

Patient

Einsender

**Hämatologie/Onkologie**  
**Humangenetik**  
Prof. Dr. L. Bullinger /  
komm. Prof. Dr. D. Horn

Prof. Dr. Jörg Westermann  
PD Dr. Martin Janz / Dr. Olga Blau  
Prof. Dr. Stefan Schwartz  
Dipl.-Biol. Vivien Boldt

**Kontakt**  
Tel. +49 (30) 40 50 26-800  
Fax +49 (30) 40 50 26-651  
www.laborberlin.com/haematologie

## ANFORDERUNGSSCHEIN HÄMATOLOGISCHE SPEZIALDIAGNOSTIK

Datum: ..... Arzt: ..... Tel./Fax bei Rückfragen: .....

Abnahmedatum/-zeit: .....

☐ Hämatologischer Notfall (unbedingt Telefon-/Faxnummer für Rückfragen angeben!)

**Untersuchung** (je Untersuchung – ausgenommen Zytologie/Durchflussszytometrie – muss separates Probenmaterial eingeschickt werden)

- ☐ **Zytologie** ☐  $\geq 5$  ml EDTA-Knochenmark, ☐ 3,5 ml EDTA-Blut, ☐ (Pleuraerg., Aszites in EDTA, Liquor\*)\*\*
- ☐ **Durchflussszytometrie** ☐  $\geq 5$  ml EDTA-Knochenmark, ☐ 10 ml EDTA-Blut, ☐ (Pleuraerg., Aszites in EDTA, Liquor\*)
- ☐ **konv. Zytogenetik** ☐ **FISH** ☐  $\geq 5$  ml Na-Heparin-Knochenmark, ☐  $\geq 10$  ml Na-Heparin Blut
- ☐ (ggf. Pleuraerg., Aszites, Liquor, Biopsat, Ausstriche)
- ☐ **Molekulargenetik** ☐  $\geq 5$  ml EDTA-Knochenmark, ☐ 10 ml EDTA-Blut, ☐ (Pleuraerg., Aszites in EDTA, Liquor\*)
- ☐ **Liquid Biopsy** ☐ 2 x 10 ml peripheres venöses Vollblut (Achtung: Abnahme mittels Streck®-Röhrchen)

\* Liquor nativ, bevorzugt in Medium (z.B. RPMI)  
\*\* Bei Proben, die am Folgetag im Labor eintreffen, bitte mindestens vier ungefärbte Ausstrichpräparate einsenden

### Klinische Angaben (bitte unbedingt angeben!)

Diagnose/ ☐ Verdacht auf ☐ gesichert Datum Erstdiagnose: .....

Fragestellung: .....

Klinik: ☐ Hepatomegalie ☐ Infektion ☐ Lymphadenopathie ☐ Splenomegalie

☐ Fieber ☐ G-CSF-Gabe ☐ Sonstiges: .....

Chemotherapie: ☐ nein ☐ ja

Transplantation: ☐ nein ☐ allogene ☐ autolog Geschlecht Spender: ☐ weibl. ☐ männl. Datum: .....

### Laborparameter

Leukozyten (G/l):

Erythrozyten (T/l):

Thrombozyten (G/l):

Hb (g/dl):

MCV (fl):

MCH (pg):

MCHC (g/dl):

Paraprotein: ☐ kappa ☐ lambda

### Differenzial-Blutbild:

Myelobl.: Stab.: Mono.:

Promyelo.: Segm.: Lympho.:

Myelo.: Eos.: Blasten:

Jugendl.: Baso.:

Vitamin B12: Ferritin:

Folsäure: LDH:

**Zytogenetische Vorbefunde:** ☐ nein ☐ ja (bitte beifügen)

## Einwilligungserklärung für Untersuchungen mittels Tumorzytogenetik/Tumorgenetik und zur Aufbewahrung von Proben

Bitte der Einsendung beilegen an:

Labor Berlin - Charité Vivantes GmbH  
Fachbereich Hämatologie/Tumorgenetik  
Sylter Straße 2  
13353 Berlin

Platz für zusätzlichen  
Patientenaufkleber

Nach Einschätzung Ihrer behandelnden Ärztin / Ihres behandelnden Arztes besteht der Verdacht auf eine Erkrankung des blutbildenden oder lymphatischen Systems, die unter Umständen mit genetischen Veränderungen im Blut und/oder Knochenmark einhergeht. Um dies genauer abklären zu können, wurde Ihnen Blut und/oder Knochenmark oder ein anderes Gewebe entnommen. Aus diesem Material werden, je nach geplanter Untersuchung und individueller Notwendigkeit, immunologische Merkmale der im Untersuchungsmaterial enthaltenen Zellen untersucht, Chromosomen und/oder Erbsubstanz (DNA, RNA) isoliert und auf genetische Veränderungen in den Blut- oder Knochenmarkszellen analysiert. Bei der Untersuchung „Liquid Biopsy“ erfolgt eine Bestimmung von tumorgenetischen Defekten durch die Analyse von zellfreier, im peripheren Blut zirkulierender DNA, die aus einem Tumor freigesetzt wird.

Unverbrauchtes Probenmaterial wird als Rückstellprobe aufbewahrt. Ein Vorteil dieser Aufbewahrung ist, dass bei Einführung neuer diagnostischer Verfahren diese auch bei Ihren archivierten Proben Anwendung finden können und Ihnen daher auch in der Zukunft nutzen können. Das Material kann auch für die Verbesserung von Diagnostik und Behandlung durch Forschung eingesetzt werden. Für den Fall einer solchen Verwendung werden sämtliche Daten in kodierter, pseudonymisierter Form verarbeitet und gespeichert. Alle Ihre persönlichen Daten und Resultate der genetischen Untersuchungen unterliegen selbstverständlich der ärztlichen Schweigepflicht.

### 1. Erklärung zur Gendiagnostik:

#### Erkrankung:

Ich wurde über Zweck, Art, Umfang und Aussagekraft der angeforderten genetischen Untersuchung aufgeklärt. Nach der Aufklärung wurde mir eine angemessene Bedenkzeit bis zur Entscheidung über die zu erteilende Einwilligung eingeräumt. Ich hatte ausreichend Gelegenheit, offene Fragen zu besprechen.

Ich wünsche eine Durchführung der von meinem Arzt / meiner Ärztin zur weiteren Abklärung empfohlenen Analysen.

Ja ☐

Nein ☐

Bei genetischen Untersuchungen kann es zu Ergebnissen kommen, die nicht im Zusammenhang mit dem Untersuchungsauftrag stehen (sogenannte Zufallsbefunde). Ich bitte auch um Mitteilung von Zufallsbefunden.

Ja ☐

Nein ☐

### 2. Erklärung zur Weiternutzung von restlichem Probenmaterial:

Ich erkläre mein Einverständnis, dass ein Anteil der abgenommenen Proben für weiterführende wissenschaftliche Untersuchungen oder Untersuchungen für diagnostische Tests aufbewahrt und genutzt wird. Dieses Material darf für die Erforschung hämatologischer Erkrankungen und für die Entwicklung diesbezüglicher Testverfahren verwendet werden.

Ja ☐

Nein ☐

\_\_\_\_\_  
Ort, Datum

\_\_\_\_\_  
Patient/in (Druckbuchstaben)

\_\_\_\_\_  
Patient/in (Unterschrift)

\_\_\_\_\_  
Ort, Datum

\_\_\_\_\_  
Ärztin/Arzt (Druckbuchstaben)

\_\_\_\_\_  
Ärztin/Arzt (Unterschrift)

## ZYTOLOGIE

- ☐ manuelles Diff.-Blutbild (EDTA-Blut)
- ☐ Zytologie aus Knochenmark
- ☐ Zytologie aus Ergussflüssigkeit
- ☐ Zytologie aus Liquor
- ☐ Sonstiges: \_\_\_\_\_

- Erstdiagnose
- Remissionskontrolle

## DURCHFLUSSZYTOMETRIE

- ☐ akute Leukämie
- ☐ B-NHL
- ☐ T/NK-NHL
- ☐ Plasmozytom (MM)
- ☐ CD34+ Zellen
- ☐ PNH-Diagnostik
- ☐ Sphärozytose (EMA-Test)
- ☐ Sonstiges: \_\_\_\_\_

## ZYTOGENETISCHE ANALYTIK (1/2)

### Akute myeloische Leukämie (AML)

- ☐ **gesamtes AML-Panel, Screening**
- ☐ *GATA2::MECOM* t(3;3)
- ☐ *RUNX1T1::RUNX1* t(8;21)
- ☐ *KMT2A* (11q23-Rearrangement)
- ☐ *PML::RARA* t(15;17)
- ☐ *CBFB*-Rearrangement inv(16)
- ☐ **gesamtes s-AML-Panel, Screening**
- ☐ *GATA2::MECOM* t(3;3)
- ☐ 5q31 (5q-Deletion, Monosomie 5)
- ☐ 7q22 / 7q31 (7q-Deletion, Monosomie 7)
- ☐ CEP 8 (Trisomie 8)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)
- ☐ *KMT2A* (11q23-Rearrangement)

### Akute lymphatische Leukämie

#### B-ALL, Erwachsene

- ☐ **gesamtes B-ALL-Panel, Screening**
- ☐ *MYC* (8q24-Rearrangement)
- ☐ *BCR::ABL1* t(9;22)
- ☐ *KMT2A* (11q23-Rearrangement)
- ☐ *IGH* (14q32-Rearrangement)

#### T-ALL, Erwachsene und Kinder

- ☐ **gesamtes T-ALL-Panel, Screening**
- ☐ *TLX3* (5q35-Rearrangement)
- ☐ 6q23 (6q23-Deletion)
- ☐ *TCRB* (7q34-Rearrangement)
- ☐ *CDKN2A* (9p21-Deletion)
- ☐ *TLX1* (10q24-Rearrangement)
- ☐ *TCRA/D* (14q11-Rearrangement)

#### B-ALL, Kinder

- ☐ **gesamtes B-ALL-Panel, Screening** (CEP-Sonden nur bei V.a. hoch hyperdiploiden Karyotyp)
- ☐ *TCF3::PBX1* t(1;19)
- ☐ *BCR::ABL1* t(9;22)
- ☐ *KMT2A* (11q23-Rearrangement)
- ☐ *ETV6::RUNX1* t(12;21)
- ☐ *CDKN2A* (9p21-Deletion)
- ☐ CEP 4, CEP 7, CEP 10, CEP 17

#### "Philadelphia-like" ALL-Panel

- ☐ *ABL2* (1q25-Rearrangement)
- ☐ *PDGFRB* (5q32-Rearrangement)
- ☐ *JAK2* (9p24-Rearrangement)
- ☐ *IGH* (14q32-Rearrangement)
- ☐ *CRLF2* (Xp22/Yp11-Rearrangement)

### Chronische myeloische Leukämie (CML)

- ☐ *BCR::ABL1* t(9;22)
- ☐ CEP 8 (Trisomie 8)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)

### Myeloproliferative Neoplasie (MPN)

- ☐ *BCR::ABL1* t(9;22)
- ☐ *PDGFRB* (5q32-Rearrangement)

Ausführlichere Erläuterungen im Leistungsverzeichnis: <https://www.laborberlin.com/unsere-leistungen/leistungsverzeichnis/>

## ZYTOGENETISCHE ANALYTIK (2/2)

### Myelodysplastische Neoplasie (MDS)

- ☐ **gesamtes MDS-Panel für Erwachsene, Screening**
- ☐ 5q31 (5q-Deletion, Monosomie 5)
- ☐ 7q22 / 7q31 (7q-Deletion, Monosomie 7)
- ☐ CEP 8 (Trisomie 8)
- ☐ *ETV6* (12p13-Deletion)
- ☐ 20q12 (20q12-Deletion)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)
- ☐ CEP Y (Verlust des Y-Chromosoms)

- ☐ **gesamtes MDS-Panel für Kinder, Screening**

- ☐ 1q21 (1q21-Zugewinn)
- ☐ *GATA2::MECOM* t(3;3)
- ☐ 7q22 / 7q31 (7q-Deletion, Monosomie 7)
- ☐ CEP 8 (Trisomie 8)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)

### Chronische lymphatische Leukämie (CLL)

- ☐ **gesamtes CLL-Panel, Screening**
- ☐ 6q23 (6q23-Deletion)
- ☐ *MYC* (8q24-Rearrangement)
- ☐ *ATM* (11q22-Deletion)
- ☐ CEP 12 (Trisomie 12)
- ☐ *RB1/DLEU* (13q14-Deletion)
- ☐ *IGH* (14q32-Rearrangement)
- ☐ wenn *IGH*-Rearrangement (+)  
→ *IGH::CCND1* t(11;14), *IGH::BCL2* t(14;18)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)

### Chronische Eosinophilenleukämie/ Hypereosinophiles Syndrom (CEL/HES)

- ☐ **gesamtes CEL/HES-Panel, Screening**
- ☐ *ABL2* (1q25-Rearrangement)
- ☐ *FIP1L1::CHIC2::PDGFRα* (*FIP1L1::PDGFRα*-Fusion)
- ☐ *PDGFRβ* (5q32-Rearrangement)
- ☐ *FGFR1* (8p11-Rearrangement)
- ☐ *ETV6* (12p13-Rearrangement)
- ☐ *JAK2* (9p24-Rearrangement)
- ☐ *ABL1* (9q34-Rearrangement)

### Fanconi-Anämie

- ☐ **gesamtes Fanconi Anämie Panel, Screening**
- ☐ 1q21 (1q21-Zugewinn)
- ☐ *GATA2::MECOM* t(3;3)
- ☐ CEP7 / 7q22 / 7q31 (7q-Deletion, Monosomie 7)

### Non-Hodgkin-Lymphom (NHL)

- ☐ **gesamtes B-NHL-Panel, Screening**
- ☐ *BCL6* (3q27-Rearrangement, partielle Trisomie 3q oder Trisomie 3)
- ☐ *MYC* (8q24-Rearrangement)
- ☐ *IGH::BCL2* t(14;18)

Weitere Sonden:

- ☐ *IGH::CCND1* t(11;14)
- ☐ *BIRC3::MALT1* t(11;18)
- ☐ *IGH::MALT1* t(14;18)
- ☐ *IGH* (14q32-Rearrangement)
- ☐ *TP53* (17p13-Deletion)
- ☐ 6q23 (6q23-Deletion)

- ☐ **gesamtes T-NHL-Panel, Screening**
- ☐ *TCRA/D* (14q11-Rearrangement)
- ☐ *ATM* (11q22.3-Deletion)
- ☐ *RB1/DLEU* (13q14-Deletion)

### Multiples Myelom (MM)

In-situ-Hybridisierung nach Anreicherung der Plasmazellen (CD138+) mittels MACS (Magnetic Activated Cell Separation)

- ☐ **gesamtes MM-Panel, Screening**
- ☐ 1p32/1q21 (1p32-Deletion, 1q21-Zugewinn)
- ☐ *MYC* (8q24-Rearrangement)
- ☐ 9q34/15q22 (Zugewinn für 9q und 15q)
- ☐ 11q23/13q14 (Zugewinn 11q, Deletion 13q)
- ☐ *IGH* (14q32-Rearrangement)
- ☐ wenn *IGH*-Rearrangement (+)  
→ *IGH::FGFR3* t(4;14), *IGH::CCND1* t(11;14),  
*IGH::MAF* t(14;16), *IGH::MAFB* t(14;20)
- ☐ 17p13/19q13 (Deletion 17p, Zugewinn 19q)

Für spezifische Fragestellungen bzw. zur Charakterisierung nachgewiesener Aberrationen in der konventionell-zytogenetischen Analyse stehen weitere Sonden sowie WCP-Sonden zur Verfügung.

Ausführlichere Erläuterungen im Leistungsverzeichnis: <https://www.laborberlin.com/unsere-leistungen/leistungsverzeichnis/>

## MOLEKULARGENETISCHE ANALYTIK (1/3)

### Akute myeloische Leukämie (AML)

- ☐ klassisches AML-Panel <sup>†</sup>  
☐ erweitertes AML-Panel <sup>††</sup>

- *RUNX1::RUNX1T1* (AML1-ETO), t(8;21):  
☐ qualitativ      ☐ quantitativ (Verlauf)
- *CBFB::MYH11*, inv(16):  
☐ qualitativ      ☐ quantitativ (Verlauf) <sup>§</sup>
- *PML::RARA*, t(15;17):  
☐ qualitativ      ☐ quantitativ (Verlauf) <sup>§</sup>

**ACHTUNG:** bei V.a. AML M3 (Erstdiagnostik) bitte dem Labor telefonisch Bescheid geben, um eine möglichst schnelle Bearbeitung zu gewährleisten  
(Tel.: 030 – 40 50 26 493)

- *DEK::CAN*, t(6;9):  
☐ qualitativ      ☐ quantitativ (Verlauf)
- *FLT3*:  
☐ *FLT3*-Längenmutation / ITD  
☐ *FLT3* D835-Mutation (TKD)  
☐ *FLT3*-Sequenzierung (Ex. 14, 15, 20)
- *NPM1*-Mutation (Ex. 12):  
☐ Sequenzierung      ☐ quantitativ (Verlauf) <sup>§</sup>
- ☐ *CEBPA*-Mutationen
- *KIT*:  
☐ *KIT* D816V-Mutation  
☐ *KIT*-Sequenzierung (Ex. 8, 9, 11, 13, 17)

- *KMT2A*-Translokationen (nur qualitativ):  
☐ am zytogenetischen Befund orientiert  
☐ *KMT2A::MLLT3* (MLL-AF9), t(9;11)  
☐ *KMT2A::MLLT1* (MLL-ENL), t(11;19)(q23;p13.3)  
☐ *KMT2A::ELL* (MLL-ELL), t(11;19)(q23;p13.1)  
☐ *KMT2A::MLLT10* (MLL-MLLT10), t(10;11)  
☐ *KMT2A::AFDN* (MLL-AF6), t(6;11)  
☐ *KMT2A::EPS15* (MLL-EPS15), t(1;11)
- ☐ *KMT2A*-PTD (MLL-PTD, nur qualitativ)
- ☐ *TP53*-Mutationen (Ex. 2-11)
- ☐ *ASXL1*-Mutationen (Ex. 13)
- ☐ *RUNX1*-Mutationen
- ☐ *DNMT3A*-Mutationen
- ☐ *IDH1/2*-Mutationen (Ex. 4)

<sup>†</sup> Das klassische AML-Panel umfasst: *NPM1*-Mutation, *FLT3*-ITD, *CEBPA*-Mutationen, *KMT2A*-PTD. Falls morphologisch eine AML M3 oder M4Eo vorliegt, werden die entsprechenden Fusionsgene untersucht. Falls zytogenetisch eine spezifische Aberration detektiert wird, wird auch versucht das molekulare Korrelat nachzuweisen, sofern möglich.

<sup>††</sup> Das erweiterte AML-Panel enthält zusätzlich zum klassischen AML-Panel noch die Sequenzierungen von *ASXL1*, *TP53*, *RUNX1*, *KIT*, *DNMT3A* und *IDH1/2*.

<sup>§</sup> Bei den Verlaufsuntersuchungen für *NPM1*-Mutation, *PML::RARA*, *CBFB::MYH11* sollte immer angegeben werden welche Transkriptvariante, bzw. welche Mutation initial vorlag.

### Myeloproliferative Neoplasien und Eosinophilenerkrankungen

- ☐ **MPN-Stufendiagnostik** <sup>†</sup>
- ☐ *BCR::ABL1* Multiplex-RT-PCR (Erstdiagnose)
- *BCR::ABL1* quantitativ (Verlauf):  
☐ Major      ☐ minor      ☐ micro
  - *BCR::ABL1* nested RT-PCR:  
☐ Major      ☐ minor
  - ☐ *BCR::ABL1*-Mutationsanalyse
  - *JAK2*:  
☐ V617F-Mutation  
☐ Sequenzierung *JAK2* Exon 12, 14
- ☐ Calreticulin (*CALR*)-Sequenzierung
- ☐ *MPL*-Sequenzierung (Ex. 10)
- ☐ *CSF3R*-Sequenzierung (Ex. 14+17)
- *KIT*:  
☐ *KIT* D816V-Mutation  
☐ *KIT*-Sequenzierung (Ex. 8, 9, 11, 13, 17)
  - ☐ *SETBP1*-Sequenzierung (Ex. 4)
  - ☐ *FIP1L1::PDGFRA*
  - ☐ *PCM1::JAK2*

<sup>†</sup> Bei der MPN-Stufendiagnostik erfolgt sukzessiv folgende Diagnostik, bis eine Aberration gefunden wurde: 1. *BCR::ABL1* Multiplex, 2. *JAK2* V617F, 3. Calreticulin-Mutationen, 4. *MPL*-Sequenzierung (wenn beispielsweise *BCR::ABL1* nachweisbar ist, entfallen alle anderen Untersuchungen).

## MOLEKULARGENETISCHE ANALYTIK (2/3)

### **Myelodysplastische Neoplasien und MDS/MPN**

#### ☐ großes myeloisches Panel<sup>†</sup>

##### Transkriptionsfaktoren:

- ☐ ASXL1-Sequenzierung (Ex. 13)
- ☐ ATRX-Sequenzierung (Ex. 8-10, 17-31)
- ☐ ETV6-Sequenzierung
- ☐ GATA1-Sequenzierung (Ex. 2)
- ☐ GATA2-Sequenzierung (Ex. 2-6)
- ☐ IKZF1-Sequenzierung
- ☐ PHF6-Sequenzierung
- ☐ RUNX1-Sequenzierung
- ☐ WT1-Sequenzierung (Ex. 7+9)

##### RAS/MAPK/ERK-Signalweg:

- ☐ KRAS (Ex 2-4)
- ☐ NRAS (Ex 2-4)
- ☐ HRAS (Ex 2-4)
- ☐ PTPN11-Sequenzierung (Ex 3, 13)
- ☐ NF1-Sequenzierung

##### Kohäsine:

- ☐ RAD21-Sequenzierung
- ☐ STAG2-Sequenzierung
- ☐ SM1A-Sequenzierung
- ☐ SMC3-Sequenzierung

##### Signaltransduktion – Verschiedenes:

- ☐ GNAS-Sequenzierung
- ☐ CBL-Sequenzierung
- ☐ CBLB-Sequenzierung
- ☐ CBLCL-Sequenzierung

##### Metabolismus:

- ☐ IDH1-Sequenzierung (Ex. 2, 4)
- ☐ IDH2-Sequenzierung (Ex. 2, 4)
- ☐ PPM1D-Sequenzierung (hot spot)

##### Rezeptoren:

- ☐ MPL-Sequenzierung (Ex. 10)

##### Diverse Kinasen:

- ☐ ABL1-Sequenzierung (Ex. 4-6)
- ☐ CSF3R-Sequenzierung (Ex. 14-17)
- ☐ ETNK1-Sequenzierung (Ex. 3)
- ☐ FLT3-Sequenzierung (Ex. 13-15, 20)
- ☐ JAK2-Sequenzierung (Ex. 12, 14)

##### Spleißfaktoren, Helikasen:

- ☐ DDX41-Sequenzierung
- ☐ PRPF8-Sequenzierung
- ☐ SRSF2-Sequenzierung (Ex. 1)
- ☐ SF3B1-Sequenzierung (Ex. 13-16)
- ☐ U2AF1-Sequenzierung (Ex. 2, 6)
- ☐ ZRSR2-Sequenzierung

##### Epigenetische Regulatoren:

- ☐ EZH2-Sequenzierung
- ☐ KDM6A-Sequenzierung
- ☐ KMT2A-Sequenzierung (Ex. 5-8)
- ☐ TET2-Sequenzierung
- ☐ DNMT3A-Sequenzierung
- ☐ BCOR-Sequenzierung
- ☐ BCORL1-Sequenzierung

##### Tumorsuppressoren:

- ☐ CDKN2A-Sequenzierung
- ☐ FBXW7-Sequenzierung (Ex. 9-11)
- ☐ PTEN-Sequenzierung
- ☐ RB1-Sequenzierung
- ☐ TP53-Sequenzierung

##### Diverses:

- ☐ CUX1-Sequenzierung
- ☐ MYC-Sequenzierung
- ☐ PIGA-Sequenzierung (Ex. 4)
- ☐ SETBP1-Sequenzierung (Ex. 4)
- ☐ SH2B3-Sequenzierung

<sup>†</sup> Das große myeloische Panel umfasst alle oben aufgeführten Gene (komplette kodierende Sequenz oder einzelne Abschnitte).

## MOLEKULARGENETISCHE ANALYTIK (3/3)

### Non-Hodgkin-Lymphome (NHL)

- |                                                         |                                                            |
|---------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|
| <input type="checkbox"/> IGHV-Mutationsstatus (bei CLL) | <input type="checkbox"/> BRAF V600E-Mutation               |
| <input type="checkbox"/> TP53-Mutationen (Ex 2-11)      | <input type="checkbox"/> MYD88 L265P-Mutation              |
| <input type="checkbox"/> MYC-IGH, t(8;14)               | <input type="checkbox"/> NOTCH1-Mutationen (Ex. 26-28, 34) |
|                                                         | <input type="checkbox"/> JAK3-Sequenzierung (Ex. 13)       |

Für die Analyse von Chromosomentranslokationen bei Non-Hodgkin-Lymphomen ist in der Regel die Zytogenetik die sinnvollere Untersuchungsmodalität, siehe dort.

### Akute lymphatische Leukämie (ALL)

- ☐ Diagnostik entsprechend GMALL-Standard
- ☐ besondere Wünsche: .....

### Chimärismus-Untersuchungen nach allogener Transplantation

- ☐ Spender-Charakterisierung ☐ Empfänger-Charakterisierung

Selektierte Chimärismus-Untersuchungen einzelner Zellfraktionen:

- |                                 |                                |                                |                                |                                 |
|---------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|
| <input type="checkbox"/> gesamt | <input type="checkbox"/> CD34+ | <input type="checkbox"/> CD3+  | <input type="checkbox"/> CD4+  | <input type="checkbox"/> CD8+   |
|                                 | <input type="checkbox"/> CD14+ | <input type="checkbox"/> CD15+ | <input type="checkbox"/> CD19+ | <input type="checkbox"/> CD138+ |

### Liquid Biopsy

- ☐ Liquid Biopsy, großes Panel, TruSight Oncology 500 ctDNA v2 Assay (Illumina)

#### **Achtung – folgende Punkte sind zu beachten:**

1. Material: 2 x 10 ml peripheres venöses Vollblut erforderlich. Die Abnahme des peripheren Bluts für Liquid Biopsy muss mittels spezieller Röhrchen erfolgen (Streck®-Röhrchen); diese Röhrchen können bei Bedarf direkt bei Labor Berlin angefordert werden:  
E-Mail: einsenderbetreuung@laborberlin.com, Tel.: 030-40 50 26 800.
2. Es ist eine Einwilligungserklärung nach Gendiagnostikgesetz (GenDG) notwendig; einen entsprechenden Vordruck finden Sie unter: <https://laborberlin.com/unsere-leistungen/anforderungsscheine/>, in der Rubrik Hämatologie & Onkologie.
3. Bei Liquid Biopsy handelt es sich nicht um eine Kassenleistung. Die Kostenübernahme muss vor Einsendung der Probe geklärt werden. Die Untersuchung kann nur erfolgen, wenn eine Kostenübernahme vorliegt. Gerne erstellen wir ein Angebot zur vorherigen Klärung durch den Kostenträger. Kostenvoranschläge können angefordert werden über die E-Mail-Adresse: [tumorgenetik@laborberlin.com](mailto:tumorgenetik@laborberlin.com).

### DPYD (=DPD)-Polymorphismen

Bitte verwenden Sie hierfür den gesonderten Anforderungsschein (auf der Webseite herunterzuladen). Das schriftliche Patienteneinverständnis ist essenziell!

**Weitere Untersuchungen sind in Absprache möglich!**

Ausführlichere Erläuterungen im Leistungsverzeichnis: <https://www.laborberlin.com/unsere-leistungen/leistungsverzeichnis/>