

ADRES LABORATORIUM:
Instytut Genetyki i Immunologii GENIM Sp. z o.o.
ul. Filaretów 27 / lok. 2
20-609 Lublin
tel. 888 591 097
e-mail: biuro@genim.pl



Aby wysłać materiał do Laboratorium GENIM prosimy o maila na adres: biuro@genim.pl, w treści prosimy podać dokładne miejsce odbioru paczki (pokój, piętro, recepcja, rejestracja) oraz dzień i preferowany zakres godzinowy odbioru przesyłki (płatnikiem jest firma GENIM)

Zlecenie na badanie molekularne do Instytutu Genetyki i Immunologii GENIM Sp. z o.o.,

Imię i nazwisko pacjenta:.....płeć: ☐ kobieta, ☐ mężczyzna

PESEL

(w przypadku braku nr PESEL, nazwa, numer i seria dokumentu potwierdzającego tożsamość

.....);

data urodzenia.....)

Pochodzenie etniczne: ☐ kaukaskie ☐ inne.....

Przebyte transfuzje krwi: ☐ tak ☐ nie

Przebyte przeszczep szpiku: ☐ tak ☐ nie

	Oznaczenie mutacji w genie <i>EGFR</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji genu <i>POLE</i> (sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie mutacji w genie <i>KRAS</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji genu <i>CHECK2</i> (3 najczęstsze warianty, sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie mutacji w genie <i>NRAS</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji genu <i>PALB2</i> (2 najczęstsze zmiany, sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie mutacji w genie <i>BRAF</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji w genie <i>BRCA1</i> techniką sekwencjonowania Sangera (5 najczęstszych wariantów)
	Oznaczenie mutacji w genach <i>KRAS</i> , <i>NRAS</i> i <i>BRAF</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji w genie <i>BRCA2</i> techniką sekwencjonowania Sangera (2 najczęstsze warianty)
	Badanie niestabilności mikrosatelitarnej MSI (technika sekwencjonowania Sangera)	Badanie techniką sekwencjonowania następnej generacji (NGS) genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i>
	Oznaczenie mutacji w genach <i>IDH1</i> i <i>IDH2</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji w genie <i>PIK3CA</i> (sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie metylacji genu <i>MGMT</i> (real-time MS-PCR)	Badanie mutacji w genie <i>PIK3CA</i> (real-time PCR)
	Oznaczenie delecji ramion chromosomów 1p oraz 19q (FISH)	Badanie ekspresji białek związanych z systemem błędnie sparowanych zasad – dMMR (IHC)
	Oznaczenie delecji <i>CDKN2A/2B</i> (FISH)	Badanie genów odpowiedzialnych za deficyt naprawy homologicznej*
	Oznaczenie ekspresji białka ALK (IHC)	Badanie amplifikacji genu <i>HER2</i> (FISH)
	Oznaczenie rearanżacji genu <i>ALK</i> (FISH)	Badanie mutacji w genie <i>C-KIT</i> (sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie rearanżacji genu <i>ROS1</i> (FISH)	Badanie mutacji w genie <i>PDGFRA</i> (sekwencjonowanie Sangera)
	Oznaczenie ekspresji białka PD-L1 (IHC, TPS w NDRP)	Badanie techniką sekwencjonowania następnej generacji (52 geny) za pomocą panelu ONCOMINE FOCUS ThermoFisher**
	Oznaczenie ekspresji białka PD-L1 (IHC, CPS - nowotwory inne niż NDRP)	Badanie rearanżacji genów <i>NTRK1/2/3</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS)**
	Badanie ekspresji białka p53 (IHC)	Badanie wariantów genu <i>DPYD</i> (real-time PCR)
	Badanie wariantów genu <i>CYP2C9</i> (real-time PCR)	Badanie mutacji w genie <i>ESR1</i> (real-time PCR)
	Badanie ekspresji receptora folianowego (FOLR1, IHC)	Badanie mutacji w genach <i>AKT</i> , <i>PTEN</i> , <i>PIK3CA</i> i <i>TP53</i> (technika NGS)
	Badanie rearanżacji <i>FIP1L1-PDGFR</i> (FISH)	Badanie amplifikacji genu <i>MDM2</i> (FISH)

* Badanie obejmuje mutacje w genach: *ATM*, *BARD1*, *BRCA1*, *BRCA2*, *BRIP1*, *CDK12*, *CHECK2*, *FANCD2*, *MRE11*, *NBN*, *PALB2*, *PPP2R2A*, *RAD51B*, *RAD54L*, *TP53*, *RAD51C*, *PIK3CA*, *AKT1*, *PTEN*.

** Badanie obejmuje: mutacje genetyczne w genach (DNA): *AKT1*, *ALK*, *AR*, *BRAF*, *CDK4*, *CTNNB1*, *DDR2*, *EGFR*, *ERBB2*, *ERBB3*, *RBB4*, *ESR1*, *FGFR2/3*, *GNAI1*, *GNAQ*, *HRAS*, *IDH1*, *IDH2*, *JAK1*, *JAK2*, *JAK3*, *KIT*, *KRAS*, *MAP2K1/2*, *MET*, *MTOR*, *NRAS*, *PDGFRA*, *PIK3CA*, *RAF1*, *RET*, *ROS1*, *SMO*; zmiany liczby kopii genów (DNA): *ALK*, *AR*, *BRAF*, *CCND1*, *CDK4*, *CDK6*, *EGFR*, *ERBB2*, *FGFR1/2/3/4*, *KIT*, *RAS*, *MET*, *MYC*, *MYCN*, *PDGFRA*, *PIK3CA*; rearanżacje genowe (RNA): *ABL1*, *AKT3*, *ALK*, *AXL*, *BRAF*, *EGFR*, *ERBB2*, *ERG*, *ETV1*, *ETV4*, *ETV5*, *FGFR1/2/3*, *MET*, *NTRK1/2/3*, *PDGFRA*, *PPARG*, *RAF1*, *RET*, *ROS1*

Tryb badania: ☐ ambulatoryjne, ☐ szpitalne

Cel badania:

☐ badanie pierwszorazowe, ☐ badanie powtórne w celu modyfikacji leczenia
(wcześniej wykryta zmiana molekularna.....)

Data wystawienia skierowania:.....

Tryb wykonania badania genetycznego: ☐ standardowy ☐ pilny

Lekarz zlecający (imię, nazwisko, tytuł zawodowy, uzyskane specjalizacje, nr prawa wykonywania zawodu):

.....

Ośrodek kierujący/zlecaniodawca:

.....

Dane kontaktowe lekarza (mail/nr telefonu).....

Dane osoby upoważnionej do odbioru sprawozdania z badania genetycznego:

.....

.....

Informacje o materiale przesyłanym do badania:

Rodzaj materiału i jego pochodzenie:

☐ bloczek parafinowy ☐ cytoblok ☐ krew obwodowa ☐ wolno krążące DNA/RNA nowotworowe (ct-DNA/RNA)

Nr bloczka parafinowego/cytobloku:

Prosimy o dołączenie odpisu (ksero) badania patomorfologicznego z danymi zakładu patomorfologii oraz imieniem i nazwiskiem lekarza patomorfologa/ lub wypełnienie poniższych danych:

Miejsce pobrania materiału:.....

Data i godzina pobrania materiału:.....

Osoba pobierająca materiał.....

Data i godzina dostarczenia materiału do zakładu patomorfologii:.....

Dane zakładu patomorfologii.....

Rozpoznanie patomorfologiczne:

Odsetek komórek nowotworowych w wybranym materiale.....

Dane lekarza patomorfologa (imię, nazwisko, tytuł zawodowy, uzyskane specjalizacje, nr prawa wykonywania zawodu):

.....

.....

Istotne dane kliniczne (np. rozpoznanie kliniczne):

.....

Adres zwrotny dla bloczków parafinowych/pozostałych preparatów cytologicznych (jeżeli inny niż w/w):

.....

.....
Podpis i pieczęć lekarza kierującego