

|                                |     |                  |     |        |     |             |
|--------------------------------|-----|------------------|-----|--------|-----|-------------|
| AOK                            | LKK | BKK              | IKK | VdAK   | AEV | Knappschaft |
| Name, Vorname des Versicherten |     |                  |     |        |     |             |
| geb.am                         |     |                  |     |        |     |             |
| Kassen-Nr.                     |     | Versicherten Nr. |     | Status |     |             |
| Vertragsarzt-Nr.               |     | VK gültig bis    |     | Datum  |     |             |

Klinik/Praxis: \_\_\_\_\_ Station: \_\_\_\_\_

Ärztin/Arzt: \_\_\_\_\_ Tel.: \_\_\_\_\_

KV  Selbstzahler  Krankenhaus

## Antrag Mutationsanalytik/NGS

Institut für Molekularpathologie  
 Prof. Dr. med. Kellner  
 Paul-Ehrlich-Straße 9  
 32429 Minden  
 Tel.: 0571/790 4720  
 Fax: 0571/790 29 4701  
 E-Mail: udo.kellner@me.com



|             |         |
|-------------|---------|
| Abr.        | M-Nr.   |
| Blocknummer | Eingang |
|             | Ausgang |

NGS Panel: aktuelle relevante Exone ankreuzen ggf Zusatzfragestellungen:

Amplifikation, Skipping, Translokation ergänzen o. im Freitext

|        |       |        |         |
|--------|-------|--------|---------|
| ABL1   | EZH   | JAK2   | PTEN    |
| AKT1   | FBXW7 | JAK3   | PTPN11  |
| ALK    | FGFR1 | KDR    | RB1     |
| APC    | FGFR2 | KIT    | RET     |
| ATM    | FGFR3 | KRAS   | SMARCB1 |
| BRAF   | FLT3  | MLH1   | SMO     |
| CDH1   | GNA11 | MET    | SMAD4   |
| CDKN2A | GNAQ  | MPL    | SRC     |
| CTNNB1 | GNAS  | NOTCH  | STK11   |
| CSF1R  | HNF1A | NPM1   | TP53    |
| ERBB2  | HRAS  | NRAS   | VHL     |
| ERBB4  | IDH1  | PDGFRA | BRCA1   |
| EGFR   | IDH2  | PIC3CA | BRCA2   |

Freitextanforderungen:

---



---



---



---

Tumorentität: \_\_\_\_\_ Tumor DNA Anteil: \_\_\_\_\_ %

Arzt: \_\_\_\_\_ Methode: \_\_\_\_\_ Biologe: \_\_\_\_\_

Auswertbare Seq. Reads: \_\_\_\_\_ Mittlere Lesetiefe der Amplikons: \_\_\_\_\_

Uniformität der Abdeckung: \_\_\_\_\_ % Ergebnis: \_\_\_\_\_

---



---