

## Anforderungsformular zur molekularpathologischen Untersuchung

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

### Hämatopathologische Diagnostik

#### Klonalitätsanalysen

<input type="checkbox"/>	<b>B-Zell-Klonalitätsanalyse</b> (BIOMED2)	<input type="checkbox"/>	FR2 und FR3
<input type="checkbox"/>	<b>T-Zell-Klonalitätsanalyse</b> (TCRG)	<input type="checkbox"/>	FR1 und IGK
<input type="checkbox"/>	<b>T-Zell-Klonalitätsanalyse</b> (TCRD)		

#### NHL

<input type="checkbox"/>	<b>MYD88 Mut.analyse</b> Kodon 265 (versch. B-NHL; PCR)
<input type="checkbox"/>	<b>RHOA Mutationsanalyse</b> (AILT; PCR)
<input type="checkbox"/>	<b>IDH2 Mutationsanalyse</b> (AILT, Seq.)
<input type="checkbox"/>	<b>CD28 Mutationsanalyse</b> (AILT, Seq.)
<input type="checkbox"/>	<b>BRAF Mut.analyse Kodon 600</b> (Haarzell-Leukämie)
<input type="checkbox"/>	<b>Cyclin D1, 2 3 Quantifizierung</b> (Mantelzell-Lymph.; RT-qPCR)
<input type="checkbox"/>	<b>BCL2-IGH Translokation</b> (Folikul. Lymph.; PCR od. FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>CyclinD1-IGH Translokation</b> (Mantelz.-Lymph.; FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>NPM-ALK1 Translokation</b> (ALCL; FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>MYC-IGH Translokation</b> (Burkitt-Lymphom; FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>MYC Translokation</b> (B-NHL; FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>MALT1 Translokation</b> (MALT-Lymphom; FISH)
<input type="checkbox"/>	<b>BCL6 Translokation</b> (B-NHL; FISH)

#### Myeloproliferative Erkrankungen + MDS/MPN

<input type="checkbox"/>	<b>JAK2 Mutationsanalyse</b> Kodon 617 (MPN)
<input type="checkbox"/>	<b>JAK2 Mutationsanalyse</b> Exon 12 (PV)
<input type="checkbox"/>	<b>SRSF2 Mutationsanalyse</b> (CMML u.a.)
<input type="checkbox"/>	<b>CALR Mutationsanalyse</b> (ET und MF)
<input type="checkbox"/>	<b>KIT Mutationsanalyse</b> Kodon 816 (Mastozytose)
<input type="checkbox"/>	<b>CSF3R Mutationsanalyse</b> (CNL und aCML)
<input type="checkbox"/>	<b>SETBP1 Mutationsanalyse</b> (aCML)
<input type="checkbox"/>	<b>SF3B1 Mutationsanalyse</b> (MDS und RARST)
<input type="checkbox"/>	<b>BRAF MAP2K1 Mut.analyse</b> (Langerhanshistiozytose)
<input type="checkbox"/>	<b>MPL Mutationsanalyse</b> (PMF und ET)
<input type="checkbox"/>	<b>BCR/ABL Translokation</b> (CML; FISH od. RT-PCR)
<input type="checkbox"/>	<b>PDGFRA Translokation</b> (Chron. eosinoph. Leukämie; FISH)

### Panelanalysen Next Generation Sequencing

<input type="checkbox"/>	<b>MPN und MDS/MPN Panel</b> (MPN + atyp. MPN + MDS/MPN) Hotspotregionen in 12 Genen: JAK2 Kodon 617, JAK2 Ex12, KIT Kodon 816, CALR, MPL, SF3B1, CSF3R, SRSF2, SETBP1, IDH2, U2AF1, CBL, ETNK1
<input type="checkbox"/>	<b>MDS</b> 15 Gene Hotspotregionen u. komplette kod. Seq.: ZRSR2, TP53, RUNX1, SRSF2, ASXL1, U2AF1, IDH1, IDH2, SF3B1, NRAS, CBL, KRAS, SETBP1, FLT3, DNMT3A
<input type="checkbox"/>	<b>großes myeloisches Panel – FFPE-Material</b> (MDS, MDS/MPN und MPN) 32 Gene Hotspotregionen u. komplette kod. Seq.: CEBPA, RUNX1, IKZF1, DNMT3A, EZH2, ZRSR2, RAD21, TP53, TET2, NPM1, ATRX, JAK2, FLT3, STAT3, ASXL1, IDH1, IDH2, SRSF2, SF3B1, U2AF1, SETBP1, MPL, KIT, CBL, CSF3R, CALR, ETNK1, KRAS, NRAS, HRAS, BRAF, GNAS
<input type="checkbox"/>	<b>großes AML und MDS Panel – Blut und Knochenmark</b> Mutationen in 40 Genen (Hotspot-Regionen in ABL1, BRAF, CBL, CSF3R, DNMT3A, FLT3, GATA2, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, MYD88, NPM1, NRAS, PTPN1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, U2AF1, WT1; komplette kod. Seq. ASXL1, BCOR, CALR, CEBPA, ETV6, EZH2, IKZF1, NF1, PHF6, PRPF8, RB1, RUNX1, SH2B3, STAG2, TET2, TP53, ZRSR2), 29 Fusionsgene (ABL1, ALK, BCL2, BRAF, CCND1, CREBBP, EGFR, ETV6, FGFR1, FGFR2, FUS, HMGA2, JAK2, KMT2A, MLL, MECOM, MET, MLLT10, MLLT3, MYBL1, MYH11, NTRK3, NUP214, PDGFRA, PDGFRB, RARA, RBM15, RUNX1, TCF3, TFE3), 5 Gene zur Expressionsanalyse BAALC, MECOM, MYC, SMC1A, WT1)

### Sonstiges auf Anfrage

Prädiktive Marker für zielgerichtete Therapien