Anmeldung zur tumorzytogenetischen Diagnostik bei hämatologischen Neoplasien

(lichtmikroskopische Chromosomenuntersuchung / FISH / molekulare Chromosomenuntersuchung (Array-CGH))

Labor für Tumorzytogenetik:

Ansprechpartner: Dipl.Biol. F. Wenzel, Spezialist medizinisch-genetische Analytik FAMH Tel. +41 (0)61 265 36 55 | Friedel.Wenzel@usb.ch



Medizinische Genetik

Schönbeinstrasse 40 CH-4031 Basel

T +41 (0)61 265 36 20 | F +41 (0)61 265 36 21 www.unispital-basel.ch/medizinische-genetik

Patient	auftraggebender Arzt (vollständige Adresse incl.	FAY-Nr \	ggfs. betreuender Arzt (vollständige Adresse incl. FAX-Nr.)
Name:	(Volistandige Adresse Inci.	1 AA-141.)	(Volistandige Adresse IIIci. I AA-NI.)
Vorname:			
geb.: □ weiblich □ männlich			
Adresse:			
Rechnung an: ☐ Patient ☐ Auftraggeber			
Untersuchungsmaterial (Versand bei Raum	itemperatur)	Entnahme	datum:
□ peripheres Blut (Li-Heparin) 3 – 5 ml bei Kindern / 10 ml bei E		/ 10 ml bei Erwa	achsenen
☐ Knochenmark (Li-Heparin)	mindestens 2 bis 5 ml		
□ anderes:			
Diagnose (bitte ankreuzen bzw. ergänzen)	, , , , , , ,		Status
□ Verdachtsdiagnose	Leukozyten:	. µl	☐ Initialdiagnose
☐ klinisch gesicherte Diagnose	Blasten:	. %	☐ Verlaufskontrolle
☐ Myeloproliferatives Syndrom (MPS)☐ CML			☐ Remission ☐ Rezidiv
☐ andere:			☐ Vorbefund (falls vorhanden):
☐ Myelodysplastisches Syndrom (MDS) ☐ Subtypus:			
☐ Akute myeloische Leukämie (AML)			☐ HSZT durchgeführt Datum:
☐ Subtypus:			☐ Autolog / syngen
☐ Akute lymphatische Leukämie (ALL)			☐ Spenderin (XX)
☐ Chronisch lymphatische Leukämie (CLL)			☐ Spender (XY)
Lymphom			☐ HSZT geplant
□ Subtypus:			Datum:
☐ Plasmazellneoplasie; Infiltration:			☐ Autolog / syngen
□ Hodgkin Lymphom □ andere:			☐ Spenderin (XX) ☐ Spender (XY)
gewünschte Untersuchung (ergänzende Erläuterungen zu den verschiedenen Methoden siehe Rückseite (Seite 2)			
gewunschte Ontersuchung (erganzende Erlauterungen zu den Verschiedenen Methoden siehe Ruckseite (Seite 2)			
□ lichtmikroskopische Chromosomenuntersuchung (CC)			
□ molekulare Chromosomenuntersuchung (Array-CGH):			
☐ Fluoreszenz in situ Hybridisierung (FISH) an Interphasekernen und/oder Metaphasen: gewünschte Untersuchung bitte auf Seite 2 spezifizieren!			
□ Bitte um Rücksprache			
Anmerkung: Je nach Diagnose, Therapieangaben, Vorbefunden und Ergebnissen einzelner Untersuchungen können Abklärungen auch mit alternativen Techniken auch ohne Rücksprache mit dem Auftraggeber durchgeführt werden.			
			Eingangsdatum:
Bitte Rückseite (Seite 2) beachten !			Labor-Nummer:

☐ Translokation t(11:14)(q13:q32) (CCND1-IGH) (Mantelzell-Lymphom) ☐ Translokation (t(14;18)(q32;q21) (*IGH-BCL2*) (Follikuläres Lymphom)

wenn positiv: Abklärung auf Translokation t(4;14), t(11;14), t(14;16)

Plasmazellneoplasie: FISH / Microarray nur bei ausreichendem Plasmazellanteil (>50%)

☐ weitere FISH-Untersuchungen sind nach Rücksprache mit F. Wenzel möglich

☐ 8q24 (*c-myc*) Rearrangements (Burkitt-Lymphom)

☐ Deletion 13q14

 \square XY

☐ 14q32 (*IGH*) Rearrangements:

nach gegengeschlechtlicher HSZT

Seite 2 von 2 Die wichtigsten routinemässig verfügbaren Fluoreszenz in situ Hybridisierung (FISH): bitte gewünschte Untersuchung spezifizieren! / weitere FISH-Untersuchungen auf Anfrage möglich **Myeloproliferatives Syndrom (MPS)** ☐ PDGFRalpha (4q12) ☐ *FGFR1* (8p11) □ PDGFRbeta (5q32) Chronisch myeloische Leukämie (CML) ☐ Translokation t(9;22)(q34;q11.2) (BCR-ABL) ☐ Trisomie 8 (bei Verlaufskontrolle unter/nach Therapie) ☐ Verlust von Y (bei Verlaufskontrolle unter/nach Therapie von männlichen CML-Patienten) Myelodysplastisches Syndrom (MDS): Microarray wird als Erstanalyse durchgeführt ☐ Monosomie 5 / Deletion 5a ☐ Trisomie 8 ☐ Inversion inv(3q21q26) oder Translokation t(3;3)(EVI1) ☐ Monosomie 7 / Deletion 7g ☐ Deletion 20q ☐ Monosomie 13 / Deletion 13q Akute myeloische Leukämie (AML): bei Anfrage nach multiplen Imbalancen wird ein Microarray durchgeführt \square Translokation t(9;22)(g34;g11.2) (BCR-ABL) ☐ Translokation t(8;21) (AML1-ETO) ☐ Translokation t(15;17)(q22;q12) (PML-RARA) ☐ Inversion inv(3q21q26) und Translokation t(3;3)(EVI1) ☐ Inversion inv(16) und Translokation t(16;16)(*CBFB*) ☐ 11q23 (MLL) Rearrangements □ 12p13 (ETV6, TEL) Rearrangements ☐ Trisomie 8 ☐ Monosomie 5 / Deletion 5q ☐ Monosomie 7 / Deletion 7q ☐ Deletion 17p13 (*TP53*) ☐ Deletion 20q Akute lymphatische Leukämie (ALL) ☐ Translokation t(9;22)(q34;q11.2)(*BCR-ABL*) ☐ Translokation t(12;21)(*TEL-AML1*) ☐ 8q24 (*c-myc*) Rearrangements □ 11q23 (*MLL*) Rearrangements □ 12p13 (ETV6, TEL) Rearrangements Chronisch lymphatische Leukämie (CLL): Microarray wird als Erstanalyse durchgeführt ☐ 14q32 (*IGH*) Rearrangements (bei Verdacht auf Lymphom) ☐ Einzel-FISH (bitte angeben):_____ Lymphom

Erläuterungen zu den verschiedenen methodischen Ansätzen in der Tumorzytogenetik (siehe auch http://medizinische-genetik.unispital-basel.ch)

☐ Deletion 17p13

Die konventionelle Chromosomenuntersuchung (CC) stellt die klassische lichtmikroskopische Untersuchung von Chromosomen auf numerische und/oder grobstrukturelle Anomalien dar. Das Verfahren wird limitiert durch das Auflösungsvermögen des Lichtmikroskops (ca. 10 Mb) und bedingt eine erfolgreiche Zellkultur; grobstrukturelle Rearrangements sowie grössere Imbalancen sind erkennbar; kryptische Veränderungen lassen sich hingegen nicht nachweisen.

Die molekulare Chromosomenuntersuchung (Microarray) stellt die modernere Variante zur CC dar und erkennt genomweite Imbalancen weit unterhalb des Auflösungsvermögens des Lichtmikroskops sowie "copy-neutral loss of heterozygosity (CN-LOH)"; hingegen werden balancierte Rearrangements (Translokationen, Inversionen) nicht entdeckt. Bei Mosaikbefunden kann die Aussagekraft eingeschränkt sein und eine zusätzliche Ueberprüfung mittels FISH oder CC erfordern. Ein Microarray ist unabhängig von einer mehrtägigen Zellkultur und kann idR schneller durchgeführt werden als eine CC, muss aber gemäss Analysenliste mit einem höheren Taxwert verrechnet werden.

Die Fluoreszenz in situ Hybridisierung (FISH) erlaubt die spezifische Abklärung definierter Anomalien sowohl an Interphasekernen als auch an Metaphasen. Die zu prüfende Region muss als Verdachtsregion vorgängig bekannt sein; Chromosomenanomalien ausserhalb der Nachweisbereiche bzw. unterhalb der Nachweisgrenzen lassen sich mit den jeweils eingesetzten Sonden nicht erkennen. Bei Interphase-FISH-Untersuchungen erfolgt die Einstufung eines Befundes als "auffällig" in Abhängigkeit der jeweiligen laborinternen-Cut-off-Level für die eingesetzten Sonden (statistischer Ansatz). Bei Subpopulationen (z.B. Plasmazellen) greifen diese Cut-off-Level nicht.

Je nach Fragestellung kann der kombinierte Einsatz aller drei Methoden sinnvoll sein, um eine möglichst umfassende Aussage über die Chromosomenkonstellation des Patienten zu erhalten.