



Auftragsformular für Genetische Diagnostik
HTN | Hereditäre Tumorneigung

Patient(in): ☐ ambulant ☐ stationär

Name, Vorname _____ Geburtsdatum _____

☐ Weiblich ☐ Männlich [alternativ Patientenetikette aufkleben]

Adresse _____

☐ **Eilt** zwecks Therapieentscheidung

Auftraggeber:

Name inkl. ABTEILUNG & HIN E-Mail

Verordn. >10 Gene nur durch FMH Med. Genet.

Zusätzl. Berichtkopie an: (HIN E-Mail)

Klinische Angaben: Ethnische Abst.: _____ Blutsverwandtschaft der Eltern: ☐ Nein ☐ Ja _____

Die Analyse erfolgt ☐ präsymptomatisch ☐ diagnostisch (bei aktueller oder früherer Tumorerkrankung), bitte beschreiben:

Tumorpathologie (z.B. MSI, Immunhistochemie, Karyotyp):

Familienanamnese:

Rechnung an:

- ☐ Klinik - Patient(in) stationär
☐ Patient(in) (ambulant)
☐ **nur** mit beigefügter Kostengutsprache*
an Krankenkasse / IV
* bei fehlender Kostengutsprache Rechnung direkt
an Patient(in)
☐ Sonstiges _____

EDTA-Vollblut: Säuglinge je 1-2 ml, jüngere Kinder 2-3 ml, ältere Kinder und Erwachsene 5-10 ml, Versand des Vollblutes, ungekühlt, A Post

☐ EDTA-Vollblut _____ ml ☐ PAXgene RNAtube 2.5 ml ☐ Biopsiematerial aus _____

☐ sonstiges _____ Entnahmedatum: **x** _____

! Analysebeginn ☐ Sofort ☐ Nach Zustellung der Kostengutsprache an uns ☐ Nach erneuter Anmeldung

☐ **molekulargenetische Diagnostik** für (Krankheit oder spez. Gene angeben) (EDTA-Vollblut/Fibroblasten/DNA):

_____ ☐ Anhang mit Details beigefügt

Bestätigung des Patienten bzw. gesetzl. Vertreters:

Ich stimme der genetischen Testung bezüglich der oben genannten Indikation sowie falls nicht anders vermerkt, der Aufbewahrung meiner Untersuchungsprobe zur Qualitätskontrolle und für allfällige künftig von mir gewünschte Analysen zu. Ich bestätige, dass ich diesbezüglich eine adäquate Beratung erhalten habe und genügend Zeit hatte Fragen zu stellen und meinen Entschluss zu fassen. Ich wurde ferner darauf hingewiesen, dass ich für die Begleichung der Rechnung verantwortlich bin, unabhängig von meiner Krankenkasse → siehe oben*.

Falls Sie zum medizinischen Erkenntnisgewinn und künftigen Fortschritt beitragen möchten, können Sie uns die Verwendung der anonymisierten Analyseergebnisse mit klinischer Symptomatik für wissenschaftl. Publikationen erlauben: Ich stimme zu ☐ Ja ☐ Nein;

X _____ X _____ X _____
Ort Datum Unterschrift (Patient/gesetzl. Vertreter) Name in Blockschrift

Bestätigung des verordnenden Arztes:

Ich bestätige, dem o. g. Patienten oder seinem gesetzlichen Vertreter gemäss dem Gesetz über genetische Untersuchungen beim Menschen die verlangte Untersuchung auf angemessene Weise erklärt und seine Zustimmung erhalten zu haben.

Ort Datum Unterschrift (verordnender Arzt) Name in Blockschrift



Swiss Accreditation | sas.admin.ch | SMTS 0067

Universität Zürich | Institut für Medizinische Genetik | Genetisches Diagnostiklabor
Wagistrasse 12, 8952 Schlieren | Direktorin: Prof. Dr. med. Anita Rauch

+41 44 556 33 00 | labor@medgen.uzh.ch (HIN secured) | medgen.uzh.ch/labor

Labormanagerin: Alessandra Baumer, TP, PhD | alessandra.baumer@medgen.uzh.ch (HIN secured)

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

Allgemeine Kosten für Gendiagnostik	AL-Positionen	Preis CHF
DNA oder RNA Extraktion pro Primärprobe	6001.03	54.90
Auftragstaxe bei ambulanten externen Aufträgen	4700.00	21.60
Notwendige Untersuchung von Familienangehörigen je	6009.09	184.50
Gendiagnostik mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung 1-10 Gene	6247.60	2610.00
Gendiagnostik mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung 11-100 Gene	6248.61	2970.00
Gendiagnostik mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung über 100 Gene	6248.62	3420.00
MLPA für gezielte Fragestellungen (bekannte Mikrodeletionen/-Duplikationen)	z.B. 6247.55	315.00
☐ Mikroarray-Analyse für Mikrodeletionen/-Duplikationen	6107.35	1620.00
☐ X-Inaktivierungstestung	keine	350.00

Gen-Diagnostik mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung

für seltene erbliche Tumorerkrankungen, allenfalls zusätzliche Positionen bei auffälligen oder unklaren Befunden gemäss Analysenliste 6013.58, 6247.55, 6009.09; 4700.00; mögliche Kosten insgesamt ca. 2700-5100 CHF.

Für eine Kostenübernahme durch die Krankenversicherung im **ambulanten Bereich** ist vorgängig ein Kostengutsprachege such an den Versicherer auch für reguläre Positionen ratsam.

*: Gene markiert mit einem Stern sind nicht im Panel mit den Tumorprädispositionsgenen enthalten, die Analyse erfolgt je nach Fragestellung mittels Sanger- und/oder Exom-Sequenzierung.

Die Analyse folgender Gene hat sich als schwierig mittels Panel- und Exom-Sequenzierung erwiesen: CEBPA, FANCD2, MSH3. Alternative Analysemethoden stehen zur Verfügung.

Folgendes bekanntes Tumorprädispositionsgen lässt sich derzeit weder mittels Panel- noch Exom-Sequenzierung analysieren: CDKN1C. Die alternative Analysemethode erfolgt nach AL-Pos. Nr. 6271.56 und Zusatzpositionen [1354.50 CHF].

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

Gengruppen nach Begleitsymptomatik	Untersuchte Gene (möglicherweise sind weitere Gene bekannt, die nicht aufgeführt sind) Zusatzanalysen falls gewünscht bitte ankreuzen
☐ Endokrine Neoplasien AL-Positionen: 6244.60 u. a.	Multiple endokrine Neoplasie Typ I, II und IV (CDKN1B, MEN1, RET) Carney-Complex (PRKAR1A) Paragangliome/Phäochromocytome (KIF1B, MAX, MITF, RET, SDHA, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, TMEM127, TRIM37*, VHL) Hyperparathyreoidism-jaw tumor syndrome (CDC73) Von Hippel-Lindau Syndrom (VHL)
☐ Neoplasien mit hämatologischen Auffälligkeiten	Fanconi Anämie (BRCA1, BRCA2, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FANCU (=XRCC2), BAP1, BRIP1, GATA1*, PALB2, RAD51, RAD51C, SLX4) Baller-Gerold / Rapadilino / Rothmund-Thomson Syndrom (RECQL4) Emberger Syndrom (GATA2) Weitere Gene: ACD, ATM, BLM, , NF1, PRF1*, TERT ☐ zusätz. Sanger-Sequenzierung für Radioulnare Synostose mit amegakaryocytotischer Thrombozytopenie (HOXA11*)
☐ Grosswuchs/Makrozephalie AL-Positionen: 6271.60, 6271.55, 6271.56	Basalzell-Nävus/Gorlin Syndrom (PTCH1, SUFU) ☐ Beckwith-Wiedemann Syndrom (Sanger-Seq. CDKN1C*), ☐ plus Methylierungstest für Beckwith-Wiedemann-Syndrom (AL-Pos. 6271.55, 6004.05 [ca. 390 CHF]) Bohring-Opitz Syndrom (ASXL1*) CLOVE Syndrom (PIK3CA) Cowden/Hamartoma Syndrom (PTEN) GLOW Syndrom (DICER1) Neurofibromatose 1 (NF1) Perlman Syndrom (DIS3L2) Simpson-Golabi-Behmel Syndrom (GPC3) Sotos Syndrom (NSD1)
☐ Kleinwuchs/Mikrozephalie AL-Positionen: 6271.60, 6271.55, 6271.56	Ataxia Telangiectasia (ATM) (AL-Pos. 6256.55, 6256.56, 6256.60) Baller-Gerold / Rapadilino / Rothmund-Thomson Syndrom (RECQL4) Bloom Syndrom (BLM) Mosaic variegated aneuploidy (BUB1B*, CEP57*) Nijmegen breakage Syndrom (NBN) Nijmegen breakage Syndrom like (RAD50) Shwachmann-Bodian-Diamond Syndrom (SBDS*) Werner Syndrom (WRN*)

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

☐ **Neoplasien mit kutanen Befunden**

Basalzell-Nävus/Gorlin Syndrom (PTCH1, SUFU)
Birt-Hogg-Dubé Syndrom (FLCN)
Bloom Syndrom (BLM)
Brooke-Spiegler Syndrom (CYLD*)
Cowden/Harmeroma Syndrom (PTEN, AKT1)
Dyskeratosis congenita (ACD, CTC1*, DKC1*, NHP2*,
NOP10*, PARN*, RTEL1*, TERC*, TERT, TINF2*, WRAP53*)
Legius Syndrom (SPRED1)
Lipome (PTEN, SPRED1)
Neurofibromatose (NF1, NF2)
Peutz-Jeghers Syndrom (STK11)
Rothmund-Thomson Syndrom (RECQL4)
Tuberöse Sklerose (TSC1, TSC2)
Xeroderma pigmentosum (DDB2, ERCC1, ERCC2, ERCC3,
ERCC4, ERCC5, XPA, XPC)

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

Gengruppen nach Tumorart/-Lokalisation

- | | |
|--|---|
| ☐ Adrenokortikales Karzinom/ Adenom | TP53, CDKN1C*, MEN1, PRKAR1A (Hyperplasie) |
| ☐ Blasentumoren (siehe auch Rhabdomyosarkom) | MUTYH, Lynch-Syndrom Gene, STK11 (Polypen), HRAS* |
| ☐ Brust- und Eierstockkrebs | ☐ Mammakarzinompanel (Risiko >15% nach NCCN, 2.2021):
BRCA1, BRCA2, ATM, CDH1, CHEK2, NF1, PALB2, PTEN, RAD51C, RAD51D, STK11, TP53 (AL-Pos. 6241.60)
☐ Ovarialkarzinompanel (Risiko >10% nach NCCN, 2.2021):
BRCA1, BRCA2, BRIP1, MLH1, MSH2, MSH6, RAD51C, RAD51D, STK11, plus PMS2 und EPCAM (beide mit limitierter Evidenz für ein erhöhtes Risiko nach NCCN 2.2021) (AL-Pos. 6241.60)
☐ Brustkrebsgene gemäss SAKK-Empfehlung (2018):
BRCA1, BRCA2, ATM, CDH1, CHEK2, PALB2, PTEN, STK11, TP53 (AL-Pos. 6241.60)
☐ Fanconi Anämie-Gene: BRCA1, BRCA2, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FANCU (=XRCC2), BAP1, BRIP1, PALB2, RAD51, RAD51C, SLX4
☐ nur BRCA1 und BRCA2 (AL-Pos. 6241.60)
☐ Analyse folgender Gene: _____ |
| ☐ Darmtumoren (AL 6245.60 u.a.) | ☐ polypös: AKT1, APC, AXIN2*, BMPR1A, GREM1, Lynch-Syndrom Gene, MSH3, MUTYH, NTHL1, POLD1, POLE, PTEN, RNF43*, SMAD4, STK11
☐ serratiert: BMPR1A, MUTYH, PTEN, RNF43*, SMAD4
☐ Lynch-Syndrom Gene: MLH1, MSH2, MSH6, EPCAM, PMS1*, PMS2 (AL-Pos. 6242.60 plus 6242.55)
☐ nicht-polypös: CHEK2, GALNT12, MUTYH, PTEN, RPS20*, STK11
☐ Hamartome: AKT1, BMPR1A, PTEN, SMAD4, STK11, TSC1/2 |
| ☐ Gastro-/Duodenale Tumoren | APC, ATM, BLM, CDH1, DKC1*, KIT, Lynch-Syndrom Gene, MEN1, MUTYH, SMAD4, STK11, TP53
☐ Gastrointestinale Stromatumoren
☐ KIT, NF1, SDHA, SDHB, SDHC, SDHD, PDGFRA |
| ☐ Hauttumore, vorwiegend: | ☐ - Basalzellkarzinom
DDB2, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, PTCH1, SUFU, RECQL4, XPA, XPC, BAP1, TP53, HRAS*, CYLD*
☐ - Melanom
ACD, BAP1, BRCA1, BRCA2, CDK4, CDKN2A, DDB2, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, MC1R*, MITF, POT1, PTEN, RB1, SPRED1, STK11, TERF2IP, TERT, TP53, WRN*, XPA, XPC
☐ - Plattenepithelkarzinom
BAP1, BLM, BRIP1, DDB2, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, FANCA, FANCB, FANCC, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FANCU (=XRCC2), RAD51C, RECQL4, SLX4, TP53, XPA, XPC |

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

- Trichoepitheliom, Zylindrom, Spiradenom	☐ CYLD*
- Trichilemmom	☐ PTEN
- Talgdrüsentumor	☐ MSH2, MLH1, ev. MUTYH
- Myxom	☐ PRKAR1A
- Leiomyom	☐ FH, PTEN
☐ Hypophysentumoren (Pituitary gland)	AIP, MEN1, PRKAR1A
☐ Keimzellen-/drüsentumoren	GPC3, WT1, PRKAR1A, PTEN, TP53, STK11, DICER1, BLM, CDKN1C*
☐ Kopf-Hals-Tumoren	AKT1, BLM, DKC1*, MEN1, RECQL3*, VHL
☐ Knochentumoren	EXT1*, EXT2*, CDC73, TP53, WRN*, RECQL4, RB1, APC, MET, SUFU, PTCH1
☐ Lebertumoren	APC, BLM, CDKN1C*, Fanconi-Anämie Gene, GPC3, GPC4*, HNF1A*, IGF2*, PMS1*, SMARCA4, SMARCB1
☐ Leukämien, Lymphome	ATM, BLM, DKC1*, ETV6*, EZH2*, Fanconi-Anämie Gene, GATA1*, Lynch-Syndrom Gene, LZTR1, MLH1, MSH2, MSH6, NBN, NSD1, PMS2, PRF1*, RECQL4, TRIM37*, WRN*
	☐ separates Rasopathie-Panel
☐ Lungenkrebs	ATM, BAP1, BLM, DICER1, EGFR*, MEN1 (Karzinoid), STK11, TP53
☐ Myeloische hämatologische Erkrankungen	ACD, ATM, BAP1, BLM, BRCA2, BRIP1, BUB1B*, CEBPA, DKC1*, ETV6*, FANCA, FANCB, FANCC, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FANCU (=XRCC2), GATA2, KIT, NSD1, PALB2, RB1, RECQL4, RUNX1, SBDS*
- JMML	☐ CBL*, KRAS*, NF1, PTPN11*
	☐ separates Rasopathie-Panel
☐ Nebenschilddrüsentumoren	CASR, CDC73, FLCN, MEN1, NF1, RET
☐ Nervensystem-Tumoren	☐ APC, ASXL1*, BAP1, BLM, BRCA2, CDKN2A, CHEK2, DICER1, GPC3, GPC4*, Lynch-Syndrom Gene, LZTR1, MEN1, NBN, NF1, NF2, PALB2, POT1, PTCH1, PTEN, SMARCA4, SMARCB1, SMARCE1, SUFU, TP53, TSC1/2, RB1, VHL, WRN*
- Peripheres Nervensystem/ Nervenscheidentumoren	☐ ALK*, HRAS*, LZTR1, NF1, NF2, PTEN, PRKAR1A, SMARCB1, SPRED1
☐ Neuroblastom	ALK*, BRCA2, CDKN1C*, EZH2*, Fanconi-Anämie Gene, GPC3, HRAS*, KIF1B MLH1, MSH2, MSH6, NSD1, PMS2, PALB2, PHOX2B, PTPN11*, SOS1*
☐ Nierentumoren (exkl. Wilms-Tumor, siehe unten)	BAP1, BUB1B*, CDC73, DICER1, FH, FLCN, HNF1A*, MET, MITF, PTEN, SDHA, SDHB, SDHC, SDHD, SMARCA4, SMARCB1 (Rhabdoid Tumor), TRIM37*, TSC1/2, VHL
☐ Ösophagustumoren	Fanconi-Anämie-Gene, PMS2, PTEN (Polypen), RHBDF2, STK11 (Polypen), TP53
☐ Ovarialtumoren	Siehe Brust- und Eierstockkrebs
☐ Pankreastumoren	ATM, BAP1, BRCA1/2, CASR, CDKN2A, CFTR*, CTSC, FANCC, FANCG, MEN1, MLH1, MSH2, MSH6, PALB2, PMS2, PRSS1*, SPINK1, STK11, TP53, VHL

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

☐ Paragangliom, Phäochromozytom	FH, KIF1B, MAX, NF1, PRKAR1A, RET, SDHA, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, TMEM127, VHL
☐ Prostatatumor	ATM, ATR*, BARD1, BRCA1/2, BRIP1, CHEK1*, CHEK2, CDK12*, FAM175A, FANCA, FANCL, GEN1*, HOXB13, Lynch-Syndrom Gene, MRE11A, MUTYH, NBN, NBS1*, PALB2, PPP2R2A*, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD54L*, TP53
☐ Rhabdomyosarkom/ Rhabdomyom	BUB1B*, CDKN1C*, DICER1, HRAS*, MLH1, MSH2, MSH6, NBN, NF1/2, PMS2, PTCH1, SMARCA4, SMARCB1, SUFU, TP53, TSC1/2
☐ Retinoblastom (AL 6246.60 u.a.)	RB1, BLM
☐ Sarkome (siehe auch entsprechende Organe, Rhabdomyosarkom)	APC, BLM, CDKN2A, KIT, NF1, NF2, PDGFRA, PTCH1, RB1, RECQL4, SDHA, SDHB, SDHC, SDHD, SMARCA4, SMARCB1 (Rhabdoid Tumor), SUFU, TP53, WRN*
☐ Schilddrüsentumoren	APC, CHEK2, DICER1, MEN1, MLH1, MSH2, MSH6, PRKAR1A, PTEN, RET, SDHB, SDHD, STK11, TP53, TRIM37*, WRN*
☐ Uterustumoren - Zervix - Endometrium	☐ STK11, Fanconi-Anämie-Gene ☐ FH, Lynch-Syndrom Gene, MUTYH, PTEN, SDHB, SMAD4, TRIM37*
☐ Wilmstumor	ASXL1*, ev. BLM, BRCA2, BUB1B*, CDC73, CDKN1C*, CHEK2, DICER1, DIS3L2, Fanconi-Anämie Gene, FBXW7*, FWT1*, FWT2*, GPC3, GPC4*, KDM3B*, NSD1, NYNRIN*, PALB2, PAX6*, PIK3CA, REST*, TP53, TRIM28*, TRIM37*, WT1, XPO5* ☐ plus Methylierungstest für Beckwith-Wiedemann-Syndrom (AL-Pos. 6271.55, 6004.05 [ca. 390 CHF])

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

Gengruppen nach Syndromen

☐ Ataxia Telangiectasia	ATM (AL-Pos. 6256.55, 6256.56, 6256.60)
☐ Baller-Gerold Syndrom	RECQL4
☐ Beckwith-Wiedemann Syndrom	☐ CDKN1C* Sanger-Sequenzierung ☐ Methylierungstest (entdeckt Hauptmutationstyp) (AL-Pos. 6271.55, 6004.05 [ca. 390 CHF]) ☐ UPD11 (AL-Pos. 6299.54, Elternblut notwendig [ca. 833 CHF])
☐ Birt-Hogg-Dubé Syndrom	FLCN
☐ Bloom Syndrom	BLM, RecQL3* (AL-Pos. 6271.60, 6271.55, 6271.56)
☐ Brooke-Spiegler Syndrom	CYLD*
☐ Cardio-Facio-Cutanes Syndrom	☐ separates Rasopathie-Panel
☐ Carney-Complex	PRKAR1A
☐ Coffin-Siris Syndrom	SMARCA4, SMARCE1
☐ Costello-Syndrom	HRAS* (☐ für alle Rasopathien separates Panel)
☐ Cowden/Hammatoma Syndrom	PTEN, AKT1, PIK3CA
☐ Emberger Syndrom	GATA2
☐ Fanconi-Anämie	BRCA2, FANCA, FANCB, FANCC, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FANCU (=XRCC2), BRIP1, PALB2, RAD51C, SLX4, RAD51
☐ Gorlin-Basalzellnävus Syndrom	PTCH1, SUFU
☐ Hemophagocytic lymphohistiocytosis Typ 2	PRF1*
☐ Hoyeraal-Hreidarsson Syndrom	ACD, CTC1*, DKC1*, NHP2*, NOP10*, PARN*, RTEL1*, TERC*, TERT, TINF2*, WRAP53*
☐ Legius Syndrom	SPRED1
☐ Li-Fraumeni Syndrom	TP53 (AL-Pos. 6243.55, 6243.56, 6243.60), CHEK2
☐ Diffuses Magenkarzinom-lobuläres Mammakarzinom-Syndrom	CDH1
☐ Mosaic variegated aneuploidy	BUB1B*, CEP57*
☐ Neurofibromatose 1	NF1 (AL-Pos. 6214.55, 6214.56, 6214.60)
☐ Neurofibromatose 2	NF2 (AL-Pos. 6214.55, 6214.56, 6214.60)
☐ Nijmegen breakage Syndrom	NBN, RAD50 (Nijmegen breakage syndrome like)
☐ Perlman Syndrom	DIS3L2
☐ Peutz-Jeghers Syndrom	STK11
☐ Radioulnare Synostose mit amegakaryocytotischer Thrombozytopenie	HOXA11* (Sanger-Sequenzierung ca. 580 CHF)
☐ Rapadilino Syndrom	RECQL4
☐ Rothmund-Thomson Syndrom	RECQL4
☐ Shwachman-Bodian-Diamond S.	SBDS*
☐ Simpson-Golabi-Behmel Syndrom	GPC3
☐ Sotos Syndrom	NSD1 (AL-Pos. 6271.60, 6271.55, 6271.56)
☐ Tuberöse Sklerose	TSC1, TSC2
☐ Von Hippel-Lindau Syndrom	VHL
☐ Weaver Syndrom	EZH2* (AL-Pos. 6271.60, 6271.55, 6271.56)

Patientenetikette aufkleben !

Fakultativer Anhang

☐ Werner Syndrom	WRN*
☐ Xeroderma pigmentosum	DDB2, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, XPA, XPC

Panel-Sequenzierung von 113 Tumorprädispositionsgenen mit Analyse der angefragten Gene

Analysenlistenposition 6248.62 (CHF 3420), allenfalls zusätzliche Positionen bei auffälligen Befunden gemäss Analysenliste 6013.58, 6247.55, 6009.09; 4700.00; mögliche Kosten insgesamt bis ca. 5100 CHF

ACD, AIP, AKT1, APC, ATM, BAP1, BARD1, BLM, BMPR1A, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CASR, CDC73, CDH1, CDK4, CDKN1B, CDKN2A, CEBPA, CHEK2, CTRC, DDB2, DICER1, DIS3L2, EPCAM, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, FAM175A, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FH, FLCN, GALNT12, GATA2, GPC3, GREM1, HOXB13, KIF1B, KIT, LZTR1, MAX, MEN1, MET, MITF, MLH1, MRE11A, MSH2, MSH3, MSH6, MUTYH, NBN, NF1, NF2, NSD1, NTHL1, PALB2, PDGFRA, PHOX2B, PIK3CA, PMS2, POLD1, POLE, POT1, PRKAR1A, PTCH1, PTEN, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RB1, RECQL4, RET, RHBDF2, RINT1, RUNX1, SDHA, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, SLX4, SMAD4, SMARCA4, SMARCB1, SMARCE1, SPINK1, SPRED1, STK11, SUFU, TERF2IP, TERT, TMEM127, TP53, TSC1, TSC2, VHL, WT1, XPA, XPC, XRCC2

Mutationsscreening (geringere Sensitivität als Panel-Sequenzierung für Mosaik-Mutationen) in Tumorprädispositionsgenen mittels Exom-Sequenzierung und Analyse der angefragten Gene

Analysenlistenposition 6248.62 (CHF 3420), allenfalls zusätzliche Positionen bei auffälligen Befunden gemäss Analysenliste 6013.58, 6247.55, 6009.09; 4700.00; mögliche Kosten insgesamt bis ca. 5100 CHF