

Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung - Hämatopathologie		
Patientendaten: Datum:	Einsender (Praxis/Klinik/Arzt):	
Name:	<i>Eingangsnummer Tübingen Barcode</i>	
Vorname:		
Geb.-Dat.:		
Untersuchungsmaterial:		
<input type="radio"/> FFPE-Gew. Blocknr:	<input type="radio"/> Blut	
<input type="radio"/> Sonstiges:	<input type="radio"/> Liquor	
Diagnose:	Rechnungsadresse:	Adresse angeben:
Sonst. Befundempfänger oder Bemerkungen:	<input type="radio"/> Rechnung an Einsender	<input type="radio"/> Privat-Pat.
	<input type="radio"/> KV-Patient Ü-Schein liegt bei	<input type="radio"/> anfordernde Klinik

Hämatopathologische Diagnostik	
Klonalitätsanalysen- Fragmenanalyse/GeneScan	
<input type="checkbox"/>	B-Zell-Klonalitätsanalyse (BIOMED2)
<input type="checkbox"/>	T-Zell-Klonalitätsanalyse (γ , β , δ)
Klonalitätsanalysen – Next Generation Sequencing	
<input type="checkbox"/>	Oncomine BCR Pan-Clonality Assay
<input type="checkbox"/>	Oncomine TCR Pan-Clonality Assay (TRB, TRG, FR3-J)
<input type="checkbox"/>	CLL IGHV Mutationsstatus
Panelanalysen Next Generation Sequencing	
<input type="checkbox"/>	MPN und MDS/MPN Panel (MPN + atyp. MPN + MDS/MPN) Hotspotregionen in 12 Genen: <i>JAK2</i> Kodon 617, <i>JAK2</i> Ex12, <i>KIT</i> Kodon 816, <i>CALR</i> , <i>MPL</i> , <i>SF3B1</i> , <i>CSF3R</i> , <i>SRSF2</i> , <i>SETBP1</i> , <i>IDH2</i> , <i>U2AF1</i> , <i>CBL</i> , <i>ETNK1</i>
<input type="checkbox"/>	Großes myeloisches Panel DNA und RNA (MDS, MDS/MPN und MPN) – Blut, Knochenmark und FFPE Material Mutationen in 40 Genen (Hotspot-Reg. in <i>ABL1</i> , <i>BRAF</i> , <i>CBL</i> , <i>CSF3R</i> , <i>DNMT3A</i> , <i>FLT3</i> , <i>GATA2</i> , <i>HRAS</i> , <i>IDH1</i> , <i>IDH2</i> , <i>JAK2</i> , <i>KIT</i> , <i>KRAS</i> , <i>MPL</i> , <i>MYD88</i> , <i>NPM1</i> , <i>NRAS</i> , <i>PTPN1</i> , <i>SETBP1</i> , <i>SF3B1</i> , <i>SRSF2</i> , <i>U2AF1</i> , <i>WT1</i> ; komplette kod. Seq. <i>ASXL1</i> , <i>BCOR</i> , <i>CALR</i> , <i>CEBPA</i> , <i>ETV6</i> , <i>EZH2</i> , <i>IKZF1</i> , <i>NF1</i> , <i>PHF6</i> , <i>PRPF8</i> , <i>RB1</i> , <i>RUNX1</i> , <i>SH2B3</i> , <i>STAG2</i> , <i>TET2</i> , <i>TP53</i> , <i>ZRSR2</i>), 29 Fusionsgene (<i>ABL1</i> , <i>ALK</i> , <i>BCL2</i> , <i>BRAF</i> , <i>CCND1</i> , <i>CREBBP</i> , <i>EGFR</i> , <i>ETV6</i> , <i>FGFR1</i> , <i>FGFR2</i> , <i>FUS</i> , <i>HMGA2</i> , <i>JAK2</i> , <i>KMT2A</i> , <i>MLL</i> , <i>MECOM</i> , <i>MET</i> , <i>MLLT10</i> , <i>MLLT3</i> , <i>MYBL1</i> , <i>MYH11</i> , <i>NTRK3</i> , <i>NUP214</i> , <i>PDGFRA</i> , <i>PDGFRB</i> , <i>RARA</i> , <i>RBM15</i> , <i>RUNX1</i> , <i>TCF3</i> , <i>TFE3</i>)
<input type="checkbox"/>	Großes Lymphom Panel (hauptsächl. B-Zell-Lymphome) Mutationen in 78 Genen (Hotspot-Regionen <i>ALK</i> , <i>ARAF</i> , <i>BRAF</i> , <i>BTK</i> , <i>CARD11</i> , <i>CBL</i> , <i>CCND1</i> , <i>CD79B</i> , <i>DDR2</i> , <i>GATA2</i> , <i>H3C2 (HIST1H3B)</i> , <i>IKBKB</i> , <i>KRAS</i> , <i>MAP2K1</i> , <i>MTOR</i> , <i>MYD88 (Exon 5 L265P; Exon 3 nicht vollständig)</i> , <i>PAX5</i> , <i>RHOA</i> , <i>SF3B1</i> , <i>STAT3</i> , <i>STAT5B</i> , <i>XPO1</i> ; komplette kod. Seq. <i>ARID1A</i> , <i>ARID1B</i> , <i>ATM</i> , <i>B2M</i> , <i>BCL2</i> , <i>BCL6</i> , <i>BCL10</i> , <i>BCL11A</i> , <i>BIRC3</i> , <i>BTG1</i> , <i>BTG2</i> , <i>CCR4</i> , <i>CD28</i> , <i>CD70</i> , <i>CD79A</i> , <i>CDKN2A</i> , <i>CREBBP</i> , <i>CHD2</i> , <i>CXCR4</i> , <i>EP300</i> , <i>ETV6</i> , <i>EZH2</i> , <i>FAS</i> , <i>FBXW7</i> , <i>GNA13</i> , <i>H1-4 (HIST1H1E)</i> , <i>HLA-B</i> , <i>ID3</i> , <i>IRF4</i> , <i>JAK2</i> , <i>JAK3</i> , <i>KLF2</i> , <i>KMT2D</i> , <i>MEF2B</i> , <i>MYC</i> , <i>NFKBIA</i> , <i>NOTCH1</i> , <i>NOTCH2</i> , <i>PIM1</i> , <i>PLCG2</i> , <i>POT1</i> , <i>PRDM1</i> , <i>REL</i> , <i>SGK1</i> , <i>SMARCA4</i> , <i>SOCS1</i> , <i>SPEN</i> , <i>STAT6</i> , <i>TCF3</i> , <i>TERC</i> , <i>TET2</i> , <i>TMSB4X</i> , <i>TNFAIP3</i> , <i>TNFRSF14</i> , <i>TP53</i> , <i>TRAF3</i>)
<input type="checkbox"/>	T-Zell-Lymphom Panel Mutationen in 29 Genen (Hotspot-Reg. <i>RHOA</i> , <i>IDH2</i> , <i>PRKCB</i> , <i>STAT3</i> , <i>STAT5B</i> ; komplette kod. Seq. <i>ATM</i> , <i>BCOR</i> , <i>CARD11</i> , <i>CCR4</i> , <i>CD28</i> , <i>CTNNB1</i> , <i>DDX3X</i> , <i>DNMT3A</i> , <i>FYN</i> , <i>IRF4</i> , <i>JAK1</i> , <i>JAK3</i> , <i>KMT2D</i> , <i>PIK3CD</i> , <i>PLCG1</i> , <i>SETD2</i> , <i>TET2</i> , <i>TNFRSF1B</i> , <i>TP53</i> , <i>VAV1</i> , <i>CD58</i> , <i>GNA13</i> , <i>PTPN1</i> , <i>TNFAIP3</i>)
<input type="checkbox"/>	Leukämie Panel Mutationen in 39 Genen (komplette kod. Seq. <i>ASXL1</i> , <i>ASXL2</i> , <i>BCOR</i> , <i>BCORL1</i> , <i>CBL</i> , <i>CEBPA</i> , <i>CSF3R</i> , <i>DDX41</i> , <i>DNMT3A</i> , <i>ETV6</i> , <i>EZH2</i> , <i>KIT</i> , <i>KMT2D</i> , <i>KRAS</i> , <i>NF1</i> , <i>NPM1</i> , <i>NRAS</i> , <i>PHF6</i> , <i>PTPN11</i> , <i>RAD21</i> , <i>RUNX1</i> , <i>SRSF2</i> , <i>STAG2</i> , <i>TET2</i> , <i>TP53</i> , <i>U2AF1</i> , <i>WT1</i> , <i>ZRSR2</i> , <i>SETBP1</i> , <i>EP300</i> , <i>PRPF8</i> , <i>CSNK1A1</i> , <i>EIF6</i> Hotspot-Reg. In <i>SRCAP</i> , <i>CTCF</i> , <i>SUZ12</i> , <i>SRSF2</i> , <i>GATA1</i> , <i>SMC1A</i>)
<input type="checkbox"/>	NK/T-Zell-Lymphome Mutationen in 12 Genen (Hotspot-Regionen <i>STAT3</i> , <i>STAT5B</i> ; komplette kod. Seq. <i>ARID1A</i> , <i>BCOR</i> , <i>DDX3X</i> , <i>DMXL2</i> , <i>JAK3</i> , <i>MGA</i> , <i>MSN</i> , <i>NRAS</i> , <i>PRDM1</i> , <i>TP53</i>)
<input type="checkbox"/>	TP53
<input type="checkbox"/>	UBA1 (VEXAS-Syndrom)

Einzelanalysen	
NHL	
	ALK (FISH)
	MYD88 und CXCR4 Mutationsanalyse (LPL, Seq.)
	MYD88 Mut.analyse Kodon 265 (versch. B-NHL; Seq.)
	RHOA Mutationsanalyse (AILT; Seq.)
	IDH2 Mutationsanalyse (AILT, Seq.)
	CD28 Mutationsanalyse (AILT, Seq.)
	EZH2 Mutationsanalyse (FL, Seq.)
	BRAF Mut.analyse Kodon 600 (Haarzell-Leukämie)
	CCND1/2/3 Quantifizierung (Mantelzell-Lymph.; RT-qPCR)
	BCL2::IGH Translokation (Follikul. Lymph.; PCR od. FISH)
	CCND1::IGH Translokation (Mantelz.-Lymph.; FISH)
	NPM::ALK1 Translokation (ALCL; FISH)
	MYC::IGH Translokation (Burkitt-Lymphom; FISH)
	MYC Translokation (B-NHL; FISH)
	MALT1 Translokation (MALT-Lymphom; FISH)
	BCL6 Translokation (B-NHL; FISH)
Myeloproliferative Erkrankungen + MDS/MPN	
	JAK2 Mutationsanalyse Kodon 617 (MPN)
	JAK2 Mutationsanalyse Exon 12 (PV)
	CALR Mutationsanalyse (ET und MF)
	KIT Mutationsanalyse Kodon 816 (Mastozytose)
	BRAF MAP2K1 Mut.analyse (Histiozytose)
	MPL Mutationsanalyse (PMF und ET)
	BCR/ABL Translokation (CML; FISH od. RT-PCR)
	PDGFRA Translokation (Chron. eosinoph. Leukämie; FISH)
	JAK2 (FISH)
Sonstiges auf Anfrage:	

Prädiktive Marker für zielgerichtete Therapien