FOR ENGLISH VERSION SEE PAGE 2

Bei Einsendungen von Material zur Gen-Panel Analyse beachten Sie bitte folgende Hinweise. Erforderlich sind:

* 1µg Tumor-DNA, alternativ ein Kryo-Präparat **oder** FFPE-Block **oder** 10 Leerschnitte
* Ein aktueller HE-Schnitt des eingesandten Materials
* Falls Blut zur sichereren Identifikation von somatischen Mutationen eingesendet werden kann, sind 1µg Blut-DNA, alternativ 5ml EDTA-Blut erforderlich
* mindestens folgende Angaben: Name, Geburtsdatum, Geschlecht des Patienten, Lokalisation des Tumors, Primarius/Rezidiv, Vorbehandlung, externe Diagnose, externe molekulargenetische Befunde
* Einverständniserklärung des Patienten mit expliziter Anforderung einer Gen-Panel-Analyse von Tumor und ggf. Blut.
* Sollte Blut eingesendet werden, dient dies zur Verfeinerung der somatischen Mutations-Analyse und beinhaltet keine prädiktive humangenetische Untersuchung auf Keimbahn-Mutationen. Sollte jedoch eine Keimbahn-Variante identifiziert werden, beinhaltet die Einsendung das Einverständnis, über diese informiert werden zu können. Die Panel-Sequenzierung von Blut dient aber nicht dem Ausschluss von Keimbahn-Mutationen in den enthaltenen Genen.
* Angabe, ob zusätzlich eine 450k-Methylierungs- und Klassifkations-Untersuchung durchgeführt werden soll
* Einverständnis, die Kosten zu übernehmen und Angabe des Rechnungsempfängers (Kosten Panel-Sequenzierung Tumor 1800€, Tumor und Blut 3600€, 450k zusätzlich 1800€)
* Angabe der genauen Adresse für die Befundzustellung

Die Analyse ist bislang nicht klinisch validiert und läuft unter experimentellen Bedingungen. Insbesondere wird darauf hingewiesen, dass technisch bedingt einzelne vorliegende Varianten durch geringe Abdeckung der Region oder abschnittsweise geringere Sequenzier-Qualität maskiert sein können. Technisch bedingt werden auch Keimbahn-Informationen erhoben. Die Identifikation von Keimbahn-Mutationen ist jedoch nicht Ziel dieser Untersuchung. Eine Verwendung der Ergebnisse für therapeutische Entscheidungen liegt in der alleinigen Verantwortung des behandelnden Arztes.

Die Analyse dauert etwa 3 bis 4 Wochen.

Adresse:

Abt. Neuropathologie

GENE-PANEL

Universitätsklinikum Heidelberg

Im Neuenheimer Feld 224

69120 Heidelberg

Please adhere to the following important guidelines when sending samples for gene panel sequencing. Required material/information:

* 1µg Tumor-DNA, alternatively a cryo-sample **or** FFPE-block **or** 10 empty sections
* current H&E stained slide of the provided sample
* If blood for more accurate detection of somatic variants shall be submitted, 1µg blood-DNA, alternatively 5ml EDTA-Blut are necessary
* At least the following clinical data: Name, DoB, gender, localization, primary tumor/recurrence, previous treatment, external diagnosis, external molecular findings
* Consent of the patient, explicitly stating the request for panel sequencing of tumor and blood, also indicating whether or not the patient wants to get informed in case a hereditary aberration is found
* If blood is sent, this serves for refinement of somatic variant detection. It does not imply a predictive assessment comparable to a predictive analysis by a human geneticist. Germline variations may be reported and submission of blood implies consent to this. However, panel-sequencing of blood without reported variations does not rule-out germline mutations in the genes included.
* Sollte jedoch eine mit dem Tumor vermutlich in Zusammenhang stehende Keimbahn-Mutation identifiziert werden, beinhaltet die Einsendung das Einverständnis, über diese Mutation informiert werden zu können. Die Panel-Sequenzierung von Blut dient aber nicht dem Ausschluss von Keimbahn-Mutationen in den enthaltenen Genen.
* Statement whether also a 450k-methylation and classification analysis should be performed
* Consent to cover the cost and details of invoice recipient (Cost Panel-Sequencing Tumor 1800€, Tumor and blood 3600€, additional 450k 1800€)
* The address where the report shall be sent

The analysis is not clinically validated and is performed under experimental conditions. The method can potentially mask aberrations due to technical variations. For technical reasons, also germline data might be obtained. However, the analysis does not intend to identify germline aberrations. Application of the findings for treatment decisions is in the sole responsibility of the treating physician.

The analysis takes approximately 3 to 4 weeks.

Address:

Dept. of Neuropatholgy

GENE-PANEL

University Hospital Heidelberg

Im Neuenheimer Feld 224

D-69120 Heidelberg

Germany