

Untersuchungsanforderung HRD (genomische Instabilität) beim Ovarialkarzinom

Patientendaten

Familienname:

Vorname: m/w:

Geburtsdatum: SV-Nr.: Vers.:

AZ/Fallzahl:

Einsenderangaben/Stempel

Arzt/Ärztin:

Klinik/Abteilung:

Tel.Nr.:

Unterschrift:

Klinische Informationen (vom anfordernden Arzt auszufüllen):

Ich bestätige, dass ich mit Frau _____ über die angeforderte Untersuchung (Mutationsanalyse BRCA1/2 mit HRD Status aus Tumorgewebe) und die möglichen Tragweiten der daraus resultierenden Ergebnisse gesprochen habe. Ich habe die Patientin darüber aufgeklärt, dass die diagnostische Analyse der Probe derzeit auch bei Myriad Genetics in den USA stattfinden kann.

Datum Name des anfordernden Arztes in BLOCKSCHRIFT

Unterschrift des anfordernden Arztes

Pathologie (von der einsendenden Pathologie auszufüllen, Zutreffendes bitte ankreuzen):

Diagnose: Ovarialkarzinom

Ja Nein

Datum der Gewebsentnahme

DD . MM . JJJJ

Bitte übersenden Sie folgende Positionen an die in der Kopfzeile angeführte Adresse:

- diese Untersuchungsanforderung
- Histopathologischer Befund des übersandten Blocks
- Gefärbter HE Schnitt
- Paraffinblock (mind. 20% Tumorzellanteil)

Kontaktinformation Pathologie (inkl. Telefonnummer) für Befundübermittlung und etwaige Rückfragen:

Das Untersuchungsergebnis und der Gewebekblock werden im Rahmen der normalen Befundübermittlung zeitnah an das anfordernde Institut für Pathologie retourniert. Bitte achten Sie auf Vollständigkeit der Daten um Verzögerungen zu vermeiden.

Diese Untersuchung wird bis 31.12.2021 für Einsender aus Österreich kostenfrei angeboten.

Rückfragen bitte an: MMag. Dr. Karl Kashofer T: +43 316 385 71752

Testbeschreibung Myriad myChoice Europe

Mit dem Myriad myChoice® CDx PLUS Test wird durch die Bestimmung des „Genomic Instability Scores“ (GIS) und des Tumor-Mutations Status von BRCA1/BRCA2 (aus genomischer DNA, extrahiert von Tumorgewebe) ein Vorliegen einer Homologen Rekombinations Defizienz (HRD) festgestellt. Die Test-Ergebnisse können dazu beitragen, Patienten mit Ovarialkarzinom zu identifizieren, welche für eine Behandlung mit bestimmten Poly-ADP Ribose Polymerase (PARP) Inhibitoren - in Übereinstimmung mit der jeweiligen Zulassung - in Frage kommen. Zusätzlich wird von allen analysierbaren Regionen der folgenden Gene eine Sequenzanalyse und Analyse von großen Rekombinationen durchgeführt: ATM, BARD1, BRIP1, CDK12, CHEK1, CHEK2, FANCL, PALB2, PPP2R2A, RAD51B, RAD51C, RAD51D und RAD54L.

Der Patient / die Patientin wurde darüber informiert, dass der Befund an den Einsender bzw. die einsendende Abteilung retourniert wird und erklärt sich damit einverstanden