

Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung - Hämatopathologie

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

Hämatopathologische Diagnostik	
Klonalitätsanalysen- Fragmentanalyse/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>MLL2</i> , <i>MLL3</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</i> (<i>HIST1H3B</i>), <i>IKBKB</i> , <i>KRAS</i> , <i>MAP2K1</i> , <i>MTOR</i> , <i>MYD88</i> (Exon 5 L265P; Exon 3 nicht vollständig), <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</i> (<i>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>CTNNA1</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"/>	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)
Sonstiges auf Anfrage:	
Einzelanalysen	
NHL	
<input type="checkbox"/>	ALK (FISH)
<input type="checkbox"/>	MYD88 und CXCR4 Mutationsanalyse (LPL, Seq.)
<input type="checkbox"/>	MYD88 Mut.analyse Kodon 265 (versch. B-NHL; Seq.)
<input type="checkbox"/>	RHOA Mutationsanalyse (AILT; Seq.)
<input type="checkbox"/>	IDH2 Mutationsanalyse (AILT, Seq.)
<input type="checkbox"/>	CD28 Mutationsanalyse (AILT, Seq.)
<input type="checkbox"/>	EZH2 Mutationsanalyse (FL, Seq.)
<input type="checkbox"/>	BRAF Mut.analyse Kodon 600 (Haarzell-Leukämie)
<input type="checkbox"/>	CCND1/2/3 Quantifizierung (Mantelzell-Lymph.; RT-qPCR)
<input type="checkbox"/>	BCL2::IGH Translokation (Follikul. Lymph.; PCR od. FISH)
<input type="checkbox"/>	CCND1::IGH Translokation (Mantelz.-Lymph.; FISH)
<input type="checkbox"/>	NPM::ALK1 Translokation (ALCL; FISH)
<input type="checkbox"/>	MYC::IGH Translokation (Burkitt-Lymphom; FISH)
<input type="checkbox"/>	MYC Translokation (B-NHL; FISH)
<input type="checkbox"/>	MALT1 Translokation (MALT-Lymphom; FISH)
<input type="checkbox"/>	BCL6 Translokation (B-NHL; FISH)
Myeloproliferative Erkrankungen + MDS/MPN	
<input type="checkbox"/>	JAK2 Mutationsanalyse Kodon 617 (MPN)
<input type="checkbox"/>	JAK2 Mutationsanalyse Exon 12 (PV)
<input type="checkbox"/>	CALR Mutationsanalyse (ET und MF)
<input type="checkbox"/>	KIT Mutationsanalyse Kodon 816 (Mastozytose)
<input type="checkbox"/>	BRAF MAP2K1 Mut.analyse (Histiozytose)
<input type="checkbox"/>	MPL Mutationsanalyse (PMF und ET)
<input type="checkbox"/>	BCR/ABL Translokation (CML; FISH od. RT-PCR)
<input type="checkbox"/>	PDGFRA Translokation (Chron. eosinoph. Leukämie; FISH)
<input type="checkbox"/>	JAK2 (FISH)

Prädiktive Marker für zielgerichtete Therapien