

	<h3>Anforderung zur molekularpathologischen Untersuchung</h3>	<h3>Anlage 2 zur Verfahrensweisung Molekularpathologie</h3>		
<p>Name: _____ Vorname: _____ Geb.: _____ Block-Nr.: _____ Einsender: _____ Kostenträger: _____ Anforderungsdatum: _____</p>	<p>Institut für Pathologie und MVZ, Bereich Molekularpathologie Universitätsklinikum der RWTH Aachen Pauwelsstraße 30; 52074 Aachen Leitung: Univ.-Prof. Dr. Edgar Dahl Stellv. Leitung & NGS: Dr. Nadina Ortiz-Brüchle Labor: Inge Losen/Sandra Reuschenberg Oliver Dohmen NGS-Büro: Angela Maurer Melanie Mitchell</p> <p>Fax: 0241-8082439 Tel.: 0241-8088431 Tel.: 0241-8085825 Tel.: 0241-8088372 Tel.: 0241-8089860 Tel.: 0241-8037194 Tel.: 0241-8089164</p>			
<p>Indikation: _____ Generell: Bitte die geplante Therapieform (Handelsname des Medikaments oder molekulares Target) bitte angeben.</p>	<p>Sonstige Analysen: _____ Bitte kontaktieren Sie uns auch bei Fragen zu unserem erweiterten Untersuchungsspektrum unter 0241-8088372.</p>			
<p>Next Generation Sequencing (Eine detaillierte Auflistung entnehmen Sie bitte unserer Webseite)</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> BRCA1 und BRCA2 [DNA] <input type="checkbox"/> NGS-Panel 24 'druggable' Gene (Lungen-, Mamma-, Cholangio.-CA, ...) (AKT1, ALK, AR, BRAF, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2 ('HER2'), FGFR3, GNA11, GNAQ, IDH1, IDH2, KIT, KRAS, MAP2K1 (MEK1), MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, PTEN, RET, STK11, TP53 [DNA]) <input type="checkbox"/> NGS-Fusions-Panel (Lungen-, Cholangio.-CA, ...) (ALK, BRAF, EGFR, FGFR1/2/3, MET, NRG1, NTRK1/2/3, RET, ROS1 und MET Exon 14 Skipping-Mutation [RNA]) <input type="checkbox"/> NGS-Panel austerapierte Patienten (161-Gen-Panel: Mutationen [DNA] und Fusionen [RNA]) 		<p>Lymphom-Diagnostik</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> B-Klonalität <input type="checkbox"/> T-Klonalität 		
<p>Mutationsanalysen (Gewebe)* <u>Die hier nicht aufgeführten Gene der o.g. DNA-NGS-Panels können auch als Einzelgen-Analyse erfolgen, bitte dazu das Gen im Freitext-Feld angeben</u></p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> BRAF <input type="checkbox"/> Exon 15 inklusive V600E <input type="checkbox"/> Exon 11 <input type="checkbox"/> CTNNB1 (β-Catenin) Exon 3 <input type="checkbox"/> EGFR <input type="checkbox"/> Exons 18, 19, 20, 21 <input type="checkbox"/> T790M <input type="checkbox"/> ERBB2 (HER2) Exons 19, 20 <input type="checkbox"/> ESR1 Exon 8 <input type="checkbox"/> FGFR3 Exons 7, 10, 15 <input type="checkbox"/> GNAQ Exon 5 <input type="checkbox"/> GNA11 Exon 5 <input type="checkbox"/> HRAS Exon 2, 3 <input type="checkbox"/> IDH1 Exon 4 <input type="checkbox"/> IDH2 Exon 4 <input type="checkbox"/> KIT <input type="checkbox"/> Exons 9, 11, 13, 17 <input type="checkbox"/> Exons 8, 14, 15 <input type="checkbox"/> Exon 17: D816V <input type="checkbox"/> KRAS Exons 2, 3, 4 <input type="checkbox"/> MAP2K1 (MEK1) Exon 2 <input type="checkbox"/> MET Exon 14 Skipping Mut. (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> MYD88 Exon 5 <input type="checkbox"/> NRAS Exons 2, 3, 4 <input type="checkbox"/> PDGFRA Exons 12, 14, 18 <input type="checkbox"/> PIK3CA Exons 4, 7, 9, 20 <input type="checkbox"/> POLE Exon 9, 13, 14 <input type="checkbox"/> TERT-Promotor <input type="checkbox"/> TP53 <input type="checkbox"/> Exons 5, 6, 7, 8, 9 <input type="checkbox"/> Exons 2, 3, 4, 10, 11 <p>*Sanger-Sequenzierung, wenn keine andere Methode erwähnt</p>	<p>Fusionen / Translokationen, Amplifikationen / Expression</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> ALK-Rearrangierung <input type="checkbox"/> IHC ggf. FISH <input type="checkbox"/> (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> BCL2-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> BCL6-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> BRAF-Fusion (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> DDIT3-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> EGFR-Fusion (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> ERBB2 (HER2/neu)-Amplifikation (IHC ggf. FISH) <input type="checkbox"/> EWSR1-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> FGFR1-Amplifikation (FISH) <input type="checkbox"/> FGFR2-Amplifikation (FISH) <input type="checkbox"/> FGFR2-Fusion <input type="checkbox"/> FISH <input type="checkbox"/> (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> FGFR1/2/3-Fusionen (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> MDM2-Amplifikation (FISH) <input type="checkbox"/> MET-Amplifikation (FISH) <input type="checkbox"/> MET-Fusion (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> MYC-Amplifikation (FISH) <input type="checkbox"/> MYC-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> NRG1-Fusionen (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> NTRK1/2/3-Fusionen (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> RET-Rearrangierung <input type="checkbox"/> FISH <input type="checkbox"/> (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> ROS1-Rearrangierung <input type="checkbox"/> FISH <input type="checkbox"/> (NGS [RNA]) <input type="checkbox"/> SS18-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> PD-L1 (IHC) <input type="checkbox"/> t (14;18)-Translokation (BCL2/IGH) (FISH) <input type="checkbox"/> UroVysion (FISH) <input type="checkbox"/> USP6-Translokation (FISH) <input type="checkbox"/> X/Y-Chromosom (FISH) 	<p>Identitätstestung</p>	<p>MSI/HNPCC</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> BRAF Exon 15 inkl. V600E <input type="checkbox"/> MSH2/MLH1/ MSH6/ PMS2 (IHC) <input type="checkbox"/> MLH1-Promotor-Methylierung (NGS) <input type="checkbox"/> MSI-Analyse (PCR) 	<p>Erregernachweise</p> <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Borrelia species (<i>burgdorferi, garinii, afzelii</i>) <input type="checkbox"/> CMV <input type="checkbox"/> EBV (IHC ggf. CISH) <input type="checkbox"/> HPV <input type="checkbox"/> M. tuberculosis <input type="checkbox"/> Mykobakterien, atyp. <input type="checkbox"/> SARS-CoV-2 (FFPE) <input type="checkbox"/> Tropheryma whippelii