



**Leistungsspektrum  
Molekularpathologische Diagnostik ZNS Tumoren**

Wir bieten ein breites Spektrum an molekularpathologischen Untersuchungen und Analyten an, die zum einen für eine Diagnostik gemäß WHO Klassifikation von ZNS Tumoren 2016 erforderlich sind und zum anderen relevante Informationen zur individuellen Prognose und Ansprechen auf bestimmte Therapieformen liefern.

<b>Analyt</b>	<b>Methodik</b>	<b>Benötigtes Material</b>
<i>Mutationsanalysen</i>		
<i>IDH1</i> Mutation (Codon 132)	DNA-Pyrosequenzierung; R132H-spezifische Immunhistochemie	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>IDH2</i> Mutation (Codon 172)	DNA-Pyrosequenzierung	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>TERT</i> Promotormutation (c.250 und 228)	DNA-Pyrosequenzierung	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>BRAF</i> V600-Mutation	DNA-Pyrosequenzierung	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>H3F3A</i> Mutation (Codon 27 und 34)	DNA-Pyrosequenzierung; K27M-spezifische Immunhistochemie	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>ATRX</i> Mutation	<i>ATRX</i> Immunhistochemie (nukleärer Expressionsverlust als Surrogat-Marker)	Tumorgewebe (FFPE)
<i>INI1/SMARCB1</i> Mutation	<i>INI1/BAF47</i> Immunhistochemie (nukleärer Expressionsverlust als Surrogat-Marker)	Tumorgewebe (FFPE)
<i>Methylierungsanalysen</i>		
<i>MGMT</i> Promotormethylierung (CpGs 74-78)	Bisulfit-DNA-Pyrosequenzierung	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>Allel-Verlustanalysen</i>		
1p/19q Kodeletion (10 Marker)	Mikrosatelliten-PCR und Fragmentlängenanalyse	Tumorgewebe (FFPE oder nativ) und EDTA-Blut
<i>Genfusionen</i>		
<i>BRAF-KIAA 1549</i> Fusion	RT-PCR (häufigste 3 Transkripte); Fusionspanel-NGS	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>RELA-C11orf95</i> Fusion	Fusionspanel-NGS; L1CAM und NFκB(p65)-Immunhistochemie (Expression als Surrogat-Marker)	Tumorgewebe (FFPE oder nativ)
<i>NAB2-STAT6</i> Fusion	STAT6 Immunhistochemie (nukleäre Expression als Surrogat-Marker)	Tumorgewebe (FFPE)

Stand: August 2019