



Bitte senden Sie das Formular ausgefüllt an:
Nachforderungen-Pathologie@med.uni-tuebingen.de

Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung

Patientendaten: Datum:		Einsender (Praxis/Klinik/Arzt):	Eingangsnummer Tübingen Barcode
Name:			
Vorname:			
Geb.-Dat.:			
Blocknr:			
Für UKT Anforderungen: Ja: ☐ V07 oder ☐ V09 „Broad Consent“			
Einwilligung liegt vor: ☐ nein			
Diagnose:		Rechnungsadresse: Adresse angeben: ☐ Privat-Pat. ☐ anfordernde Klinik	
Sonst. Befundempfänger oder Bemerkungen:		☐ Rechnung an Einsender ☐ KV-Patient ☐ Ü-Schein liegt bei	

Genetische Veränderungen solider Tumoren

Kolonkarzinom

☐	RAS Mutation (v.a. Kolorekt. CA; KRAS und NRAS Exon 2, 3, 4) (NGS)
☐	PIK3CA Mut. (NGS)
☐	BRAF (Kodon 600) (NGS)
NSCLC (Partner des nNGM)	
☐	EGFR Mutation (Exon 18, 19, 20, 21) (NGS)
☐	EGFR Amplifikation (FISH)
☐	EML4-ALK (NGS)
☐	BRAF Exon 11 und 15 (NGS)
☐	ROS1-Translokation (NGS)
☐	MET Amplifikation (FISH) ☐ MET Ex14 Skipping (NGS)
☐	RET Rearrangements (NGS)
☐	NTRK Fusionen (NGS)
☐	EGFR Resistenztestung (NGS)
☐	☐ Gewebe Biopsie ☐ Liquid-Biopsy
➔ !Bitte bekannte Primärmutation/Fusion angeben!	
Exon:	Position:

Melanom

☐	BRAF, NRAS, KIT Mutation (NGS)
☐	BRAF Mutation nur Kodon 600 (Fast Track Analyse Idylla)
☐	BRAF, NRAS Mutation Hotspots (Fast Track Analyse Idylla)

Cholangiozelluläres Karzinom

☐	FGFR2 Fusion (NGS)
☐	IDH1 Mutation (NGS)
☐	BRAF Mutation (NGS)

GIST

☐	KIT (Exon 9, 11, 13, 14, 17, 18) PDGFRA (Exon 12, 18)(NGS)
☐	KIT Mutation nur Exon 9 + 11 (GIST Primärmutation) (NGS)
☐	KIT (Exon 13, 14, 17, 18) und PDGFRA (Exon 12, 18) (NGS)

Urothelkarzinom

☐	FGFR1, FGFR2, FGFR3 Mutationen und Fusionen (NGS)
--------------------------	--

Ovarial- und Endometriumkarzinom

☐	BRCA1/BRCA2 Mutation (NGS)
☐	POLE Mutation (Hotspots Ex 9 bis 14) (NGS)
☐	CTNNB1 (Hotspot Exon 3) (NGS)
☐	HRD Testung (OCAplus GIM Score)

Mammakarzinom

☐	HER2 IHC
☐	HER2 Amplifikation (FISH)
☐	Prosigna Gensignaturtest
☐	Oncomine Tumor Specific Custom MammaCA Panel (NGS) (ESR1, PIK3CA, PTEN, AKT, BRCA1/2 u.a.)
☐	Oncomine™ Breast cfDNA Research Assay v2 Liquid Biopsy (ESR1, PIK3CA u.a.)

Sonstige solide Tumore

☐	FOXL2 Mutation (Granulosazelltumor, Kodon 134) (NGS)
☐	TP53 Mutation (verschiedene Tumore) (NGS)
☐	TP53 Deletion (verschiedene Tumore; FISH)
☐	GNAS Mutation (fibröse Dysplasie, Kodon 201) (NGS)
☐	UroVysion (Harnblasen-CA, Mesotheliom; FISH)
☐	PD-L1 (IHC) ☐ PD1 (IHC)
☐	☐ TPS ☐ CPS ☐ ICS
☐	NTRK 1-3 Fusion (NGS)
☐	BRCA1/2 Mutation (NGS)

HNPCC Screening/MSI-Analyse

☐	MMR-Protein IHC
☐	Mikrosatellitenanalyse ☐ für Immuntherapie
☐	MLH1-Promoter-Methylierung

Kolorektales CA: Stufendiagnostik MMR IHC + MSI ➔ BRAF ➔ MLH1 Methylierung

Endometrium-CA: Stufendiagnostik MMR IHC + MSI ➔ MLH1-Methylierung

Sonstiges auf Anfrage:



Bitte senden Sie das Formular ausgefüllt an:
Nachforderungen-Pathologie@med.uni-tuebingen.de

Abteilung für Allgemeine und Molekulare Pathologie und
Pathologische Anatomie
Ärztlicher Direktor:
Prof. Dr. med. Falko Fend
Liebermeisterstr. 8, 72076 Tübingen

Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung

Patientendaten: Datum:	Einsender (Praxis/Klinik/Arzt):	<i>Eingangsnummer Tübingen</i> <i>Barcode</i>
Name:		
Vorname:		
Geb.-Dat.:		
Blocknr:		
Diagnose:		
Sonst. Befundempfänger oder Bemerkungen:	Rechnungsadresse: Adresse angeben: ☐ Privat-Pat. ☐ anfordernde Klinik ☐ Rechnung an Einsender ☐ KV-Patient Ü-Schein liegt bei	

Panelanalysen Next Generation Sequencing	
Panel Entitäts-spezifisch/Tumorgruppen	
☐	Ion AmpliSeq Colon and Lung Cancer Panel Hotspots: AKT1, ALK, BRAF, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB4, FBX7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, KRAS, MAP2K1, MET, NOTCH1, NRAS, PIK3CA, PTEN, SMAD4, STK11, TP53
☐	Ion AmpliSeq Custom Panel Melanome u. GIST Hotspots: BRAF, CTNNB1, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MAP2K1, NRAS, PDGFRA
☐	Ion AmpliSeq Custom Panel Leberadenome Hotspots: CTNNB1, FRK, GNAS, IL6ST, JAK1, TERT Promoter; komplette kod. Seq.: ALK, DDX21, HNF1A, KIAA1109, KPNA4, SLCOB3, STAT3
☐	nNGM Panel v3.0 Hotspots: ALK, BRAF, CTNNB1, EGFR, ERBB2, HRAS, IDH1, IDH2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, KEAP1, KRAS, MAP2K1, MET, NRAS, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PIK3CA, PTEN, RET, ROS1, STK11, TP53, KEAP1, NFE2L2, CUL3
Panel Fusionsgene	
☐	Oncomine Solid Tumor Fusion Transcript Kit >60 Fusionen der Gene ALK, RET, ROS1, NTRK
☐	Archer FusionPlex Assay Lung V2* Fusionen mit 16 spezifischen Fusionspartnern NSCLC
☐	Archer FusionPlex Custom Brain * Fusionen mit 15 spezifischen Fusionspartnern
☐	Archer FusionPlex Sarkoma V1* Fusionen mit 26 spezifischen Fusionspartnern Sarkome
☐	Archer FusionPlex Sarkoma V2* Fusionen mit 61 spezifischen Fusionspartnern Sarkome
☐	Archer FusionPlex Pan Solid Tumor V2* Fusionen mit 130 spezifischen Fusionspartnern solider Tumore
Für ZPM: Anforderung für DNA/RNA-Isolation durch IMGAG folgt: ☐ ja ☐ nein	

Pan-Tumor-Panel	
☐	Ion AmpliSeq TP53 Panel (CDS des TP53-Gens)
☐	Ion AmpliSeq Cancer Hotspot Panel* Hotspots in 50 Tumor-relevanten Genen (Onkogene und Tumorsuppressorgene)
☐	Oncomine Focus Assay* 52 Gene zur zielgerichteten Therapie mit zugelassenen Substanzen und aus >700 klinischen Studien: Hotspotmutationen, Kopienzahlveränderungen, Genfusionen
☐	Oncomine Comprehensive Assay v3* Mutationen, Kopienzahlveränderungen und Genfusionen in 161 Genen
☐	Oncomine Comprehensive Assay Plus* Mutationen, Kopienzahlveränderungen in ca. 500 Genen; Bestimmung des HRD-Status (Homologe Reparatur Defizienz), der Tumor-Mutationslast (TMB) und Mikrosatellitenstatus
☐	Oncomine Tumor Mutation Load Assay* Bestimmung der Tumor-Mutationslast (TMB)
☐	Oncomine Childhood Cancer Research Assay* Mutationen, Kopienzahlveränderungen und Genfusionen in 203 spezifischen Genen
Panel Liquid Biopsy	
☐	Oncomine Lung cfDNA Assay Liquid Biopsy Hotspots: ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, KRAS, NRAS, MAP2K1, MET, PIK3CA, ROS1 TP53
☐	Oncomine Colon cfDNA Assay Liquid Biopsy Hotspots: AKT1, APC, BRAF, CTNNB1, EGFR, ERBB2, FBXW7, GNAS, KRAS, MAP2K1, NRAS, PIK3CA, SMAD4d TP53
☐	Oncomine Pan-Cancer Cell-Free Assay Mutationen und CNVs in 50 Genen
☐	Oncomine™ Breast cfDNA Research Assay v2 Liquid Biopsy (ESR1, PIK3CA u.a.)
☐	cfHD-Hotspot Panel: gezielte Verlaufskontrolle bei bekannter Primärmutation. Hotspots: BRAF, EGFR, KRAS, PIK3CA, NRAS.
-> !Bitte bekannte Primärmutation angeben!	
Gen:	Position:
Hedera Profiling 3 ctDNA Liquid Biopsy (Solid Tumor) Mutationen, Kopienzahlveränderungen, Fusionen, MSI	

ENTNAHME DATUM: _____



Bitte senden Sie das Formular ausgefüllt an:
Nachforderungen-Pathologie@med.uni-tuebingen.de

Abteilung für Allgemeine und Molekulare Pathologie und
Pathologische Anatomie
Ärztlicher Direktor:
Prof. Dr. med. Falko Fend
Liebermeisterstr. 8, 72076 Tübingen

Sarkome	
	FUS Transl. (Low grade fibromyxoid. Sarkom) (FISH, RT-PCR)
	FOXO1 (FKHR) Transl. (Alveol. Rhabdomyosarkom) (FISH, NGS)
	SYT/SSX1/2/4 Transl. (Synoviales Sarkom) (FISH, RT-PCR)
	MDM2 Amplif. (Atyp. lipomat. Tumor/dediff. Liposarkom) (FISH)
	DDIT3 (CHOP) Transl. (Myxoides Liposarkom) (FISH)
	EWS/FLI1/ERG Transl. (Ewing-Sarkom-Fam.) (FISH, RT-PCR, NGS)
	EWS/ATF1 Transl. (Klarzell-Sarkom) (FISH, RT-PCR, NGS)
	EWS Transl. (Myxoides Liposarkom) (FISH, NGS) (selten DDIT3-EWS)
	YWHAE-FAM22 Transl. (High grade endometr. Stromasarkom.) (FISH)
	JAZF1/SUZ12 Transl. (Low grade endometriales Stromasarkom) (FISH, NGS)

Weitere Prädiktive Immunhistochemie	
	CLDN18.2 (IHC)
	FOLR1 (IHC)
	HER2 (IHC; FISH)
	TROP2 (IHC)
	NECTIN-4 (IHC)

Unsicher, welches Panel am besten geeignet ist? Listen Sie hier alle Gene auf, die Sie gerne untersucht haben möchten und wir suchen das geeignete Panel aus:

(Mutation(M) und/oder Fusion(F))

Für mögliche Rückfragen:

Tel: _____

E-Mail: _____

*Genabdeckung des Panels in Anhang A aufgelistet