

ANTRAG AUF MOLEKULARPATHOLOGISCHE BEGUTACHTUNG

Prof. Dr. med. Dipl. Phys. Frederick Klauschen

Direktor des Pathologischen Instituts der LMU München

Institut Campus Großhadern
Marchioninistr. 68, 81377 München
Telefon (089) 2180 - 76602
Telefax (089) 2180 - 76605
Rohrpost 4203

Barcode
Pathologie

Institut Campus Innenstadt
Thalkirchner Str. 36, 80337 München
Telefon (089) 2180 - 73611
Telefax (089) 2180 - 73742
PATHO.Auftrag@med.uni-muenchen.de
www.pathologie.med.uni-muenchen.de

Krankenkasse		
Name d. Versicherten	Vorname	geb. am
Name d. Patienten/In	Vorname	geb. am
Anschrift d. Versicherten (Straße, Hausnummer)		
PLZ	Wohnort	

<input type="checkbox"/> ambulant	<input type="checkbox"/> stationär
Abrechnung mit	<input type="checkbox"/> Klinik
	<input type="checkbox"/> Patient (Selbstzahler, privat: mit Einverst. d. Pat.)
	<input type="checkbox"/> Sonstige (Bundeswehr, BG, ...)

Bitte hier **Patienten-BARCODE** aufkleben –
Klinikum der Universität München

Einsender (Stempel, Unterschrift)

Anforderung

Molekulares Tumorboard (→ S.2)

Organ/Erkrankung:	OP/ Biopsiedatum:
Tumormaterial: <input type="checkbox"/> Gewebe <input type="checkbox"/> Liquid Biopsy	
Journalnummer Pathologie LMU (sofern bekannt):	

Klinische Information:		
<input type="checkbox"/> Primäranalyse	<input type="checkbox"/> Resistenz: Linie _____	
	<i>Biomarker / Mutation</i>	<i>Therapeutikum</i>
	① _____	_____
	② _____	_____

Einzel-Gen/ Protein-Analyse

<u>Solide Tumoren</u>		<u>Myeloische Neoplasien</u>
<input type="checkbox"/> AKT1-Mutationsanalyse (E17K)	<input type="checkbox"/> FGFR2 Gen-Fusion (RNA)	<input type="checkbox"/> CALR-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> ALK-Status:	<input type="checkbox"/> Her2/neu-Status (IHC/FISH)	<input type="checkbox"/> CSF3R-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> Expression (IHC)	<input type="checkbox"/> KIT/PDGFR- Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> JAK2-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> Gen-Fusion (RNA)	<input type="checkbox"/> Mikrosatelliteninstabilität:	<input type="checkbox"/> KIT-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> AR-Expression (IHC)	<input type="checkbox"/> MMRD (IHC) <input type="checkbox"/> MSI (PCR)	<input type="checkbox"/> MPL-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> BRAF-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> NTRK1-3 Gen Fusion (RNA)	<input type="checkbox"/> SF3B1-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> CTNNB1-Mutationsanalyse (β-Catenin)	<input type="checkbox"/> PD-L1-Expression (IHC)	<input type="checkbox"/> SRSF2-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> DICER1/FOXL2-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> POLE-Mutationsanalyse	<u>Lymphatische Neoplasien</u>
<input type="checkbox"/> EGFR-Expression	<input type="checkbox"/> PIK3CA-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> BCL2-Translokation
<input type="checkbox"/> EGFR-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> RAS-Mutationsanalyse(gesamt)	<input type="checkbox"/> BCL6-Translokation
<input type="checkbox"/> NSCLC IB-III A (Ex19 del,L858R)	<input type="checkbox"/> nur KRAS <input type="checkbox"/> nur NRAS	<input type="checkbox"/> EZH2-Mutationsanalyse
<input type="checkbox"/> Resistenz (T790M)	<input type="checkbox"/> RET-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> Klonalität
<input type="checkbox"/> ER/PR-Expression	<input type="checkbox"/> Gen-Fusion <input type="checkbox"/> Translokation	<input type="checkbox"/> IgH <input type="checkbox"/> IgL <input type="checkbox"/> TCRB <input type="checkbox"/> TCRG
<input type="checkbox"/> ESR1-Mutationsanalyse	<input type="checkbox"/> ROS1	<input type="checkbox"/> MYC-Translokation
	<input type="checkbox"/> Gen-Fusion <input type="checkbox"/> Translokation	<input type="checkbox"/> MYD88-Mutationsanalyse

Multigen-Analysen und Unterschrift folgen auf Seite 2 →

ANTRAG AUF MOLEKULARPATHOLOGISCHE BEGUTACHTUNG

Prof. Dr. med. Dipl. Phys. Frederick Klauschen

Direktor des Pathologischen Instituts der LMU München

Multigen-Analyse (NGS)

<input type="checkbox"/> Umfangreiche Multigen-NGS-Analyse (MTB-Panel) <ul style="list-style-type: none"> bis zu 520 Genen (DNA: SNV, del, ins, delins, dup, CNV) Gen-Fusionen (RNA) Signaturen: MSI, TMB 	TSO500 DNA	RNA TST170
<input type="checkbox"/> Fokussierte Multigen-NGS-Analyse <ul style="list-style-type: none"> für zugelassene zielgerichtete Therapien und Studieneinschlüsse DNA 30 Gene, RNA 17 Gene 	Archer Panel DNA ALK, BRAF, CTNNB1, CUL3, EGFR, ERBB2 (HER2), FGFR1-4, HRAS, IDH1, IDH2, KEAP1, KRAS, MAP2K1 (MEK1), MET, NFE2L2, NRAS, NTRK1-3, PIK3CA, PTEN, RB1, RET, ROS1, SMARCA4, STK11, TP53	Archer Lung RNA ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, FGFR1-3, KRAS, MET, NRG1, NTRK1-3, NUTM1, PIK3CA, RET, ROS1
<input type="checkbox"/> LiquidPlex-Panel <ul style="list-style-type: none"> für Liquid Biopsy und zugelassene zielgerichtete Therapien DNA 28 Gene 	Archer Panel ct (circulating tumor) DNA AKT1, ALK, AR, BRAF, CTNNB1, EGFR, ERBB2, ERBB3, ESR1 (Exon 5, 7, 8), FGFR1, FGFR2, FGFR3, HRAS, IDH1, IDH2, KIT (Exon 11), KRAS, MAP2K1, MET, NRAS, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PIK3CA, RET, ROS1, TP53 CNV: AR, BRAF, CDK6, EGFR, ERBB2, ERBB3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET	
<input type="checkbox"/> Pan Solid-Panel (Genfusionen in soliden Tumoren inkl. Sarkomdiagnostik) <ul style="list-style-type: none"> Gen-Fusionen (RNA, 137 Gene) 	Archer Pan Solid Tumor v2 Panel AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ARHGAP26, ARHGAP6, AXL, BCOR, BRAF, BRD3, BRD4, CAMTA1, CCNB3, CCND1, CD274, CIC, CRTC1, CSF1, CSF1R, CTNNB1, CVR2A, 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, HMG2, HRAS, IDH1, IDH2, IGF1R, INSR, JAK2, JAK3, JAZF1, KIT, KRAS, MAML2, MAP2K1, MAST1, MAST2, MBTD1, MDM2, MEAF6, MET, MGEA5, MKL2, MN1, MSMB, MUSK, MYB, MYBL1, MYC, MYO10, NCOA1, NCOA2, NCOA3, NFATC2, NFE2L2, NFIB, NOTCH1, NOTCH2, NR4A3, NRAS, 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	
<input type="checkbox"/> HRD (homologous recombination deficiency) <ul style="list-style-type: none"> BRCA1 und BRCA2-Gene HRD-Kombinationsscore: LOH, LST, TAI 	TSO500 HRD - verwendet Myriad MyChoice Algorithmus	
<input type="checkbox"/> BRCA1/2-Mutationsanalyse (ohne HRD)	AmpliSeq for Illumina BRCA Panel	
<input type="checkbox"/> Hämato-Onkologie Multigen-NGS-Analyse <ul style="list-style-type: none"> Gen-Mutationen und -Amplifikationen (DNA, 199 Gene) Gen-Fusionen (RNA, 71 Gene) 	Archer FusionPlex PanHeme Panel	
<input type="checkbox"/> Sonderanforderung:	Anfragen: ☎ 089-2180 - 73630 (Prof. Dr. Andreas Jung) - 73694 (PD Dr. Jörg Kumbrink) ✉ molpatho@med.uni-muenchen.de	

Voraussetzungen für Vorstellung im Molekularen Tumorboard (MTB) des CCCM LMU:

<http://www.klinikum.uni-muenchen.de/CCC-Muenchen/de/Aerzte/tumorboards/MTB/Patientenanmeldung/index.html>

- Patient wurde bereits im organspezifischen Tumorboard diskutiert, Vorstellung im MTB wurde empfohlen.
- Anmeldung beim Koordinator MTB: e-mail an MTB@med.uni-muenchen.de
Zusammen mit ① letztem Tumorboard-Beschluss, ② Histologie, ③ aktuellem Arzt-/Verlaufsbericht
- Patient kommt für experimentellen Therapieansatz in Frage und ist dazu bereit.

Datum

Unterschrift

Name in Druckbuchstaben/ Stempel

Telefon/ Funk für Rückfragen

Bitte leserlich und vollständig – insbes. Name und Telefonnummer – ausfüllen, um zeitnahe Nachfragen zu ermöglichen.

ab hier von der Pathologie auszufüllen: