Krankenkasse bzw. Kostenträger	Begut	achtungsauftrag Tumordia	agnostik Molekularpatholo
	Kı	ırativ Präventiv Behandl. gen	
lame, Vorname des Versicherten		§116 b SGB \	Geschled
		ıfall Datum der OP bei Leistu ıfallfolgen nach Abschnitt 31.2	ıngen
	Überw	eisung an	
Cassen-Nr. Versicherten-Nr.	Status	führung von Konsilar-	AU bis
	Auf	tragsleistungen untersuchungen	behandlung
detriebsstätten-Nr. Arzt-Nr.		ngeschränkter Leistungsanspruch mäß §16 Abs. 3a SGB V	
			PATHOLOGIE Trier
agnose/Verdachtsdiagnose - Fragest	ellung (histologische Diagnose		Histologie. Zytologie. Molekulare Diagnos
			DALLS
			Deutsche Akkrediterungs:
<u>Lungenkarzinom</u> ☐ AmoyDx HANDLE Classic Panel DNA/RNA-basiert	tes NGS Panel*		U-IS-21311-U1-U
inkl. EGFR, BRAF, KRAS, STK11, KEAP1, ALK ☐ Oncomine Focus Assay DNA/RNA-basiertes NGS Page 1.		14 Skipping + MSI-Status	
inkl. EGFR, BRAF, KRAS, ALK, ROS1, MET, RI	ET, NTRK1/2/3, METexon14 Skipping ME		
□ EGFR T790M (TKI-Res.) □ STK11	-Mutation (Exon 1-9)	#####################################	
☐ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ ROS1 i	Rearrangement (2p23.2-p23.1)	Amplifikation	
	earrangement (10q11.21)	nplifikation ck (EGFR-Mutation, ALK-, ROS1-, RET-Rearrangement)	
Kolonkarzinom			
□ Kolon Assay: KRAS (Exon 2, 3, 4), NRAS (Exon 2,□ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4)□ PIK3CA		pairenzyme MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IHC)	
□ NRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) □ EGFR-	Amplifikation Mikrosat	elliteninstabilität-PCR	
		d Normalgewebe)	
The state of the s	Schilddrüsenkarzinom BRAF-Mutation (Exon 15)	Prostatakarzinom ☐ AmoyDx HANDLE HRR Panel*	Vertragsarztstempel / Unterschrift des Arztes
□ HER2-IHC □	RET-Rearrangement (10q11.21) PPARG-Rearrangement (3p25.2)	☐ BRCA1-, BRCA2- Mutation* ☐ ERG-Rearrangement (21q22.2)	Materialannahme
□ HER2 -Amplifikation □ bei Magen-,Ösophagus- Karzinom (IHC beifügen)	microRNA-Panel	□ Prolaris® -Test* gesonderten BGA beifügen	Erfassen
Malignes Melanom		ellkarzinom, Peritonealkarzinose	
□ BRAF-Mutation (Exon 15) □ Meland □ KIT-Mutation (Exon 9, 11, 13, 17) □ PD1-IH	IC TFE3-Rearrangen	nent (Xp11.23) PD1-IHC	Allgem. Labor
□ NRAS-Mutation (Exon 2, 3,4) □ PD-L1- □ GNA11-Mutation (Exon 5) Bestimmur	ng des	· ,	Mol. Auswertung
□ NF1-Mutation □ Merlin ⁻¹	™-Test* □ BRCA1-, BRCA2-		Pathologe
		ocus Panel*: BRCA1/2-Mutation + HRD-Status	
Pankreaskarzinom ☐ AmoyDx HANDLE HRR Panel*	Hirntumore IDH1/2-Mutation (
☐ BRCA1-, BRCA2- Mutation ☐ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4)	☐ MGMT-Methylieru ☐ MYCN- (N-Myc-)		Präparat-Nr. Einsender
□ NRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) □ DNA-Repairenzyme MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IH0		nepithelkarzinom	
☐ Mikrosatelliteninstabilität-PCR (Tumor- und Norm Entitätsunabhängig/-übergreifend	Komplexe NGS-Mutation	eanalyse	
□ NTRK1/2/3 Rearrangement	☐ AmoyDx HANDLE HRF	R Panel* 32 Gene*	
□ PD1-IHC Entität angeben □ PD-L1-IHC Entität angeben	AmoyDx HANDLE Classinkl. MSI-Status		
 □ DNA-Repairenzyme MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IH0 □ Mikrosatelliteninstabilität-PCR (Tumor- und Norm 			Fall No. MVZ Trian
☐ Gewebeidentität (Ausschluss einer Gewebeverv FFPE-Material oder Blut		•	Fall-Nr. MVZ Trier
Erläuterungen siehe Rückseite			
-madterdrigen siene Nuckselle	DITTE UNDERING	T ANK DELIZENI	┪ ┖
Befund per Fax	BITTE UNBEDINGT AMBULANT	STATIONÄR	
axnummer:	oder BELEGARZT	Regelleistung	
Telefon:	——— IGEL	oder arztl. Wahlleistung	
Ansprechpartner:			
- les a arrie su arra	Angabe Hybrid-Nr.:	<u></u>	
IVZ für Histologie, Zytologie und N		mbH Leistungserfassung	
legisternummer HRB 44346 · Amtsgericht Wittlich rztliche Leiter:	1	(vom Pathologen auszufüllen)	Eingangs-Datum (vom Pathologen auszufüllen)
rof. Dr. med. Torsten Hansen · PD Dr. med. habil. Di eschäftsführung:			(vom r autologen auszulullen)
rof. Dr. med. Bernd Klosterhalfen · Prof. Dr. med. Ve D Dr. med. habil. DiplMed. Mike Otto · Dr. rer. nat.	Petra Wandernoth (Sprecherin der Geschäf	tsführung)	
ax-Planck-Str. 17 · 54296 Trier · Postfach 2460 · 5	54214 Trier Email: mol@patho-trier.de	M T	FB - Anlage 27 2.28 BGA Tumordiagnostik Molekularpathologie

Erläuterungen

AmoyDx HANDLE Classic Panel DNA/RNA-basiert
DNA-Varianten: 34 Gene
AKT1, ALK, BRAF, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2 (HER2), ESR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, HRAS, IDH1, IDH2, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, NFE2L2, NRAS, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PIK3CA, POLE, PTEN, RB1, RET, RC91, STK11, TP53
Erhöhte DNA-Kopiezahl: 5 Gene
CDK4, ERBB2 (HER2), MET, MYC, NKX2-1
Fusionstranskripte: 10 Gene
ALK, FGFR1, FGFR2, FGFR3, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, RET, ROS1

AmoyDx HANDLE HRR Panel DNA-basiert
DNA-Varianten in 27 HRR-Genen (AR, ATM, ATR, BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDH1, CDK12, CHEK1, CHEK2, ESR1, FANCA, FANCL, HDAC2, HOXB13, MRE11, NBN, PALB2, PPP2R2A, PTEN, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD504L, STK11, L7P53) und 5 Hotspotregionen (BRAF, ERBB2 (HER2), KRAS, NRAS, PIK3CA)

Thermo Fisher Oncomine Focus Assay DNA/RNA-basiert

Hotspot-Mutationen: 35 Gene
AKT1, ALK, AR, BRAF, CDK4, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB (HER)2/3/4 ESR1, FGFR2/3, GNA11, GNAQ, HRAS, IDH1/2, JAK1/2/3, KIT, KRAS, MAP2K1/2, MET, MTOR, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1, SMO

Erhöhte DNA-Kopiezahl: 19 Gene

ALK, AR, BRAF, CCND1, CDK4/6, EGFR, ERBB2(HER2), FGFR1/2/3/4, KIT, KRAS, MET, MYC, MYCN, PDGFRA, PIK3CA

Fusionstranskripte: 23 Gene< ABL1, AKT3, ALK, AXL, BRAF, ERG, ETV1/4/5, EGFR, ERBB2, FGFR1/2/3, MET, NTRK1/2/3, PDGFRA, PPARG, RAF1, RET, ROS1

ThermoFisher Oncomine Comprehensive Assay v3 DNA/RNA basiert

Hotspot-Mutationen: 87 Gene
AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ARAF, AXL, BRAF, BTK, CBL, CCND1, CDK4, CDK6, CHEK2, CSF1R, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ERCC2, ESR1, EZH2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, FOXL2, GATA2, GNA11, GNAG, GNAS, HSF3A, HIST1H3B, HNF1A, HRAS, IDH1, DH2, JAK1, JAK2; JAK3, KDR, KIT, KNSTRN, KRAS, MAGOH, MAPZK1, MAPZK2, MAPZK4, MAPK1, MAX, MDM4, MED12, MET, MTOR, MYCN, MYDB8, NFE2L2, NRAS, NTRK1; NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3CB, PPPZR1A, PTPN11, RAC1, RAF1, RET, RHEB, RHOA, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO, SPOP, SRC, STAT3, TERT, TOP1, U2AF1, XPO1

Erhöhte DNA-Kopiezahl: 43 Gene

Ertöhte DNA-Kopiezahi: 43 Gene
AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, AXL, BRAF, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CDK2, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, ESR1, FGF19, FGF3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, IGF1R, KIT, KRAS, MDM2, MDM4, MET, MYC, MYCL, MYCN, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3CB, PPARG, RICTOR, TERT
Fusionstranskripte: 51 Gene
AKT2, ALK, AR, AXL, BRAF, BRCA1, BRCA2, CDKN2A, EGFR, ERBB2, ERBB4, ERG, ESR1, ETV1, ETV4, ETV5, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGR, FLT3, JAK2, KRAS, MDM4, MET, MYB, MYBL1, NF1, NOTCH1, NOTCH4, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PPARG, PRKACA, PRKACB, PTEN, RAD51B, RAF1, RB1, RELA, RET, ROS1, RSPO2, RSPO3, TERT
Komplett abgedeckte Gene: 48
ARID1A, ATM, ATR, ATRX, BAP1, BRCA1, BRCA2, CDK12, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CHEK1, CREBBP, FANCA, FANCD2, FANCI, FBXW7, MLH1, MRE11, MSH2, MSH6, NBN, NF1, NF2, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, PALB2, PIK3R1, PMS2, POLE, PTCH1, PTEN, RAD50, RAD51C, RAD51D, RAD51B, RB1, RNF43, SETD2, SLX4, SMARCB4, SMARCB4, STK11, TP53, TSC1

Merlin™-Test Bitte gesonderten Begutachtungsauftrag ausfüllen.

Der Merlin™-Test Bitte gesonderten Begutachtungsauftrag ausfüllen.

Der Merlin™-Test ist eine Genexpressionsanalyse zur Bestimmung des Metastasierungsrisikos und der Risikostratifizierung von Melanomen. Der Test wird am primären Tumorgewebe, dass für die Melanomdiagnose entnommen wurde, durchgeführt und kann in Einzelfällen abhängig vom Ergebnis die Sentinei-Lymphknoten-Biopsie ersetzen. Dabei wird eine Kombination aus klinisch-pathologischen Faktoren, wie Alter des Patienten, Breslow-Dicke und dem Genexpressionsprofil von 8 spezifischen Genen, welche an der Krebsmetastasierung und der Melanosomen-Biogenese beteiligt sind, verwendet. Der Test ist in einem CE-IVD-Kit verfügbar. IGEL-Leistung

Prolaris® -Test Bitte gesonderten Begutachtungsauftrag ausfüllen.

Der Prolaris® -Test trifft Aussagen zur Prognose, zur krankheitsspezifischen Mortalität und des Metastasierungsrisikos, und identifiziert Patienten, die einer aktiven Surveillance zugeführt werden können. Es wird das Expressionslevel von 10 Cell-Cycle Proliferation- und 6 "Housekeeping"- Genen bestimmt. Der Test ist in einem CE-IVD-Kit verfügbar.

UroVysion-Multicolor-FISH-Testsystem

Simultaner DNA-Hybridislerungstest zum Aneuploidienachweis der Chromosomen 3, 7 und 17 sowie der Region 9p21 bei Verdacht auf Harnblasenkarzinom. Sensitivität und Spezifität >90%

Melanom-Multicolor-FISH:

Simultaner DNA-Hybridisierungstest zur Kopiezahl-Bestimmung der Gene RREB1, MYB und CCND1 und Chromosom 6. Eine Untersuchung gilt als FISH-positiv für ein Melanom, wenn:

1. die mittlere Anzahl an CCND1-Signalen/Kern oder die mittlere Anzahl von MYB in Relation zu CEP6 ≥ 31% beträgt, oder

2. der prozentuale Verlust von MYB in Relation zu CEP6 ≥ 31% beträgt, oder

3. der prozentuale Anteil atypischer Zellkerne für RREB1 ≥ 63% beträgt

Die Senzifizit beträch (48% bei dener Senzifizitit von 92%).

Die Spezifität beträgt 94% bei einer Sensitivität von 92%.