

Einsendeschein „solide Tumorerkrankungen“

| | | |
|--------------------------------|------------------|---------------------------------------|
| Einsender: | | Barcode AM-Nummer (Pathologie intern) |
| Ansprechpartner (Tel.): | | |
| Patient: | Material: | |
| Kostenträger: | | |

Einzelgenanalysen:

(komplett, mittels NGS)

- BRCA1/2*
- CDH1*
- POLE*
- ERBB2*
- ESR1*
- PIK3CA*
- TP53*
- KIT*
- PDGFRA*

Fusionstranskripte:

- ALK*
- RET*
- ROS*
- MET* (Exon 14 skipping)
- NTRK1-3*
- FGFR1-3*
- KIAA-BRAF*

Materialidentifizierung:

- STR

Einzelgenanalysen:

(Hotspotanalysen)

- BRAF* (Codon 600)
- CTNNB1* (Exon 3)
- FOXL2* (Codon 134)
- GNAS* (Codon 201,227)
- HRAS* (Exon 2,3)
- KRAS* (Exon 2,3,4)
- NRAS* (Codon 12,13)
- NRAS* (Codon 61)
- RET* (Codon 918)
- IDH1/2*

H3F3A (Codon 27,34)

- HIST1H3B* (Codon 27)
- CDK2NA* (CNV)
- TERT* (Promotor)

Erregernachweis:

- Pilze
- Mykobakterien (TBC + atypische)
- HPV

NGS-Panel Analysen:*

- BASIS-Panel (33 Gene, **Mutationen**)
- Oncomine™ Focus DNA (47 Gene, **Mutationen** + CNV)
- Oncomine™ Comprehensive DNA (146 Gene, **Mutationen** + CNV)
- Oncomine™ Comprehensive **Plus** DNA (411 Gene, **Mutationen** + CNV, MSI & TMB)
- Archer™ Fusion Lung (17 Gene, **Fusionstranskripte**)
- Archer™ Pan solid (136 Gene, **Fusionstranskripte**)

Weitere Analysen:

- HRD
- MSI
- TMB
- MGMT-Methylierung
- MLH1-Methylierung

Weitere Marker*:

*Bei Rückfragen (v.a. zu den NGS-Panel Analysen) wenden Sie sich bitte an:
Prof. Dr. Ulrich Lehmann (0511/532 4475, Lehmann.Ulrich@mh-hannover.de) oder
Dr. Stephan Bartels (0511/532 4717, Bartels.Stephan@mh-hannover.de)