11q23], MYC [8q24], ETV6/RUNX1 [t(12;21)(p13;q22)], Hyperdiploidie (4/10/17) | | |

Spezielle Anforderung:

Molekulargenetik

Erwünschte Untersuchung:

Panel-Diagnostik

- | | | |
|---|---|--|
| <input type="checkbox"/> AML
ASXL1, CEBPA, DNMT3A, FLT3, IDH1, IDH2, KIT, KRAS, NPM1, NRAS, PTPN11, RUNX1, TET2, TP53, WT1 | <input type="checkbox"/> ASXL1
AML, CMML, CNL, ET, MDS, PMF, PV, SM-AHN | <input type="checkbox"/> MPL
ET, PMF |
| <input type="checkbox"/> MDS
ASXL1, BCOR, CBL, DNMT3A, EZH2, RUNX1, SF3B1, SRSF2, TET2, TP53, U2AF1, ZRSR2 | <input type="checkbox"/> BCOR
MDS | <input type="checkbox"/> MYD88
CLL, LPL |
| <input type="checkbox"/> MPN-Panel (ET, PV, PMF, CNL)
ASXL1, CALR, CSF3R, EZH2, IDH1, IDH2, JAK2, MPL, SF3B1, SRSF2, TET2, TP53, U2AF1 | <input type="checkbox"/> BRAF
HCL | <input type="checkbox"/> NOTCH1
CLL, T-ALL |
| <input type="checkbox"/> MDS/MPN Overlap (CMML, aCML)
ASXL1, CBL, CSF3R, EZH2, JAK2, KRAS, NPM1, NRAS, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, TET2 | <input type="checkbox"/> CALR
ET, PMF | <input type="checkbox"/> NPM1
AML, CMML |
| <input type="checkbox"/> Mastozytose
ASXL1, CBL, EZH2, JAK2, KIT, KRAS, NRAS, SRSF2, TET2, U2AF1, RUNX1 | <input type="checkbox"/> CBL
CMML, MDS, SM-AHN | <input type="checkbox"/> NRAS
AML, CMML, SM-AHN |
| <input type="checkbox"/> Panel für myeloische Marker
ASXL1, CALR, CBL, CEBPA, CSF3R, DNMT3A, EZH2, FLT3, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2 | <input type="checkbox"/> CEBPA
AML | <input type="checkbox"/> PHF6
T-ALL |
| | <input type="checkbox"/> CSF3R
CNL | <input type="checkbox"/> PTPN11
AML |
| | <input type="checkbox"/> DNMT3A
AML, MDS, T-ALL | <input type="checkbox"/> RUNX1
AML, CMML, MDS, SM-AHN, T-ALL, aCML, CMML |
| | <input type="checkbox"/> EZH2
CMML, ET, MDS, PMF, SM-AHN | <input type="checkbox"/> SETBP1
CLL, ET, MDS, MDS/MPN-RS-T |
| | <input type="checkbox"/> FBXW7
CLL, T-ALL | <input type="checkbox"/> SF3B1
CMML, MDS, PMF, PV, SM-AHN |
| | <input type="checkbox"/> FLT3
AML | <input type="checkbox"/> SRSF2
AML, CMML, MDS |
| | <input type="checkbox"/> IDH1
AML, PMF | <input type="checkbox"/> TET2
AML, CLL, ET, MDS |
| | <input type="checkbox"/> IDH2
AML, ET, PMF, PV | <input type="checkbox"/> TP53
ET, MDS, Mastozytose |
| | <input type="checkbox"/> IDH2
AML, ET, PMF, PV | <input type="checkbox"/> U2AF1
AML |
| | <input type="checkbox"/> JAK2
CMML, ET, PMF, PV, SM-AHN | <input type="checkbox"/> WT1
MDS |
| | <input type="checkbox"/> KIT
AML, Mastozytose | |
| | <input type="checkbox"/> KRAS
AML, CMML, SM-AHN | |