

Begutachtungsauftrag Tumordiagnostik Molekularpathologie

Krankenkasse bzw. Kostenträger		
Name, Vorname des Versicherten		
geb.am		
Kassen-Nr.	Versicherten-Nr.	Status
Betriebsstätten-Nr.	Arzt-Nr.	Datum

☐ Kurativ	☐ Präventiv	☐ Behandl. gemäß §116 b SGB V	☐ bei belegärztl. Behandlung	Quartal
☐ Unfall	☐ Unfallfolgen	Datum der OP bei Leistungen nach Abschnitt 31.2		Geschlecht
Überweisung an				
☐ Ausführung von Auftragsleistungen	☐ Konsiliar-untersuchungen	☐ Mit-/Weiterbehandlung	AU bis	
☐ eingeschränkter Leistungsanspruch gemäß §16 Abs. 3a SGB V				



PATHOLOGIE TRIER

Histologie. Zytologie. Molekulare Diagnostik.

Diagnose/Verdachtsdiagnose - Fragestellung (histologische Diagnose in Kopie beilegen)



Lungenkarzinom ☐ Solid Tumor DNA+RNA Panel* basierend auf OncoDEEP Kit DNA + RNA- NGS Panel* inkl. EGFR, BRAF, KRAS, STK11, KEAP1, ALK, ROS1, MET, RET, NTRK1/2/3, METexon14 Skipping inkl. TMB, HRD-, MSI-Status ☐ Oncomine Focus Assay DNA/RNA-basiertes NGS Panel* inkl. EGFR, BRAF, KRAS, ALK, ROS1, MET, RET, NTRK1/2/3, METexon14 Skipping METexon14-Skipping ☐ EGFR-Mutation (Exon 18-21) ☐ KEAP1-Mutation (Exon 2-6) ☐ NTRK1/2/3 Rearrangement ☐ PD1-IHC ☐ EGFR T790M (TKI-Res.) ☐ STK11-Mutation (Exon 1-9) ☐ METexon14-Skipping ☐ PD-L1-IHC ☐ BRAF-Mutation (Exon 15) ☐ ALK- Rearrangement (2p23.2-p23.1) ☐ MET-Amplifikation ☐ HER2-IHC ☐ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ ROS1 Rearrangement (6q22.1) ☐ FGFR1-Amplifikation ☐ PIK3CA-Mutation (Exon 9, 20) ☐ RET Rearrangement (10q11.21) ☐ Fast Track (EGFR-Mutation, ALK-, ROS1-, RET-Rearrangement) ☐ HER2-Mutation (Exon 8,17-22) ☐ MAML2 Rearrangement (11q21)			
Kolonkarzinom ☐ Kolon Assay: KRAS NRAS BRAF, PIK3CA ☐ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ MLH1-Methylierung ☐ NRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ HER2-IHC ☐ BRAF-Mutation (Exon 15) ☐ DNA-Repairenzyme ☐ PIK3CA-Mutation (Exon 9, 20) ☐ MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IHC) ☐ EGFR-Amplifikation ☐ Mikrosatelliteninstabilität-PCR	Prostatakarzinom ☐ Solid Tumor DNA Panel* basierend auf OncoDEEP® Kit DNA NGS Panel: inkl. BRCA1/2-Mutation + HRD-Status ☐ BRCA1-, BRCA2- Mutation* ☐ ERG-Rearrangement (21q22.2) ☐ Prolaris®-Test*seperaten BGA beifügen		
Malignes Melanom ☐ BRAF-Mutation (Exon 15) ☐ Melanom-FISH* ☐ KIT-Mutation (Exon 9, 11, 13, 17) ☐ PD1-IHC ☐ NRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ PD-L1-IHC ☐ TERT-Mutation (Promoter) ☐ Bestimmung des ☐ GNA11-Mutation (Exon 5) ☐ Metastasierungsrisikos ☐ GNAQ-Mutation (Exon 5) ☐ Merlin™-Test* ☐ NF1-Mutation ☐ seperaten BGA beifügen	Pankreaskarzinom ☐ Solid Tumor DNA Panel* basierend auf OncoDEEP Kit DNA NGS Panel*: inkl. BRCA1/2-Mutation + HRD-Status ☐ BRCA1-, BRCA2- Mutation ☐ KRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ NRAS-Mutation (Exon 2, 3, 4) ☐ DNA-Repairenzyme MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IHC) ☐ Mikrosatelliteninstabilität-PCR (Tumor- und Normalgewebe)		
Urothel-, Nierenzellkarzinom, Peritonealkarzinose ☐ UroVysion-FISH* ☐ PD-L1-IHC ☐ TFE3-Rearrangement (Xp11.23) ☐ PD1-IHC ☐ FGFR3-Rearrangement (4p16.3) ☐ FOLR1-IHC ☐ FGFR3-Mutation ☐ MET-Mutation (Exon 16-19) (Tumor- und Normalgewebe) ☐ BRCA1-, BRCA2- Mutation ☐ Solid Tumor DNA + RNA Panel* basierend auf OncoDEEP Kit DNA + RNA NGS Panel*: inkl. BRCA1/2-Mutation, HRD Status	Cholangiozelluläres Karzinom (CCC) ☐ Solid Tumor DNA+RNA* Panel basierend auf OncoDEEP Kit DNA+RNA NGS Panel* ☐ FGFR2-Rearrangement (4p16.3) ☐ IDH1-Mutation (Exon 4) ☐ NTRK1/2/3 Rearrangement - ☐ Mikrosatelliteninstabilität-PCR (Tumor- + Normalgewebe) ☐ BRAF-Mutation (Exon 15) ☐ HER2-IHC		
Schilddrüsenkarzinom ☐ BRAF-Mutation (Exon 15) ☐ RET-Rearrangement (10q11.21) ☐ PPARG-Rearrangement (3p25.2) ☐ microRNA-Panel	Hirntumore ☐ IDH1/2-Mutation (Exon 4) ☐ MGMT-Methylierung ☐ MYCN- (N-Myc-) Amplifikation ☐ 1p/19q-Deletion ☐ EGFR-Amplifikation	Gastrointestinale Tumoren ☐ KIT-Mutation (Exon 9, 11, 14, 13, 17) ☐ PDGFRA-Mutation (Exon 12, 18) ☐ HER2-IHC ☐ HER2-Amplifikation (IHC beifügen)	Kopf-Hals-Plattenepithelkarzinom ☐ HPV-PCR
Komplexe NGS-Mutationsanalyse ☐ Oncomine Focus Assay 52 Gene* ☐ Oncomine Comprehensive Assay v3 161 Gene* ☐ OncoDEEP Kit Panel 628 Gene* inkl. TMB, HRD-, MSI-Status		Entitätsunabhängig/-übergreifend ☐ NTRK1/2/3 Rearrangement ☐ PD1-IHC Entität angeben _____ ☐ PD-L1-IHC Entität angeben _____ ☐ DNA-Repairenzyme MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (IHC) ☐ Mikrosatelliteninstabilität-PCR (Tumor- und Normalgewebe) ☐ Gewebeidentität (Ausschluss einer Gewebeverwechslung) FFPE / Blut	

*Erläuterungen siehe Rückseite

Befund per Fax ☐	BITTE UNBEDINGT ANKREUZEN!
Faxnummer: _____	AMBULANT ☐ STATIONÄR ☐
Telefon: _____	oder BELEGARZT ☐ Regelleistung ☐
Ansprechpartner: _____	oder IGEL ☐ ärztl. Walleistung ☐
	Hybrid DRG ☐
	Angabe Hybrid-Nr.: _____

MVZ für Histologie, Zytologie und Molekulare Diagnostik Trier GmbH Registernummer HRB 44346 · Amtsgericht Wittlich Ärztliche Leiter: Prof. Dr. med. Torsten Hansen · PD Dr. med. habil. Dipl.-Med. Mike Otto Geschäftsführung: Prof. Dr. med. Bernd Klosterhalfen · Prof. Dr. med. Veit Krenn · Prof. Dr. med. Dr. phil. Jörg Kriegsmann PD Dr. med. habil. Dipl.-Med. Mike Otto · Dr. rer. nat. Petra Wandernoth (Sprecherin der Geschäftsführung) Max-Planck-Str. 17 · 54296 Trier · Postfach 2460 · 54214 Trier Tel.: 0651 / 948 714 000 · Fax: 0651 / 948 714 098 · Email: mol@patho-trier.de Hotline für Transportdienstleistungen: 0800 / 1110012	Leistungserfassung (vom Pathologen auszufüllen) M ☐ T ☐
---	--

Vertragsarztstempel / Unterschrift des Arztes

Materialannahme	
Erfassen	
Allgem. Labor	
Mol. Auswertung	
Pathologe	

Präparat-Nr. Einsender

Fall-Nr. MVZ Trier

Eingangs-Datum
(vom Pathologen auszufüllen)

Erläuterungen

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, GNAQ, GNAS, H3F3A, HIST1H3B, HNF1A, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KDR, KIT, KNSTRN, KRAS, MAGOH, MAP2K1, MAP2K2, MAP2K4, MAPK1, MAX, MDM4, MED12, MET, MTOR, MYC, MYCN, MYD88, NFE2L2, NRAS, NTRK1; NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3CB, PPP2R1A, PTPN11, RAC1, RAF1, RET, RHEB, RHOA, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO, SPOP, SRC, STAT3, TERT, TOP1, U2AF1, XPO1

Erhöhte DNA-Kopiezahl: 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, RSP02, RSP03, 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, RAD51, RAD51C, RAD51D, RAD51B, RB1, RNF43, SETD2, SLX4, SMARCA4, SMARCB1, STK11, TP53, TSC1, TSC2

OncoDEEP® Kit DNA/RNA basiert:
DNA-Varianten: 628 Gene
ABL1, ABL2, ACVR1, ACVR1B, ADARB2*, AGO1, AGO2, AJUBA, AKT1, AKT2, AKT3, ALB, ALK, ALOX12B, AMER1, ANKRD11, ANKRD26, APC, APLNR, AR, ARAF, ARFRP1, ARHGAP35, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, ASXL1, ASXL2, ATM, ATR, ATRX, ATXN7, AURKA, AURKB, AXIN1, AXIN2, AXL, B2M, BABAM1, BAP1, BARD1, BBC3, BCL10, BCL2, BCL2L1, BCL2L2, BCL6, BCOR, BCORL1, BCR, BIRC3, BLM, BMPR1A, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRD4, BRIP1, BTG1, BTG2, BTK, C11orf30, CALR, CARD11, CARM1, CASP8, CBFB, CBL, CCNB3, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CD276, CD70, CD74, CD79A, CD79B, CDC42, CDC73, CDH1, CDH4*, CDK12, CDK4, CDK6, CDK7, CDK8, CDKN1A, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CDKN2C, CEBPA, CENPA, CHD2, CHD4, CHEK1, CHEK2, CIC, CMTR2, CNTN4*, CREBBP, CRKL, CRLF2, CSDE1, CSF1R, CSF3R, CSNK1A1, CTCF, CTLLA4, CTNNA1, CTNNB1, CTR9, CUL3, CUL4A, CUX1, CXCR4, CYLD, CYP17A1, CYP19A1, CYP2C19, CYP2D6, CYSLTR2, DAXX, DCUN1D1, DDR1, DDR2, DDH41, DHX15, DICER1, DIS3, DNAJB1, DNMT1, DNMT3A, DNMT3B, DOT1L, DPYD, DROSHA, DUSP4, E2F3, EED, EGF17, EGFR, EIF1AX, EIF4A2, EIF4E, ELF3, EML4, EP300, EPAS1, EPCAM, EPHA3, EPHA5, EPHA7, EPHB1, EPHB4, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, ERF, ERG, ERF1, ESR1, ETAA1, ETS1, ETV1, ETV4, ETV5, ETV6, EWSR1, EZH1, EZH2, EZR, FAM175A, FAM46C, FAM58A, FANCA, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FAS, FAT1, FBXW7, FGF1, FGF10, FGF12, FGF14, FGF19, FGF2, FGF23, FGF3, FGF4, FGF5, FGF6, FGF7, FGF8, FGF9, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FH, FLCN, FLI1, FLT1, FLT3, FLT4, FOXA1, FOXF1, FOXL2, FOXO1, FOXP1, FRS2, FUBP1, FYN, GAB1, GAB2, GABRA6, GATA1, GATA2, GATA3, GATA4, GATA6, GEN1, GID4, GLI1, GNA11, GNA13, GNAQ, GNAS, GNB1, GPR124, GPS2, GREM1, GRIN2A, GRM3, GSK3B, H3F3A, H3F3B, H3F3C, HDAC1, HGF, HIST1H1C, HIST1H2BD, HIST1H3A, HIST1H3B, HIST1H3C, HIST1H3D, HIST1H3E, HIST1H3F, HIST1H3G, HIST1H3H, HIST1H3I, HIST1H3J, HIST1H3K, HIST2H3A, HIST2H3C, HIST2H3D, HIST3H3, HLA-A, HLA-B, HLA-C, HNF1A, HNRNP, HOXB13, HRAS, HSD3B1, HSP90AA1, ICOSLG, ID3, IDH1, IDH2, IFNGR1, IGF1, IGF1R, IGF2, IKBKE, IKZF1, IL10, IL7R, INHA, INHBA, INPP4A, INPP4B, INPPL1, INSR, IRF2, IRF4, IRS1, IRS2, JAK1, JAK2, JAK3, JUN, KAT6A, KBTBD4, KDM5A, KDM5C, KDM6A, KDR, KEAP1, KEL, KIF5B, KIT, KLF4, KLF5, KLHL6, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, KNSTRN, KRAS, LAMP1, LATS1, LATS2, LMO1, LRP1B, LTK, LYN, LZTR1, MAD2L2, MAGI2, MALT1, MAP2K1, MAP2K2, MAP2K4, MAP3K1, MAP3K13, MAP3K14, MAP3K4, MAPK1, MAPK3, MAPKAP1, MAX, MCL1, MDC1, MDM2, MDM4, MED12, MEF2B, MEN1, MET, MGA, MITF, MLH1, MLLT1, MLLT3, MPL, MRE11A, MSH2, MSH3, MSH6, MSI1, MSI2, MST1, MST1R, MTAP, MTOR, MUTYH, MYB, MYC, MYCL, MYCN, MYD88, MYO1D, NAB2, NADK, NBN, NCOA3, NCOR1, NEGR1, NF1, NF2, NFE2L2, NFKBIA, NKX2-1, NKX3-1, NOTCH2, NOTCH3, NOTCH4, NPM1, NRAS, NRG1, NSD1, NTS2C2, NTHL1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUF2, NUP93, NUTM1, OPCML*, P2RY8, PAK1, PAK3, PAK7, PALB2, PAR2, PARP1, PARP2, PARP3, PAX3, PAX5, PAX7, PAX8, PBRM1, PD-1, PDGFRA, PDGFRB, PDK1, PD-L1, PD-L2, PDPK1, PGBD5, PGR, PHF6, PHOX2B, PIGA, PIK3C2B, PIK3C2G, PIK3C3, PIK3CA, PIK3CB, PIK3CD, PIK3CG, PIK3R1, PIK3R2, PIK3R3, PIM1, PLCG2, PLK2, PMAIP1, PMS1, PMS2, PNKC1, POLD1, POLE, POT1, PPARG, PPM1D, PPP2R1A, PPP2R2A, PPP4R2, PPP6C, PRDM1, PRDM14, PREX2, PRKARIA, PRKCI, PRKID1, PRKDC, PRSS8, PTCH1, PTEN, PTPA1, PTPN11, PTPRD, PTPRN2*, PTPRS, PTPRT, QKI, RAB35, RAC1, RAC2, RAD21, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD52, RAD54L, RAF1, RANBP2, RARA, RASA1, RB1, RBM10, RECOLL, RECOL4, REL, REST, RET, RFWD2, RHEB, RHOA, RICTOR, RIT1, RNF43, ROS1, RPS6KA4, RPS6KB1, RPS6KB2, RPTOR, RRAGC, RRAS, RRS2, RSP02, RTE1, RUNX1, RUNX1T1, RXRA, RYBP, SCG5, SDCA, SDHA, SDHA2, SDHB, SDHC, SDHD, SERPINB3, SERPINB4, SESN1, SESN2, SESN3, SETBP1, SETD2, SETD8, SETDB1, SF3B1, SGK1, SH2B3, SH2D1A, SHOC2, SHQ1, SLC34A2, SLFN11, SLIT2, SLX4, SMAD2, SMAD3, SMAD4, SMARCA2, SMARCA4, SMARCB1, SMARCD1, SMARCE1, SMC1A, SMC3, SMO, SMYD3, SNCAIP, SNTG2*, SOCS1, SOS1, SOX10, SOX17, SOX2, SOX9, SPEN, SPON, SPRED1, SPRTN, SPTA1, SRC, SRSF2, STAG1, STAG2, STAT3, STAT4, STAT5A, STAT5B, STK11, STK19, STK40, SUFU, SUZ12, SYK, TAF1, TAP1, TAP2, TBX3, TCEB1, TCF3, TCF7L2, TEK, TERT, TET1, TET2, TFE3, TFRF, TGFBR1, TGFBR2, TPIARP, TMEM127, TMPPRSS2, TNFAIP3, TNFRSF14, TOP1, TOP2A, TP53, TP53BP1, TP63, TPMT, TRAF2, TRAF7, TRIP13, TSC1, TSC2, TSHR, TYRO3, U2AF1, UGT1A1, UPF1, USP8, VEGFA, VHL, VTCN1, WHSC1, WHSC1L1, WISP3, WT1, WWTR1, XIAP, XPO1, XRCC2, YAP1, YES1, ZBTB2, ZBTB7A, ZFXH3, ZNF217, ZNF703, ZNRF3, ZRSR

*nur SNPs in hauptsächlich intronischen Regionen abgedeckt zur LOH- und CNV-Berechnung

Fusionstranskripte: 13 Gene
ALK, BRAF, FGFR1, FGFR2, FGFR3, EWSR1, NRG1, NTRK1, NTRK, 2, NTRK3, RET, ROS1, TMPPRSS2

Abnorme Spliceergeinisse: 9 Gene
AR, BRCA1, BRCA2, EGFR, ERBB2, MET, PALB2, PTEN, RB1

Pharmakogenetik: Hotspots in 4 Genen
CYP2D6, DPYD, TPMT, UGT1A1

MSI-Status: >1164 Marker inkl.BAT25, BAT26, D2S123, NR-21, NR-27

Solid Tumor Panel DNA + RNA basierend auf **OncoDEEP® Kit DNA+RNA NGS Panel:**
Das OncoDeep® Panel (OncoDNA) umfasst grundsätzlich die volllexonische Analyse von 628 Genen. Aufgrund der spezifischen klinischen Fragestellung werden in diesem Panel ausschließlich **111** tumorrelevante Gene analysiert, die zusammengefasst als Solid Tumor Panel bezeichnet werden. Analyse inkl. **TMB, HRD-, MSI-Status.**

Genliste DNA-Analyse:
AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ATM, ATR, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, BARD1, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CCND1, CCND2, CCND3, CDH1, CDK12, CDK4, CDKN2A, CHEK1, CHEK2, CTCF, CTNNB1, DDR2, DICER1, DPYD, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FBXW7, FANCA, FANCL, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FOXL2, GNA11, GNAQ, GNAS, H3F3A, HDAC2, HIST1H3B, HOXB13, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MRE11A, MTOR, MYC, MYCN, MYO1D, NBN, NF1, NF2, NFE2L2, NKX2-1, NRAS, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3C2B, PIK3C2G, PIK3C3, PIK3CA, PIK3CB, PIK3CD, PIK3CG, PIK3R1, PIK3R2, PIK3R3, POLD1, POLE, PPP2R1A, PPP2R2A, PTEN, PTPN11, RAC1, RAD51B, RAD51C, RAD54L, RAF1, RB1, RET, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO, STK11, TERT, TP53

Genliste RNA-Analyse:
Fusionstranskripte:
ALK, BRAF, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, RET, ROS1, TMPPRSS2
Unusual Splicing events:
AR, BRCA1, BRCA2, EGFR, ERBB2, MET, PALB2, PTEN, RB1

Solid Tumor Panel DNA basierend auf **OncoDEEP® Kit DNA NGS Panel:**
Das OncoDeep® Panel (OncoDNA) umfasst grundsätzlich die volllexonische Analyse von 628 Genen. Aufgrund der spezifischen klinischen Fragestellung werden in diesem Panel ausschließlich **109** tumorrelevante Gene analysiert, die zusammengefasst als Solid Tumor Panel bezeichnet werden. Analyse inkl. **TMB, HRD-, MSI-Status.**

Genliste DNA-Analyse:
AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ATM, ATR, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, BARD1, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CCND1, CCND2, CCND3, CDH1, CDK12, CDK4, CDKN2A, CHEK1, CHEK2, CTCF, CTNNB1, DDR2, DICER1, DPYD, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FBXW7, FANCA, FANCL, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FOXL2, GNA11, GNAQ, GNAS, H3F3A, HDAC2, HIST1H3B, HOXB13, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MRE11A, MTOR, MYC, MYCN, MYO1D, NBN, NF1, NF2, NFE2L2, NKX2-1, NRAS, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3C2B, PIK3C2G, PIK3C3, PIK3CA, PIK3CB, PIK3CD, PIK3CG, PIK3R1, PIK3R2, PIK3R3, POLD1, POLE, PPP2R1A, PPP2R2A, PTEN, PTPN11, RAC1, RAD51B, RAD51C, RAD54L, RAF1, RB1, RET, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO, STK11, TERT, TP53

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 Sentinel-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-Hybridisierungstest 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-Signalen/Kern $\geq 2,5$ beträgt, oder
2. der prozentuale Verlust von MYB in Relation zu CEP6 $\geq 31\%$ beträgt, oder
3. der prozentuale Anteil atypischer Zellkerne für RREB1 $\geq 63\%$ beträgt

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