



Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung

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

| 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 Resistenzmutation p.T790M (NGS) | |
| Gewebe Biopsie | Liquid-Biopsy |
| → !Bitte bekannte Primärmutation 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) | |
| Sarkome | |
| FUS Transl. (Low grade fibromyxoid. Sarkom) (FISH, RT-PCR FUS/CREB3L1/2, NGS) | |
| 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. Stromsarkom.) (FISH, NGS) | |
| JAZF1/SUZ12 Transl. (Low grade endometriales Stromasarkom) (FISH, 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) | | |
| PIK3CA Mutation (NGS) | | |
| ESR1 Mutation (NGS) Liquid Biopsy oder FFPE-Material | | |
| Prosigna Gensignaturtest | | |
| Cholangiozelluläres Karzinom | | |
| FGFR2 Fusionen (NGS) | | |
| 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, Mesothelium; FISH) | | |
| PD-L1 (IHC) | PD1 (IHC) | |
| TPS | CPS | ICS |
| 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) | | |
| Verschiedene Entitäten: | | |
| 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: | | |
| Übersicht der NGS-Panel auf Seite 2! | | |



Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung

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

| Panelanalysen Next Generation Sequencing | |
|---|---|
| Panel Entitäts-spezifisch/Tumorgruppen | |
| <input type="checkbox"/> | Ion AmpliSeq Colon and Lung Cancer Panel Hotspots: <i>AKT1, ALK, BRAF, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB4, FBX7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, KRAS, MAP2K1, MET, NOTCH1, NRAS, PIK3CA, PTEN, SMAD4, STK11, TP53</i> |
| <input type="checkbox"/> | Ion AmpliSeq Custom Panel Melanome u. GIST Hotspots: <i>BRAF, CTNNB1, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MAP2K1, NRAS, PDGFRA</i> |
| <input type="checkbox"/> | Ion AmpliSeq Custom Panel Leberadenome Hotspots in: <i>CTNNB1, FRK, GNAS, IL6ST, JAK1, TERT Promoter</i> ; komplette kod. Seq.: <i>ALK, DDX21, HNF1A, KIAA1109, KPNA4, SLCOB3, STAT3</i> |
| <input type="checkbox"/> | nNGM Panel v2.0 Hotspots in: <i>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</i> |
| Panel Fusionsgene | |
| <input type="checkbox"/> | Oncomine Solid Tumor Fusion Transcript Kit >60 Fusionen der Gene <i>ALK, RET, ROS1, NTRK</i> |
| <input type="checkbox"/> | Archer FusionPlex Assay Lung V2* Fusionen mit 16 spezifischen Fusionspartnern NSCLC |
| <input type="checkbox"/> | Archer FusionPlex Custom Brain * Fusionen mit 15 spezifischen Fusionspartnern |
| <input type="checkbox"/> | Archer FusionPlex Sarkoma V1* Fusionen mit 26 spezifischen Fusionspartnern Sarkome |
| <input type="checkbox"/> | Archer FusionPlex Sarkoma V2* Fusionen mit 61 spezifischen Fusionspartnern Sarkome |
| <input type="checkbox"/> | Archer FusionPlex Pan Solid Tumor V2* Fusionen mit 130 spezifischen Fusionspartnern solider Tumore |
| Für ZPM: Anforderung für DNA/RNA-Isolation durch IMGAG folgt: <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein | |

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

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



Anhang A: Untersuchte Genregionen der großen Panel

Archer FusionPlex Lung V2:

Detektion von Fusionen der Gene (n=16):

ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PIK3CA, RET, ROS1;

mit unbekanntem Fusionspartner.

Archer FusionPlex Custom Brain:

Detektion von Fusionen der Gene (n=15):

BRAF, CHMP2A, EGFR, EWSR1, FGFR3, GPI, MYB, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFB, PDGFRA, RAB7A, RELA, VCP;

mit unbekanntem Fusionspartner.

Archer FusionPlex Sarkom V1:

Detektion von Fusionen der Gene (n=26):

ALK, CAMTA1, CCNB3, CIC, EPC1, EWSR1, FOXO1, FUS, GLI1, HMGA2, JAZF1, MEAF6, MKL2, NCOA2, NTRK3, PDGFB, PLAG1, ROS1, SS18, STAT6, TAF15, TCF12, TFE3, TFG, USP6, YWHAE;

mit unbekanntem Fusionspartner.

Archer FusionPlex Sarkom V2:

Detektion von Fusionen der Gene (n=61):

ALK, BCOR, BRAF, CAMTA1, CCNB3, CIC, CSF1, EGFR, EPC1, ERG, ESR1, ETV1, ETV4, ETV5, ETV5, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FOS, FOSB, FOXO1, FUS, GLI1, HMGA2, JAZF1, MBTD1, MDM2, MEAF6, MET, MGEA5, MKL2, NCOA1, NCOA2, NCOA3, NR4A3, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PAX3, PDGFB, PDGFRA, PHF1, PLAG1, PRKCA, PRKCB, PRKCD, RAF1, RET, ROS1, SS18, STAT6, TAF15, TCF12, TFE3, TFG, USP6, VGLL2, YAP1, YWHAE;

mit unbekanntem Fusionspartner.

Acher FusionPlex Pan Solid Tumor V2:

Detektion von Fusionen der Gene (n=130):

ACVR2A, AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ARHGAP26, ARHGAP6, AXL, BCOR, BRAF, BRD3, BRD4, CAMTA1, CCNB3, CCND1, CD274, CIC, CRCT1, CSF1, CSF1R, DNAJB1, EGF, EGFR, EPC1, ERBB2, ERBB4, ERG, ESR1, ESRRA, ETV1, ETV4, ETV5, ETV6, EWSR1, FGF1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGR, FOS, FOSB, FOXO1, FOXO4, FOXR2, FUS, GLI1, GRB7, HMGA2, IGF1R, INSR, JAK2, JAK3, JAZF1, MAML2, MAP2K1, MAST1, MAST2, MBTD1, MDM2, MEAF6, MET, MGEA5, MKL2, MN1, MSMB, MUSK, MYB, MYBL1, MYC, NCOA1, NCOA2, NCOA3, NFATC2, NFE2L2, NFIB, NOTCH1, NOTCH2, NR4A3, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUMBL, NUTM1, PAX3, PAX8, PDGFB, PDGFD, PDGFRA, PDGFRB, PHF1, PHKB, PIK3CA, PKN1, PLAG1, PPARG, PRDM10, PRKACA, PRKACB, PRKCA, PRKCB, PRKCD, PRKD1, PRKD2, PRKD3, RAD51B, RAF1, RELA, RET, ROS1, RSPO2, RSPO3, SS18, SS18L1, STAT6, TAF15, TCF12, TERT, TFE3, TFEB, TFG, THADA, TMPRSS2, USP6, VGLL2, WWTR1, YAP1, YWHAE, KIT;

mit unbekanntem Fusionspartner.



Ion AmpliSeq Cancer Hotspot Panel:

Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen (n=50):

ABL1, AKT1, ALK, APC, ATM, BRAF, CDH1, CDKN2A, CSF1R, CTNNB1, EGFR, ERBB2, ERBB4, EZH2, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLT3, GNA11, GNAQ, GNAS, HNF1A, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, JAK3, KDR, KIT, KRAS, MET, MLH1, MPL, NOTCH1, NPM1, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, PTEN, PTPN11, RB1, RET, SMAD4, SMARCB1, SMO, SRC, STK11, TP53, VHL.

Oncomine Focus Assay:

Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen (n=37):

AKT1, ALK, AR, BRAF, CDK4, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, GNA11, GNAQ, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1, SMO.

Analyse der Kopienzahlveränderung bei folgenden Genen (CNV) (n=19):

ALK, AR, BRAF, CCND1, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, KIT, KRAS, MET, MYC, MYCN, PDGFRA, PIK3CA.

Detektion von Fusionen der Gene (n=23):

ABL1, ALK, AKT3, AXL, BRAF, EGFR, ERBB2, ERG, ETV1, ETV4, ETV5, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PPARG, RAF1, RET, ROS1.

Oncomine Comprehensive Assay v3:

Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen (n=87):

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, KRAS, KNSTRN, 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, SCR, STAT3, TERT, TOP1, U2AF1, XPO1.

Mutationsanalyse der kompletten codierenden Sequenz folgender Gene (n=48):

ARID1A, ATM, ATR, ATRX, BAP1, BRCA1, BRCA2, CDK12, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CHEK1, CREBBP, FANCA, FANCD2, FANCI, FBXW7, MLH1, MRE11A, MSH2, MSH6, NBN, NF1, NF2, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, PALB2, PIK3R1, PMS2, POLE, PTCH1, PTEN, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RB1, RNF43, SETD2, SLX4, SMARCA4, SMARCB1, STK11, TP53, TSC1, TSC2.

Analyse der Kopienzahlveränderung bei folgenden Genen (CNV) (n=43):

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.

Detektion von Fusionen der Gene (n=50):

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, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PPARG, PRKACA, PRKACB, PTEN, RAD51B, RAF1, RB1, RELA, RET, ROS1, RSPO2, RSPO3, TERT.



Oncomine Comprehensive Assay Plus:

Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen (n=57):

ACVR1, ATP1A1, BCR, BMP5, BTK, CACNA1D, CD79B, CSF1R, CTNNB1, CUL1, CYSLTR2, DGCR8, DROSHA, E2F1, EPAS1, FGF7, FOXL2, FOXO1, GLI1, GNA11, GNAQ, HIF1A, HIST1H2BD, HIST1H3B, HRAS, IDH1, IL6ST, IRF4, IRS4, KLF4, KNSTRN, MAP2K2, MED12, MYOD1, NSD2, NT5C2, NTRK2, NUP93, PAX5, PIK3CD, PIK3CG, PTPRD, RGS7, RHOA, RPL10, SIX1, SIX2, SNCAIP, SOS1, SOX2, SRSF2, STAT5B, TAF1, TGFB1, TRRAP, TSHR, WAS

Analyse der Kopienzahlveränderung bei folgenden Genen (CNV) (n=19):

ABCB1, CTNND2, DDR1, EMSY, FGF19, FGF23, FGF3, FGF4, FGF9, FYN, GLI3, IGF1R, MCL1, MDM2, MYCL, RPS6KB1, RPTOR, YAP1, YES1

Mutationsanalyse der kompletten codierenden Sequenz folgender Gene (CDS) (n=21):

CALR, CIITA, CYP2D6, ERCC5, FAS, ID3, KLHL13, MTUS2, PSMB10, PSMB8, PSMB9, RNASEH2C, RPL22, RPL5, RUNX1T1, SDHC, SOCS1, STAT1, TMEM132D, UGT1A1, ZBTB20

Kopienzahlveränderungen der Gene (CNV) und Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen (n=108):

ABL1, ABL2, AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ARAF, AURKA, AURKC, AXL, BCL2, BCL2L12, BCL6, BRAF, CARD11, CBL, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CDK4, CDK6, CHD4, DDR2, EGFR, EIF1AX, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, EZH2, FAM135B, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, FLT4, FOXA1, GATA2, GNAS, H3F3A, H3F3B, IDH2, IKBKB, IL7R, KDR, KIT, KLF5, KRAS, MAGOH, MAP2K1, MAPK1, MAX, MDM4, MECOM, MEF2B, MET, MITF, MPL, MTOR, MYC, MYCN, MYD88, NFE2L2, NRAS, NTRK1, NTRK3, PCBP1, PDGFRA, PDGFRB, PIK3C2B, PIK3CA, PIK3CB, PIK3R2, PIM1, PLCG1, PPP2R1A, PPP6C, PRKACA, PTPN11, PXDNL, RAC1, RAF1, RARA, RET, RHEB, RICTOR, RIT1, ROS1, SETBP1, SF3B1, SLC01B3, SMC1A, SMO, SPOP, SRC, STAT3, STAT6, TERT, TOP1, TPMT, U2AF1, USP8, XPO1, ZNF217, ZNF429

Kopienzahlverlust (CNV loss) der Gene und Mutationsanalyse der kompletten codierenden Sequenz (n=206):

ABRAXAS1, ACVR1B, ACVR2A, ADAMTS12, ADAMTS2, AMER1, APC, ARHGAP35, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, ASXL1, ASXL2, ATM¹, ATR, ATRX, AXIN1, AXIN2, B2M, BAP1, BARD1¹, BCOR, BLM, BMPR2, BRCA1¹, BRCA2¹, BRIP1¹, CASP8, CBF3, CD274, CD276, CDC73, CDH1, CDH10, CDK12¹, CDKN1A, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CDKN2C, CHEK1¹, CHEK2¹, CIC, CREBBP, CSMD3, CTCF, CTLA4, CUL3, CUL4A, CUL4B, CYLD, CYP2C9, DAXX, DDX3X, DICER1, DNMT3A, DOCK3, DPYD, DSC1, DSC3, ELF3, ENO1, EP300, EPCAM, EPHA2, ERAP1, ERAP2, ERCC2, ERCC4, ERFF1, ETV6, FANCA, FANCC¹, FANCD2¹, FANCE¹, FANCF¹, FANCG¹, FANCI¹, FANCL¹, FANCM¹, FAT1, FBXW7, FUBP1, GATA3, GNA13, GPS2, HDAC2, HDAC9, HLA-A, HLA-B, HNF1A, INPP4B, JAK1, JAK2, JAK3, KDM5C, KDM6A, KEAP1, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, LARP4B, LATS1, LATS2, MAP2K4, MAP2K7, MAP3K1, MAP3K4, MAPK8, MEN1, MGA, MLH1, MLH3, MRE11¹, MSH2, MSH3, MSH6, MTAP, MUTYH, NBN¹, NCOR1, NF1, NF2, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, NOTCH4, PALB2¹, PARP1, PARP2, PARP3, PARP4, PBRM1, PDCD1, PDCD1LG2, PDIA3, PGD, PHF6, PIK3R1, PMS1, PMS2, POLD1, POLE, POT1, PPM1D, PPP2R2A¹, PRDM1, PRDM9, PRKAR1A, PTCH1, PTEN, PTPRT, RAD50¹, RAD51¹, RAD51B¹, RAD51C¹, RAD51D¹, RAD52¹, RAD54L¹, RASA1, RASA2, RB1, RBM10, RECQL4, RNASEH2A, RNASEH2B, RNF43, RPA1, RUNX1, SDHA, SDHB, SDHD, SETD2, SLX4, SMAD2, SMAD4, SMARCA4, SMARCB1, SOX9, SPEN, STAG2, STK11, SUFU, TAP1, TAP2, TBX3, TCF7L2, TET2, TGFB2, TNFAIP3, TNFRSF14, TP53, TP63, TPP2, TSC1, TSC2, USP9X, VHL, WT1, XRCC2¹, XRCC3, ZFH3, ZMYM3, ZRSR2

¹ Homologous recombination repair Gene (HRR)

Gene zur Berechnung der Mutationslast (TMB) (n=86):

A1CF, ACSM2B, ADAM18, ANO4, ARMC4, BRINP3, C6, C8A, C8B, CANX, CASR, CD163, CNTN6, CNTNAP4, CNTNAP5, COL11A1, DCAF4L2, DCDC1, GALNT17, GPR158, GRID2, HCN1, HLA-C, KCND2, KCNH7, KEL, KIR3DL1, KRTAP2-1, KRTAP6-2, LRRC7, MARCO, NLRC5, NOL4, NRXN1, NYAP2, OR10G8, OR2G6, OR2L13, OR2L2, OR2L8, OR2M3, OR2T3, OR2T33, OR2T4, OR2W3, OR4A15, OR4C15, OR4C6, OR4M1, OR4M2, OR5D18, OR5F1, OR5L1, OR5L2, OR6F1, OR8H2, OR8I2, OR8U1, ORC4, PAK5, PCDH17, PDE1A, PDE1C, PLXDC2, POM121L12, PPFIA2, RBP3, REG1A, REG1B, REG3A, REG3G, RPTN, RUNDC3B, SH3RF2, SLC15A2, SLC8A1, SYT10, SYT16, TAPBP, TPTE, TRHDE, TRIM48, TRIM51, ZIM3, ZNF479, ZNF536



Oncomine Childhood Cancer Research Assay:

Mutationsanalyse der folgenden Hotspotregionen:

ABL1, ABL2, ALK, ACVR1, AKT1, ASXL1, ASXL2, BRAF, CALR, CBL, CCND1, CCND3, CCR5, CDK4, CIC, CREBBP, CRLF2, CSF1R, CSF3R, CTNNB1, DAXX, DNMT3A, EGFR, EP300, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, EZH2, FASLG, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLT3, GATA2, GNA11, GNAQ, H3F3A, HDAC9, HIST1H3B, HRAS, IDH1, IDH2, IL7R, JAK1, JAK2, JAK3, KDM4C, KDR, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MPL, MSH6, MTOR, MYC, MYCN, NCOR2, NOTCH1, NPM1, NRAS, NT5C2, PAX5, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3R1, PPM1D, PTPN11, RAF1, RET, RHOA, SETBP1, SETD2, SH2B3, SH2D1A, SMO, STAT3, STAT5B, TERT, TPMT, USP7, ZMYM3.

Mutationsanalyse der kompletten codierenden Sequenz folgender Gene:

APC, ARID1A, ARID1B, ATRX, CDKN2A, CDKN2B, CEBPA, CHD7, CRLF1, DDX3X, DICER1, EBF1, EED, FAS, GATA1, GATA3, GNA13, ID3, IKZF1, KDM6A, KMT2D, MYOD1, NF1, NF2, PHF6, PRPS1, PSMB5, PTCH1, PTEN, RB1, RUNX1, SMARCA4, SMARCB1, SOCS2, SUFU, SUZ12, TCF3, TET2, TP53, TSC1, TSC2, WHSC1, WT1, XIAP.

Analyse der Kopienzahlveränderung bei folgenden Genen (CNV):

ABL2, ALK, BRAF, CCND1, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, ERBB3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, GLI1, GLI2, IGF1R, JAK1, JAK2, JAK3, KIT, KRAS, MDM2, MDM4, MET, MYC, MYCN, PDGFRA, PIK3CA.

Detektion von Fusionen der Gene:

ABL1, ABL2, AFF3, ALK, BCL11B, BCOR, BCR, BRAF, CAMTA1, CCND1, CIC, CREBBP, CRLF2, CSF1R, DUSP22, EGFR, ETV6, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLT3, FOSB, FUS, GLI1, GLIS2, HMGA2, JAK2, KAT6A, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, LMO2, MAML2, MAN2B1, MECOM, MEF2D, MET, MKL1, MLLT10, MN1, MYB, MYBL1, MYH11, MYH9, NCOA2, NCOR1, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH4, NPM1, NR4A3, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUP214, NUP98, NUTM1, NUTM2B, PAX3, PAX5, PAX7, PDGFB, PDGFRA, PDGFRB, PLAG1, RAF1, RANBP17, RARA, RECK, RELA, RET, ROS1, RUNX1, SS18, SSBP2, STAG2, STAT6, TAL1, TCF3, TFE3, TP63, TSLP, TSPAN4, UBTF, USP6, WHSC1, YAP1, ZMYND11, ZNF384.

Oncomine Pan-Cancer Cell-Free Assay

Mutationsanalyse Hotspotregionen

AKT1, ALK, AR, ARAF, BRAF, CHEK2, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ESR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, GNA11, GNAQ, GNAS, HRAS, IDH1, IDH2, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, NTRK1, NTRK3, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO

Mutationsanalyse komplette kodierende Sequenz

APC, FBXW7, PTEN, TP53

Kopienzahlveränderungen

CCND1, CCND2, CCND3, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, MYC