Referenzinstitut für Bioanalytik
Friesdorfer Str. 153
D-53175 Bonn
Telefon +49 (0)228 926895-0
Telefax +49 (0)228 926895-29
Internet: www.quip-ringversuche.de
E-Mail: info@quip-ringversuche.de

Ringversuch für GIST - Mutationsanalyse bei gastrointestinalen Stromatumoren 2017

Veranstalter:
Qualitätssicherungs-Initiative Pathologie QuIP GmbH in Zusammenarbeit mit dem Referenzinstitut für Bioanalytik

Wissenschaftliche Leitung:
PD Dr. rer.nat. Sabine Merkelbach-Bruse, Köln
Prof. Dr. rer.nat. Wolfgang Dietmaier, Regensburg
Dr. rer.nat. Roland Penzel, Heidelberg
Prof. Dr. med. Florian Haller, Erlangen

Organisation und Durchführung:
Dr. W.-J. Geilenkeuser

Versuchsanleitung

Die Teilnehmer erhalten je nach Ergebnis ein Zertifikat “mit Erfolg teilgenommen" oder “teilgenommen” der QuIP/RfB, damit sind die Anforderungen an die externe Qualitätskontrolle z. B. im Rahmen einer Akkreditierung erfüllt.

Online-Einsendeschluss
28.10.17

Dokumentation

Ihre Ergebnisse sind über unser Online-Portal
www.quip-ringversuche.de
bis zum 28.10.17 einzugeben.

Hier können Sie Ihre Befunde während des gesamten Versuchszeitraums beliebig ändern. Für Ihre eingegebenen Befunde steht Ihnen eine PDF-Protokoll-E-Mail zur Verfügung.

Achtung: Es werden **keine Erfassungsbögen** mehr verschickt, daher ist eine **verspätete Abgabe nicht mehr möglich**.

Untersuchungsmaterial

Es sind 7 Fälle zu untersuchen. Sie erhalten je Fall drei ungefärbte Objektträger (bzw. teilweise nur 2, dann sind 2 Anschnitte für die Mutationsanalyse auf einem Objektträger), wobei der positiv geladene für die HE-Färbung gedacht ist.

- Führen Sie die Untersuchung möglichst bald durch, um ein Altern zu vermeiden.

Falls die Proben nicht in einwandfreiem Zustand beim Teilnehmer eintreffen, bitten wir um sofortige telefonische Reklamation.

Durchführung und Auswertungskonzept

Die Mutationsanalyse der relevanten Exons (Exon 9 und 11 von KIT und Exon 18 von PDGFRA) ist Gegenstand des Ringversuchs. Die Methoden können von den anfordernden Instituten frei ausgewählt werden.

Den Ringversuchsteilnehmern werden aus einem gemeinsamen Probenpool der beteiligten Institute Schnittpräparate von jeweils sieben Blöcken zur Verfügung gestellt. Aus diesen Schnittpräparaten sollen DNA-Extrakte hergestellt werden und die oben genannten Exons untersucht werden. Es müssen alle mutierten bzw. nicht-mutierten Exons korrekt identifiziert werden. Die Mutationen müssen auf DNA-und Aminsäureebene gemäß dem Standard der Human Genome Variation Society (HGVS, http://varnomen.hgvs.org/) beschrieben werden. Dabei sind insbesondere die folgenden Regeln zu berücksichtigen:

- wenn es verschiedene Möglichkeiten der Beschreibung gibt: bei allen Veränderungen wird die Position, die am weitesten in Richtung 3’Ende liegt, als verändert angegeben
- Tandem-Duplikationen werden als Duplikation (dup), nicht als Insertion beschrieben
- Eine kombinierte Deletion/Insertion wird als delins beschrieben, es ist falsch, das Zeichen „>“ zu verwenden
- die Aminosäuren können im 1- oder 3-Buchstabencode benannt werden.

Pro Fall können maximal 4 Punkte erzielt werden. Es wird zwei Punkte für die korrekte Angabe des mutierten Exons vergeben. Jeweils 1 Punkt werden für die richtige Benennung auf DNA- und Proteinebene vergeben.

Wird die Mutationsanalyse bei einem Exon als „nicht auswertbar“ bezeichnet, führt dies zum Abzug von 1 Punkten.

Es ergeben sich so insgesamt 28 Punkte, zum Bestehen des Ringversuchs sind 24 Punkte erforderlich.

Hinweise
Kontrollieren Sie Ihre Eintragungen bitte, denn nachträgliche Änderungen können nicht berücksichtigt werden!

Auswertung

Sobald die Bewertung durch die Referenzzentren erfolgt ist, werden Ihnen die Auswertungen / Zertifikate der DGP/BDP zugesandt (Zeitraum in der Regel sechs Wochen).
Diese Dokumente stehen dann auch als Download auf unserer Website zur Verfügung.
Bei Fragen dazu nutzen Sie bitte die oben genannten Kontaktdaten des RfB.

Muster des Web-Eingabeformulars

Es sind für 7 Fälle die Mutationsanalysen der relevanten Exons (Exon 9 und Exon 11 von KIT und Exon 18 von PDGFRA) durchzuführen.

Fall 1

Mutation	Exon 9	Exon 11	Exon 18
Wildtyp 0 mutiert 1	0 1	0 1	0 1

Beschreibung der Mutation
DNA-Ebene:
Aminosäureebene:

Fall 2

Mutation	Exon 9	Exon 11	Exon 18
Wildtyp 0 mutiert 1	0 1	0 1	0 1

Beschreibung der Mutation
DNA-Ebene:
Aminosäureebene:

Muster

.
.
.
.