

**Aanvraag moleculaire diagnostiek (zie achterzijde)**

**Aanvraag intern MUMC+**

Naam aanvrager: ..... Paraaf: ..... Sein: .....

Afdeling: ..... Datum: ..... Tijdstip afname: .....

**Aanvraag extern**

**Aanvragend (PA) laboratorium**

- Zuyderland ziekenhuis  
 VieCuri Medisch Centrum Venlo  
 Laurentius Ziekenhuis Roermond  
 Anders:

Behandelend arts (Indien van toepassing): .....

Afdeling: .....

Telefoon: .....

Fax: .....

Aanvragend Patholoog: .....

Datum inzending: .....

**Uw (PA)-nummer**

- .....  FFPE aantal .....  Cytologie aantal .....
- Blanco's aantal .....  HE/IHC toegevoegd aantal .....
- Anders .....  DNA Isolaat aantal .....
- Liquid biopsy aantal .....

Tijdstip afname (aangeven indien anders dan Streck-buizen): .....

Opmerkingen .....

**Patiëntgegevens**

Naam + voorl. .....

Adres .....

Postcode + woonplaats .....

Geboortedatum .....

Geslacht .....

BSN .....

Verzekering .....

Verzekeringsnummer .....

**A.u.b. de volgende gegevens meesturen:**

- Volledig ingevuld aanvraagformulier
- Bijbehorend pathologieverslag
- Monster dat voldoende tumorcellen bevat
- Indien relevant (zie tabel) normaal referentieweefsel toevoegen

**In te vullen door secretariaat pathologie MUMC+**

Datum binnenkomst: ..... Toegekend intern nummer MUMC+: .....

Diagnose/Prognose/Therapiekeuze	Opmerking	Analyse
<b>Longcarcinoom (NSCLC)*:</b>	Regionale partners: Conform afspraak	<input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse (incl. CNV analyse) o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. hotspots drivergenen KRAS, EGFR, BRAF, ERBB2, ALK, ROS1, MET (incl. regio rondom exon 14**)) <input type="checkbox"/> ALK genherschikking IHC/FISH <input type="checkbox"/> ROS1 genherschikking IHC**/FISH/RNASeq*** <input type="checkbox"/> RET genherschikking FISH/RNASeq*** <input type="checkbox"/> NRG1 genherschikking FISH**/RNASeq** <input type="checkbox"/> NTRK1-3 genherschikking IHC/FISH**/ RNASeq*** <input type="checkbox"/> MET genamplificatie FISH <input type="checkbox"/> PD-L1 expressie IHC
<b>Long progressie (NSCLC)*</b> Long TKI resistentie panel: TKI: .....	Primaire driver: .....	<input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (driver-mutatie + progressie mutatie) + MET genamplificatie FISH + genherschikking FISH (indien relevant) <input type="checkbox"/> Her2Neu genamplificatie FISH/IHC
<b>cfDNA analyse liquid biopsy (bloed)</b> Driver-mutatie analyse:	Indicaties: NSCLC/CRC/Melanoom	Hotspot driver-mutatie analyse m.b.v. ddPCR: <input type="checkbox"/> KRAS G12/G13 <input type="checkbox"/> EGFR ex 19 del, L858R, T790M, G719X/S768I/L861Q <input type="checkbox"/> BRAF V600E/V600K/V600R  <input type="checkbox"/> Breed pan-cancer NGS panel: Avenio ctDNA panel <sup>o</sup>
EGFR+ NSCLC TKI resistentie:	Primaire driver: .....	<input type="checkbox"/> Hotspot EGFR analyse m.b.v. ddPCR (EGFR driver-mutatie, T790M, T790M-C797S) <input type="checkbox"/> Breed pan-cancer NGS panel: Avenio ctDNA panel <sup>o</sup>
Mesothelioom:		<input type="checkbox"/> Aneuploidie, 9p21 verlies (Urovysion probe, FISH)
<b>Mammacarcinoom:</b>		<input type="checkbox"/> Her2Neu (ERBB2) amplificatie FISH <input type="checkbox"/> Mutatie analyse PIK3CA exon 9 (codon 542 en 545) en exon 20 (codon 1047) (o.b.v. PATHv2D onco-panel) <sup>o</sup> <input type="checkbox"/> PD-L1 expressie IHC
<b>Schildklier carcinoom:</b>		<input type="checkbox"/> BRAF V600 mutatie analyse <input type="checkbox"/> RAS (KRAS, HRAS, NRAS) mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> <input type="checkbox"/> RET-PTC fusiegen analyse o.b.v. RNASeq*** <input type="checkbox"/> PAX8-PPAR fusiegen analyse o.b.v. RNASeq***
<b>Gastro intestinale kanker (Colon, rectum, maag, oesofagus)</b> Colorectaal carcinoom:		<input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. hotspots drivergenen KRAS, NRAS, BRAF, PIK3CA) <input type="checkbox"/> Microsatelliet Instabiliteit (MSI) Analyse (PCR) <input type="checkbox"/> Promotor hypermethylering analyse hMLH1 (qPCR) <input type="checkbox"/> Her2Neu genamplificatie IHC/FISH <input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. drivergenen KIT en PDGFR $\alpha$ )
Verdenking Lynch syndroom (HNPCC)	normaal weefsel meesturen	
Maag carcinoom: GIST:		
<b>Endometrium carcinoom:</b> Verdenking Lynch syndroom (HNPCC)	normaal weefsel meesturen	<input type="checkbox"/> Microsatelliet Instabiliteit (MSI) Analyse (PCR) <input type="checkbox"/> Promotor hypermethylering analyse hMLH1 (qPCR)
<b>Ovariumcarcinoom:</b>		<input type="checkbox"/> BRCA1/2 mutatie analyse o.b.v. NGS*** en MLPA
<b>Huidtumoren:</b> Maligne melanoom		<input type="checkbox"/> Mutatie analyse BRAF codon V600 en NRAS hotspots exons 2-4 m.b.v. Idylla PCR <input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse KIT exon 11, 13, 17 o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup>
Uveaal melanoom		<input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. hotspots drivergenen GNAQ, GNA11, BRAF) <input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. hotspots drivergenen HRAS, KRAS, BRAF, NRAS) <input type="checkbox"/> ALK genherschikking IHC/FISH <input type="checkbox"/> ROS1 genherschikking IHC**/FISH/RNASeq*** <input type="checkbox"/> RET genherschikking FISH/RNASeq*** <input type="checkbox"/> NTRK genherschikking IHC/FISH**/ RNASeq*** <input type="checkbox"/> BRAF genherschikking FISH**/ RNASeq*** <input type="checkbox"/> Mutatie analyse TERT promotor (hotspots) m.b.v. ddPCR
Spitzoïde leasies		
<b>Hersentumoren:</b> Oligodendroglioom, Glioom, GBM		<input type="checkbox"/> Verlies 1p/19q FISH <input type="checkbox"/> Mutatie analyse IDH1 (codon 132) en IDH2 (codon 172) m.b.v. Pyrosequencing <input type="checkbox"/> Promotor hypermethylering analyse MGMT m.b.v. Pyrosequencing <input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> <input type="checkbox"/> Mutatie analyse TERT promotor (hotspots) m.b.v. ddPCR <input type="checkbox"/> Mutatie analyse BRAF exon 15 (codon 600) m.b.v. Idylla <input type="checkbox"/> BRAF duplicatie FISH (BRAF-KIAA 1549 fusie)**
Pilocytair astrocytoom		
<b>Blaaskanker:</b>		<input type="checkbox"/> Aneuploidie, 9p21 verlies (Urovysion probe, FISH)
<b>Tumoren algemeen:</b> Algemeen		<input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> <input type="checkbox"/> Brede NGS mutatie analyse (e.g. DRUP) o.b.v. TSO500*** DNA panel <input type="checkbox"/> Brede NGS RNA fusiegen analyse (e.g. DRUP) o.b.v. TSO500*** RNA panel <input type="checkbox"/> Microsatelliet Instabiliteit (MSI) Analyse (PCR) <input type="checkbox"/> Mutatie analyse TERT promotor (hotspots) m.b.v. ddPCR <input type="checkbox"/> NTRK genherschikking IHC/FISH**/ RNASeq*** <input type="checkbox"/> Loss of Heterozygosity PCR Analyse (mits >50% tumorcellen) <input type="checkbox"/> NGS mutatie analyse o.b.v. PATHv2D onco-panel <sup>o</sup> (incl. mutatie analyse TP53)
Clonale relatie analyse tumoren*	≥50% neoplastische cellen + normaal weefsel meesturen	

Hemato-oncologische diagnostiek		
Clonaliteit B-celproliferatie		<input type="checkbox"/> IgVH en IgKappa light chain genherschikkingen d.m.v. BIOMED- 2 PCR
Clonaliteit T-celproliferatie		<input type="checkbox"/> TCRγ en TCRβ genherschikkingen d.m.v. BIOMED- 2 PCR
Agressief hooggradig B-cellymfoom		<input type="checkbox"/> MYC genherschikking (Breakapart FISH) <input type="checkbox"/> BCL2 genherschikking (Breakapart FISH) <input type="checkbox"/> BCL6 genherschikking (Breakapart FISH)
Folliculair B-cellymfoom		<input type="checkbox"/> BCL2 genherschikking (Breakapart FISH)
Burkitt's lymfoom		<input type="checkbox"/> MYC genherschikking (Breakapart FISH)
Mantel cell lymfoom		<input type="checkbox"/> CCND1 genherschikking (Breakapart FISH)**
MALT lymfoom		<input type="checkbox"/> MALT1 genherschikking (Breakapart FISH)**
Hairy cell leukemia		<input type="checkbox"/> Mutatie analyse BRAF codon V600 m.b.v. Idylla
Langerhanscelhistiocytose		<input type="checkbox"/> Mutatie analyse BRAF codon V600 m.b.v. Idylla
Mastocytose		<input type="checkbox"/> KIT codon D816 mutatie analyse (NGS/Sanger)
Waldenström		<input type="checkbox"/> Mutatie analyse MYD88 codon L265 m.b.v. ddPCR
Virusdiagnostiek		
EBV		<input type="checkbox"/> EBER mRNA ISH
High Risk (HR) HPV	cytologisch of FFPE materiaal	<input type="checkbox"/> HPV-HR bepaling m.b.v. Cobas (typering HPV 16, 18, of overig)
HR/Low Risk (LR)-HPV	Idem	<input type="checkbox"/> HPV HR/LR bepaling m.b.v. GP5+/6+ PCR + EIA
Sarcoomdiagnostiek		
Ewingsaroom, PNET		<input type="checkbox"/> EWSR1 genherschikking (Breakapart FISH)
Synoviosaroom		<input type="checkbox"/> SS18 (SYT) genherschikking (Breakapart FISH)
Atypisch lipomateuze tumor(ALT)/Liposaroom Myxoid liposaroom		<input type="checkbox"/> MDM2 genamplificatie (FISH) <input type="checkbox"/> DDIT3 (CHOP) + FUS genherschikking (Breakapart FISH)
Desmoplastische small round cell tumor		<input type="checkbox"/> EWSR1 genherschikking (Breakapart FISH)
Angiomatoid fibroos histiocytoom		<input type="checkbox"/> EWSR1 genherschikking (Breakapart FISH)
Clear cell saroom		<input type="checkbox"/> EWSR1 genherschikking (Breakapart FISH)
Alveolair Rhabdomyosaroom		<input type="checkbox"/> FOXO1 (FKHR) genherschikking (Breakapart FISH)
Laaggradig fibromyxoid saroom		<input type="checkbox"/> FUS genherschikking (Breakapart FISH)
Angiosaroom		<input type="checkbox"/> MYC genamplificatie (FISH)**
Dermatofibrosaroom protuberans		<input type="checkbox"/> COL1A1 genherschikking (Breakapart FISH)**
Agressieve fibromatose, desmoïd fibromatose		<input type="checkbox"/> Mutatie analyse CTNNB1 (β-Catenine) exon 3 (Sanger)
Overige diagnostiek		
DNA isolatie (FFPE,vries,cytologie,bloed)		<input type="checkbox"/> DNA isolatie t.b.v. _____
Weefselidentificatie	Referentiemateriaal nodig	<input type="checkbox"/> Microsatelliet (MS) Analyse (PCR)
MOLA compleet/partieel		<input type="checkbox"/> Di/Triploïdie bepaling (Aneuvysion FISH)
Anders:		<input type="checkbox"/>

\* Bij laag tumorcelpercentage of (kwalitatief) lage DNA opbrengst wordt mutatie analyse uitgevoerd m.b.v. Pyrosequencing, ddPCR en/of Idylla, en daarmee beperkt tot gerichte hotspot mutaties.

\*\* Analyse in validatietraject

\*\*\* potentieel pathogene MET exon 14 skipping varianten zullen worden bevestigd m.b.v. MET-QPCR, TSO500 RNA panel of Asuragen Quantidex RNA panel.

P De precieze genetische targets binnen het PATHv2D smMIP panel, TSO500 DNA en RNA panel, Asuragen Quantidex RNA panel, alsook het Avenio ctDNA panel zijn nader gespecificeerd op de pathologie MUMC+ website: <https://pathologie.mumc.nl/nl/aanvraagformulier-moleculaire-diagnostiek-incl-genpanel-informatie>