

Institut für Humangenetik und MVZ UKMD
Prof. Dr. med. Martin Zenker, Dr. med. Ina Schanze
Leipziger Str. 44
39120 Magdeburg
Telefon: 0391/67-15062
Fax: 0391/67-15066
<http://www.med.uni-magdeburg.de/ihg>

Barcode - bitte Feld nicht beschreiben

Auftrag zur tumorzytogenetischen Untersuchung

⇒ bei ÜSchein bitte Einwilligung nach GenDG beilegen!

Patientendaten (ggf. Aufkleber)	Einsender (ggf. Stempel)
Name:	Name:
Vorname:	Adresse:
Geburtsdatum: männl. <input type="checkbox"/> weibl. <input type="checkbox"/>	Tel.-Nr:
Kostenträger	
<input type="checkbox"/> GKV-Patient/-in > bitte Ü-Schein für Labor (Muster 10) beilegen <input type="checkbox"/> Selbstzahler <input type="checkbox"/> ambulant <input type="checkbox"/> stationär <input type="checkbox"/> Rechnung an Krankenhaus	
Probenmaterial	
Entnahmedatum: <input type="checkbox"/> Blut <input type="checkbox"/> Knochenmark	Uhrzeit der Entnahme: <input type="checkbox"/> Sonstiges (bitte differenzieren) (5-10ml Heparin-Knochenmark/Blut ungekühlt)
Indikation/Fragestellung	Art der gewünschten Untersuchung
	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse <input type="checkbox"/> FISH (ggf. auf Zusatzbogen spezifizieren)
Klinische und anamnestische Angaben	
<input type="checkbox"/> Erstuntersuchung <input type="checkbox"/> Verlaufskontrolle	
Leukozyten: /µl	Differential-BB:
Hämoglobin: g/dl	Myelobl.: % Stab: % Mono.: %
Thrombozyten: /µl	Promyelo.: % Segm.: % Lympho.: %
	Myelo.: % Eos.: % Blasten: %
	Jugendl.: % Baso.: %
Transplantation:	
<input type="checkbox"/> vor SCT	
<input type="checkbox"/> nach SCT Donor: <input type="checkbox"/> männlich	
<input type="checkbox"/> weiblich	

Name des Patienten:

Weitere pathologische Befunde:

Zytogenetische Vorbefunde:

Untersuchungsmaterial: 5-10ml Knochenmark (2. Portion bei Punktion) oder 10-20ml Blut, Antikoagulans Heparin (Verhältnis 1:10 zu Knochenmark, kein EDTA, kein Citrat, kein NH₄); Versand möglichst per 24h-Express.

Name des Patienten:

Zusatzbogen Fluoreszenz in situ Hybridisierung

Die angebotenen Analysen orientieren sich an den Empfehlungen des European Leukemia Network (Konsensus Protokoll Zyto-genetik/FISH, Haferlach et al. Genes, Chromosomes&Cancer 46, 444-449, 2007)

Untersuchungsauftrag (bitte ankreuzen ☒)	
Akute lymphatische Leukämie ALL der B-Zellreihe <i>Translokationen</i> <input type="checkbox"/> BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) <input type="checkbox"/> MLL-Rearrangement (11q23) <input type="checkbox"/> IGH-Rearrangement (14q32) <input type="checkbox"/> ETV6-RUNX1-Rearrangement / t(12;21)(p13;q22) <input type="checkbox"/> weitere RUNX1-Rearrangements / RUNX1-Amplifikationen (21q22) <input type="checkbox"/> CMYC-Rearrangement (8q24) <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> Polysomien X, 4, 6, 8, 10, 14, 17, 18, 21 (hochhyperdiploider Karyotyp) <input type="checkbox"/> Monosomien 4, 7, 10, 17 (Hypodiploider Karyotyp) <input type="checkbox"/> 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) <input type="checkbox"/> 9p21-Deletion (CDKN2A) „Ph-like“ ALL <input type="checkbox"/> PDGFRB-Rearrangement (5q32-33) <input type="checkbox"/> ETV6-Rearrangement (12p13) ALL der T-Zellreihe <i>Translokationen/Fusionen</i> <input type="checkbox"/> TCRA/D-Rearrangement (14q11) <i>Deletionen</i> <input type="checkbox"/> 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) <input type="checkbox"/> 9p21-Deletion (CDKN2A) Akute myeloische Leukämie <i>Translokationen / Inversionen</i> <input type="checkbox"/> PML-RARA-Rearrangement / t(15;17)(q22;q12) <input type="checkbox"/> RUNX1-RUNX1T1-Rearrangement / t(8;21)(q22;q22) <input type="checkbox"/> CFBF-MYH11-Rearrangement / inv(16)(p13q22) / t(16;16) <input type="checkbox"/> MLL-Rearrangement (11q23) <input type="checkbox"/> EVI1 (MECOM)-Rearrangement (3q26) <input type="checkbox"/> Bestätigung anderer mittels Chromosomenanalyse nachgewiesener Aberrationen als Ausgangsbefund für Verlaufskontrollen: z.B. Trisomie 1q, X/Y-Verlust... <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> 5q31-Deletion (CDC25C, EGR1) <input type="checkbox"/> 5q33-Deletion (RPS14) <input type="checkbox"/> 7q31-Deletion <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> 20q12-Deletion (D20S108) <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8) <input type="checkbox"/> Trisomie 11 (cen11) <input type="checkbox"/> Trisomie 13 (13q14/RB1) <input type="checkbox"/> Monosomie 7 (cen7)	Myelodysplastisches Syndrom <i>Deletionen</i> <input type="checkbox"/> 5q31-Deletion (CDC25C, EGR1) <input type="checkbox"/> 5q33-Deletion (RPS14) <input type="checkbox"/> 7q31-Deletion <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> 20q12-Deletion (D20S108) <i>Zyto-genetisch kryptische Aberrationen</i> <input type="checkbox"/> 12p13-Deletion (ETV6) <input type="checkbox"/> 21q22-Deletion (RUNX1PS14) <input type="checkbox"/> EVI1 (MECOM)-Rearrangement (3q26) <i>Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> Trisomie 1 bzw. 1q (1p32/CDKN2C, 1q21/CKS1B) <input type="checkbox"/> Monosomie 7 (cen7) <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8) <input type="checkbox"/> Y-Verlust (cenY) <input type="checkbox"/> Bestätigung anderer mittels Chromosomenanalyse nachgewiesener Aberrationen als Ausgangsbefund für Verlaufskontrollen: z.B. 11q-Deletion, 12p-Deletion... Schwere Aplastische Anämie <i>Deletionen</i> <input type="checkbox"/> 13q14-Deletion (DLEU) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <i>Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> Trisomie 6 (6q21/SEC63, 6q23/MYB) <input type="checkbox"/> Monosomie 7 bzw. 7q-Deletion (cen7/7q31) <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8) <input type="checkbox"/> Trisomie 21 (21q22/RUNX1) Chronische myeloische Leukämie <input type="checkbox"/> BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) <i>Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8) <input type="checkbox"/> Isochromosom 17q (17p13/TP53-Deletion, 17q11/NF1-Zugewinn) Myeloproliferative Neoplasien <input type="checkbox"/> BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) <i>Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> Trisomie 1 bzw. 1q (1p32/CDKN2C, 1q21/CKS1B) <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8) <input type="checkbox"/> Trisomie 9 (cen9) <input type="checkbox"/> 20q12-Deletion (D20S108)

Name des Patienten:

Untersuchungsauftrag (bitte ankreuzen ☑)	
Chronische myelomonozytäre Leukämie <input type="checkbox"/> 7q31-Deletion / Monosomie 7 (cen7/7q31) <input type="checkbox"/> Trisomie 8 (cen8)	Mantelzelllymphom <input type="checkbox"/> IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> 9p21-Deletion (CDKN2A) <input type="checkbox"/> 13q14-Deletion (RB1)
Chronische Eosinophilen Leukämie/ Hypereosinophiles Syndrom <input type="checkbox"/> 4q12-Deletion (CHIC2, Korrelat zu FIP1L1-PDGFR1-Rearrangement) <input type="checkbox"/> PDGFRB-Rearrangement (5q32-33) <input type="checkbox"/> FGFR1-Rearrangement (8p11) <input type="checkbox"/> ETV6-Rearrangement (12p13)	T-Prolymphozytenleukämie <i>Translokationen / Inversionen</i> <input type="checkbox"/> TCRA/D-Rearrangement (14q11) <i>Deletionen, Zugewinne</i> <input type="checkbox"/> 8q24-Zugewinn (CMYC) <input type="checkbox"/> 11q22-Deletion (ATM) <input type="checkbox"/> 12p13-Deletion (ETV6) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53)
Chronische Lymphatische Leukämie <i>Translokationen</i> <input type="checkbox"/> IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) <input type="checkbox"/> IGH-BCL2-Rearrangement / t(14;18)(q32;q21) <input type="checkbox"/> IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) <i>Deletionen, Trisomien</i> <input type="checkbox"/> 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) <input type="checkbox"/> 11q22.3-Deletion (ATM) <input type="checkbox"/> 13q14-Deletion (DLEU) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> Trisomie 12 (cen12/MDM2)	Multiples Myelom <i>Translokationen</i> <input type="checkbox"/> IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) <input type="checkbox"/> IGH-FGFR3-Rearrangement / t(4;14)(p16;q32) <input type="checkbox"/> IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) <input type="checkbox"/> IGH-MAF-Rearrangement / t(14;16)(q32;q23) <input type="checkbox"/> IGH-CCND3-Rearrangement / t(6;14)(p21;q32) <input type="checkbox"/> CMYC-Rearrangement (8q24) <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> <input type="checkbox"/> 13q14-Deletion/Monosomie 13 (DLEU) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> 1p32-Deletion / 1q21-Zugewinn (CDKN2C, CKS1B) <input type="checkbox"/> 12p13-Deletion (ETV6) <input type="checkbox"/> Trisomie 3 (cen3) <input type="checkbox"/> Trisomie 9 (cen9) <input type="checkbox"/> Trisomie 11 (cen11) <input type="checkbox"/> Trisomie 5 (5p15/CDC25C und 5q31/EGR1)
NHL/Lymphome <i>Translokationen</i> <input type="checkbox"/> IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) <input type="checkbox"/> IGH-BCL2-Rearrangement / t(14;18)(q32;q21) <input type="checkbox"/> IGH-MYC-Rearrangement / t(8;14)(q24;q32) <input type="checkbox"/> IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) <input type="checkbox"/> BCL6-Rearrangement (3q27) <input type="checkbox"/> CMYC-Rearrangement (8q24) <input type="checkbox"/> TCRA/D-Rearrangement (14q11) <input type="checkbox"/> BIRC3-MALT1-Rearrangement / t(11;18)(q21;q21) <input type="checkbox"/> ALK-Rearrangement (2p23) <i>Deletionen, Trisomien</i> <input type="checkbox"/> 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) <input type="checkbox"/> 11q22.3-Deletion (ATM) <input type="checkbox"/> 13q14-Deletion (D13S25 bzw D13S319) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (TP53) <input type="checkbox"/> Trisomie 3 / partielle Trisomie 3q (3q27/BCL6) <input type="checkbox"/> Trisomie 12 (cen12)	Sonstige Anforderungen (bitte spezifizieren) <input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
Morbus Waldenström <input type="checkbox"/> 3q-Zugewinn (BCL6/3q27) <input type="checkbox"/> 6q-Deletion (6q21/SEC, 6q32/MYB) <input type="checkbox"/> 8q-Zugewinn (CMYC/8q24) <input type="checkbox"/> 11q-Deletion (ATM/11q22) <input type="checkbox"/> 13q-Deletion (DLEU/13q14) <input type="checkbox"/> 17p13-Deletion (17p13) <input type="checkbox"/> Trisomie 18 (BCL2/18q21)	