

Zytogenetische Diagnostik: Verfügbare Analysen

FISH-Analysen für myeloische Neoplasien

AML Standardpanel (n=15)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
3	MECOM (EVI1)-Rearr. (3q26)	O
4	TET2 (4q24)	O
5	Sp15/EGR1 (5q31)/RPS14(5q33)	O
6, 9	DEK::NUP214 / t(6;9)(p23;q34)	O
7	KMT2E(7q22)/D7S522(7q31)/7cen	O
8, 20	CEP8/D20S108(20q12)/20qter(20q13)	O
8, 21	RUNX1::RUNX1T1 t(8;21)(q22;q22)	O
11	NUP98-Rearrangement (11p15)	O
11	KMT2A (MLL)-Rearr. (11q23)	O
12, 21	ETV6::RUNX1 t(12;21)(p13;q22)	O
13	DLEU/LAMP (13q14/13q34)	O
15, 17	PML::RARA t(15;17)(q24;q21)	O
16	CBFB::MYH11 inv16(p13q22)	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
X, Y	CEP X/Y	O

FISH-Analysen für lymphatische Neoplasien

B-ALL Standardpanel (n=17)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1, 19	TCF3 (E2A)::PBX1 t(1;19)(q23;p13.3)	O
5	PDGFRB (5q33)	O
6	SEC63 (6q21)/ MYB (6q23)	O
7	IKZF1 (7p12)/CDK6 (7q21)	O
7	KMT2E(7q22)/D7S522(7q31)/7cen	O
8	MYC-Rearrangement (8q24)	O
9	PAX5-Rearrangement (9p13)	O
9	CDKN2A/CENPP (9p21/ 9q22)	O
9	JAK2 (9p24)	O
9, 22	BCR::ABL1 t(9;22)(q34;q11)	O
11	KMT2A (MLL)-Rearr. (11q23)	O
12, 21	ETV6::RUNX1 t(12;21)(p13;q22)	O
14	IGH-Rearrangement (14q32)	O
14, 18	IgH::BCL2 t(14;18)(q32;q21)	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
X, Y	CRLF2-Rearr. (Xp22/ Yp11)	O
X, Y	CEP X/Y	O

MDS Standardpanel (n=13)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	CDKN2C/CKS1B (1p32/ 1q21)	O
3	MECOM (EVI1)-Rearr. (3q26)	O
4	TET2 (4q24)	O
5	Sp15/EGR1 (5q31)/RPS14(5q33)	O
7	KMT2E(7q22)/D7S522(7q31)/7cen	O
8, 20	CEP8/20q12)/20qter(20q13)	O
11	KMT2A (MLL)-Rearr. (11q23)	O
12, 21	ETV6(12p13) / RUNX1 (21q22)	O
13	DLEU/LAMP (13q14/13q34)	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
19	ZNF443(19p13.2)/GLTSCR1/CR2(19q13.3)	O
X, Y	CEP X/Y	O
X	Xq12	O

T-ALL Standardpanel (n=16)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	CDKN2C/CKS1B (1p32/ 1q21)	O
5	TLX3-Rearrangement (5q35)	O
6	SEC63 (6q21)/ MYB (6q23)	O
7	KMT2E(7q22)/D7S522(7q31)/7cen	O
7	TRB-Rearrangement (7q34)	O
8	MYC-Rearrangement (8q24)	O
9	CDKN2A/CENPP (9p21/ 9q22)	O
9, 22	BCR::ABL1 t(9;22)(q34;q11)	O
10, 11	PICALM::MLLT10 t(10;11)(p12;q14)	O
10	TLX1-Rearrangement (10q24)	O
11	SPI1-Rearrangement (11p11.2)	O
11	KMT2A (MLL)-Rearr. (11q23)	O
14	TCRA/D-Rearrangement (14q11)	O
14	IGH-Rearrangement (14q32)	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
X, Y	CEP X/Y	O

MPN/CML/CMMI Standardpanel (n=18)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	CDKN2C/CKS1B (1p32/ 1q21)	O
3	MECOM (EVI1)-Rearr. (3q26)	O
4	TET2 (4q24)	O
4	PDGFRA (4q12)	O
5	Sp15/EGR1 (5q31)	O
5	PDGFRB (5q33)	O
7	KMT2E(7q22)/D7S522(7q31)/7cen	O
8	FGFR1 (8p11)	O
8, 20	CEP 8(cen8)/D20S108 (20q12)/20qter(20q13)	O
9	JAK2 (9p24)	O
9	CDKN2A/CENPP (9p21/ 9q22)	O
9, 22	BCR::ABL1 t(9;22)(q34;q11)	O
11	KMT2A (MLL)-Rearr. (11q23)	O
12, 21	ETV6(12p13) / RUNX1 (21q22)	O
13	DLEU / LAMP (13q14/13q34)	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
19	ZNF443(19p13.2)/GLTSCR1/CR2(19q13.3)	O
X, Y	CEP X/Y	O

FISH-Analysen für lymphatische Neoplasien

B-Lymphom/NHL Panel (n=18)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	ABL2-Rearrangement (1q25)	O
3	BCL6-Rearrangement (3q27)	O
4	TET2 (4q24)	O
5	5p15/EGR1 (5q31)	O
6	SEC63 (6q21)/ MYB (6q23)	O
7	KMT2E (7q22)/ EZH2 (7q36)	O
8	MYC-Rearrangement (8q24)	O
11	11cen/ ATM (11q22.3)	O
11, 14	IgH::CCND1 t(11,14)(q13;q32)	O
12	12cen/ MDM2 (12q15)	O
13	DLEU/LAMP (13q14/13q34)	O
14, 18	IgH::BCL2 t(14;18)(q32;q21)	O
14	IGH-Rearrangement (14q32)	O
17	TP53/ NF1 (17p13/17q11)	O
18	MALT1 (18q21)	O
19	ZNF443(19p13.2)/GLTSCR1/CR2(19q13.3)	O
22	IGL-Rearrangement (22q11)	O
X, Y	CEP X/Y	O

FISH-Analysen für Plasmazellneoplasien

Multiples Myelom/MGUS Panel (n=14)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	CDKN2C/CKS1B (1p32/ 1q21)	O
4,14	IGH::FGFR3 t(4;14)(p16;q32)	O
5	D5S23/D5S721 (5p15.2)	O
8	MYC-Rearrangement (8q24)	O
9	CEP 9	O
9	CDKN2A/CENPP (9p21/ 9q22)	O
11	11cen/ ATM (11q22.3)	O
11, 14	IGH::CCND1 t(11,14)(q13;q32)	O
13	DLEU/LAMP (13q14/13q34)	O
14	IGH-Rearrangement (14q32)	O
14, 16	IGH::MAF t(14;16)(q32;q23)	O
15	CEP 15	O
17	TP53/NF1 (17p13/17q11)	O
19	ZNF443(19p13.2)/GLTSCR1/CR2(19q13.3)	O

T-NHL Panel (n=18)		O
Chromosom	Sonde	Einzelanforderung
1	1p36/1q25	O
2	ALK-Rearrangement (2p23)	O
3	BCL6-Rearrangement (3q27)	O
3	TP63/TBL1XR1 (3q28/ 3q26)	O
6	DUSP22 (6p25)	O
6	SEC63 (6q21)/ MYB (6q23)	O
7	TRB-Rearrangement (7q34)	O
8	MYC-Rearrangement (8q24)	O
9	CDKN2A/CENPP (9p21/ 9q22)	O
10	TLX1-Rearrangement (10q24)	O
11	11cen/ ATM (11q22.3)	O
11	KMT2A (MLL)-Rarr. (11q23)	O
13	DLEU/LAMP (13q14/13q34)	O
14	TCRA/D-Rearrangement (14q11)	O
14	TCL1A-Rearrangement (14q32)	O
17	TP53/ NF1 (17p13/17q11)	O
19	ZNF443(19p13.2)/GLTSCR1/CR2(19q13.3)	O
X, Y	CEP X/Y	O

Individuelle Anfragen können von uns auch nach Absprache bearbeitet werden Tel.: 0551/39-62077; Fax: 0551/39-13068239

Molekulargenetische Diagnostik: Verfügbare Analysen

= bitte ankreuzen

Rationale Diagnostik unter Berücksichtigung der 5. Ausgabe der WHO-Klassifikation hämatologischer Neoplasien (2022) und aktueller ICC-, ELN- und Onkopedia-Leitlinien

Myeloische Neoplasien und Klonale Hämatopoiese (CHIP) - Analysierbare Gene (n=57)																	
ANKRD26	<input type="checkbox"/>	CBL	<input type="checkbox"/>	EPOR	<input type="checkbox"/>	GNAS	<input type="checkbox"/>	JAK2	<input type="checkbox"/>	MYD88	<input type="checkbox"/>	PHF6	<input type="checkbox"/>	SAMD9**	<input type="checkbox"/>	TET2	<input type="checkbox"/>
ABL1	<input type="checkbox"/>	CDKN2A	<input type="checkbox"/>	ETNK1	<input type="checkbox"/>	GNB1	<input type="checkbox"/>	JAK3	<input type="checkbox"/>	NF1	<input type="checkbox"/>	PPM1D	<input type="checkbox"/>	SAMD9L**	<input type="checkbox"/>	TP53	<input type="checkbox"/>
ASXL1	<input type="checkbox"/>	CEBPA	<input type="checkbox"/>	ETV6/TEL	<input type="checkbox"/>	HRAS	<input type="checkbox"/>	KIT	<input type="checkbox"/>	NOTCH1	<input type="checkbox"/>	PRPF8	<input type="checkbox"/>	SETBP1	<input type="checkbox"/>	UBA1*	<input type="checkbox"/>
BCOR	<input type="checkbox"/>	CSF3R	<input type="checkbox"/>	EZH2	<input type="checkbox"/>	IDH1	<input type="checkbox"/>	KMT2A/MLL	<input type="checkbox"/>	NPM1	<input type="checkbox"/>	PTPN11	<input type="checkbox"/>	SF3B1	<input type="checkbox"/>	U2AF1	<input type="checkbox"/>
BCORL1	<input type="checkbox"/>	CUX1	<input type="checkbox"/>	FLT3	<input type="checkbox"/>	IDH2	<input type="checkbox"/>	KRAS	<input type="checkbox"/>	NRAS	<input type="checkbox"/>	RAD21	<input type="checkbox"/>	SRSF2	<input type="checkbox"/>	WT1	<input type="checkbox"/>
BRAF	<input type="checkbox"/>	DDX41	<input type="checkbox"/>	GATA1	<input type="checkbox"/>	IKZF1	<input type="checkbox"/>	MPL	<input type="checkbox"/>	PDGFRA	<input type="checkbox"/>	RUNX1	<input type="checkbox"/>	STAG2	<input type="checkbox"/>	ZRSR2	<input type="checkbox"/>
CALR	<input type="checkbox"/>	DNMT3A	<input type="checkbox"/>	GATA2	<input type="checkbox"/>										* bei V. a. VEXAS-Syndrom; ** nur beim Keimbahnprädispositionspanel		

Myelodysplastische Neoplasie (MDS)	<input type="checkbox"/>
NGS-Gen-Panel [54 Gene, s. Seite 7]	<input type="checkbox"/>
FLT3*	<input type="checkbox"/>
KMT2A-PTD (MLL-PTD)*	<input type="checkbox"/>
Verlauf/Einzelgene/bekannte Marker:	<input type="checkbox"/>

* für die Berechnung des IPSS-M nach Bernard et al. (NEJM Evidence 2022)

Akute myeloische Leukämie (AML) Erstdiagnose, Rezidiv/Progress	<input type="checkbox"/>
NGS-Gen-Panel [52 Gene, s. Seite 7]	<input type="checkbox"/>
FLT3 <input type="checkbox"/> NPM1 <input type="checkbox"/>	
AML-Genfusionscreening, erfasst:	
RUNX1::RUNX1T1 (AML1::ETO), BCR::ABL1, PICALM::MLLT10 (CALM::AF10), CBFβ::MYH11, NPM1::MLF1, KMT2A::MLLT3 (MLL::AF9), KMT2A::MLLT4 (MLL::AF6), KMT2A::ELL (MLL::ELL), DEK::NUP214 (DEK::CAN), PML::RARα, KMT2A-PTD (MLL-PTD)	

Akute myeloische Leukämie (AML) (Verlauf/MRD-Diagnostik)				
NPM1	Typ A <input type="checkbox"/>	Typ B <input type="checkbox"/>	Typ D <input type="checkbox"/>	andere: <input type="checkbox"/>
PML::RARα		Typ bcr1 <input type="checkbox"/>	bcr2 <input type="checkbox"/>	bcr3 <input type="checkbox"/>
BCR::ABL1		p210 <input type="checkbox"/>	p190 <input type="checkbox"/>	unbekannt <input type="checkbox"/>
CBFβ::MYH11		<input type="checkbox"/>		
RUNX1::RUNX1T1 (AML1::ETO)		<input type="checkbox"/>		
KMT2A-PTD (MLL-PTD)		<input type="checkbox"/>		
FLT3-ITD <input type="checkbox"/> FLT3-TKD <input type="checkbox"/>				
BCL2 bei V. a. Apoptose-Inhibitor-Resistenz (z. B. Venetoclax, Navitoclax)				<input type="checkbox"/>
IDH1/2 bei V. a. IDH1/2-Inhibitor-Resistenz (z. B. Enasidenib, Ivosidenib)				<input type="checkbox"/>
bei V. a. eine andere therapie-relevante Resistenz bitten wir um tel. Rücksprache				
Einzelgene/bekannte Marker:				

Myeloische Neoplasien mit Keimbahnprädisposition*					NGS-Panel	<input type="checkbox"/>
ANKRD26 <input type="checkbox"/>	CBL <input type="checkbox"/>	CEBPA <input type="checkbox"/>	DDX41 <input type="checkbox"/>	ETV6 <input type="checkbox"/>		
GATA2 <input type="checkbox"/>	RUNX1 <input type="checkbox"/>	SAMD9 <input type="checkbox"/>	SAMD9L <input type="checkbox"/>	TP53 <input type="checkbox"/>		

*nach WHO 2022; Khouri et al. 2022

VEXAS-Syndrom	UBA1	<input type="checkbox"/>
NGS-Gen-Panel [54 Gene, s. Seite 7]		<input type="checkbox"/>

Individuelle Anfragen können von uns auch nach Absprache bearbeitet werden Tel.: 0551/39-68239; Fax: 0551/39-13068239

Myeloproliferative Neoplasien (MPN)
bei PV/Polyglobulie: JAK2 <input type="checkbox"/>
MPN-NGS-Panel: JAK2, CALR, MPL <input type="checkbox"/>
BCR::ABL1 <input type="checkbox"/>
erweitertes NGS-Gen-Panel [49 Gene, s. Seite 7] <input type="checkbox"/>

Chronische myeloische Leukämie (CML)
BCR::ABL1 Erstdiagnose (qualitativ) <input type="checkbox"/>
BCR::ABL1 Verlauf (quantitativ) <input type="checkbox"/>
Kinase-Domäne-Mutationen bei V.a. (TKI)-Resistenz <input type="checkbox"/>

Myelodysplastische/myeloproliferative Neoplasie mit Neutrophilie (MDS/MPN-N) (aCML) Gen-Panel
MDS/MPN-N-NGS-Panel: ASXL1, CBL, CSF3R, ETNK1, SETBP1 <input type="checkbox"/>
erweitertes NGS-Gen-Panel [49 Gene, s. Seite 7] <input type="checkbox"/>

Chronische Neutrophilenleukämie (CNL)	CSF3R	<input type="checkbox"/>
---------------------------------------	-------	--------------------------

Hypereosinophilie NGS-Gen-Panel (HE, HES, CEL)
NGS-Panel: JAK2, KIT, STAT5B <input type="checkbox"/>
BCR::ABL1 <input type="checkbox"/>
NGS-Gen Panel inkl. Prognose-Mutationen (ASXL1, SRSF2, SF3B1, RUNX1, TET2, EZH2 oder CBL und andere) [49 Gene, s. oben] <input type="checkbox"/>
T-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis <input type="checkbox"/>

Chronische Myelomonzytäre Leukämie (CMML)
NGS-Gen-Panel [52 Gene, s. Seite 7] <input type="checkbox"/>

Mastozytose
KIT D816V (KM und PB) <input type="checkbox"/>
KIT (Exon 2-18) (aus KM bei KIT D816V Negativität) <input type="checkbox"/>
"S/A/R" Hochrisikoprofil-Gen-Panel bei SM: SRSF2, ASXL1, RUNX1 (nach Schwab et al. 2013) <input type="checkbox"/>
Prognostisches-NGS-Panel: ASXL1, DNMT3A, NRAS, SRSF2, RUNX1 (nach Jawhar et al. 2015; Pardanani et al. 2019; Muñoz-González et al. 2019) <input type="checkbox"/>

O = bitte ankreuzen

Lymphatische Neoplasien - Analysierbare Gene (n=32)

ARID1A	<input type="checkbox"/>	BTK	<input type="checkbox"/>	DNMT3A	<input type="checkbox"/>	IDH2	<input type="checkbox"/>	KMT2A(MLL)	<input type="checkbox"/>	NOTCH1	<input type="checkbox"/>	PLCG2	<input type="checkbox"/>	STAT3	<input type="checkbox"/>	TP53	<input type="checkbox"/>
BCL2	<input type="checkbox"/>	CARD11	<input type="checkbox"/>	EZH2	<input type="checkbox"/>	IKZF1	<input type="checkbox"/>	KRAS	<input type="checkbox"/>	NRAS	<input type="checkbox"/>	RUNX1	<input type="checkbox"/>	STAT5B	<input type="checkbox"/>	U2AF2	<input type="checkbox"/>
BIRC3	<input type="checkbox"/>	CD79B	<input type="checkbox"/>	FLT3	<input type="checkbox"/>	JAK2	<input type="checkbox"/>	MYD88	<input type="checkbox"/>	PHF6	<input type="checkbox"/>	SF3B1	<input type="checkbox"/>	TET2	<input type="checkbox"/>	WT1	<input type="checkbox"/>
BRAF	<input type="checkbox"/>	CXCR4	<input type="checkbox"/>	HRAS	<input type="checkbox"/>	JAK3	<input type="checkbox"/>	NF1	<input type="checkbox"/>								

Lymphom-NGS-Gen-Panel

					<input type="checkbox"/>											
BIRC3	<input type="checkbox"/>	CD79B	<input type="checkbox"/>	IDH2	<input type="checkbox"/>	NOTCH1	<input type="checkbox"/>	RUNX1	<input type="checkbox"/>							
BRAF	<input type="checkbox"/>	CXCR4	<input type="checkbox"/>	EZH2	<input type="checkbox"/>	IKZF1	<input type="checkbox"/>	NRAS	<input type="checkbox"/>	SF3B1	<input type="checkbox"/>					
BTK	<input type="checkbox"/>	DNMT3A	<input type="checkbox"/>	KRAS	<input type="checkbox"/>	PHF6	<input type="checkbox"/>	TET2	<input type="checkbox"/>							
CARD11	<input type="checkbox"/>	HRAS	<input type="checkbox"/>	MYD88	<input type="checkbox"/>	PLCG2	<input type="checkbox"/>	TP53	<input type="checkbox"/>							

Mantelzellymphom (MCL)

NGS-Panel: TP53, CDKN2A, NOTCH1	<input type="checkbox"/>
BCL2 bei V. a. Apoptose-Inhibitor-Resistenz (z. B. Venetoclax, Navitoclax)	<input type="checkbox"/>
Gen-Panel bei V. a. BTK-Inhibitor Resistenz: CARD11, BTK, BIRC3, PLCG2	<input type="checkbox"/>
B-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>

Akute lymphatische Leukämie (ALL)

BCR::ABL1 (Erstdiagnose; qualitativ)	<input type="checkbox"/>
BCR::ABL1 (Erstdiagnose; Verlauf; quantitativ)	<input type="checkbox"/>
T-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>
B-Zell-IGH-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>
NGS-Panel: Akute lymphatische Leukämie (T-ALL): DNMT3A, IKZF1, KRAS, NOTCH1, NRAS, PHF6, RUNX1	<input type="checkbox"/>
Kinase-Domäne-Mutationen bei V.a. (TKI)-Resistenz	<input type="checkbox"/>
<i>genetische Anomalien bei B-ALL siehe FISH-Analysen (Seite 7)</i>	

Follikuläres Lymphom (FL)

NGS-Panel*: ARID1A, BCL2, CARD11, EZH2, TP53	<input type="checkbox"/>
BCL2 bei V. a. Apoptose-Inhibitor-Resistenz (z. B. Venetoclax, Navitoclax)	<input type="checkbox"/>
CARD11 bei V. a. BTK-Inhibitor Resistenz	<input type="checkbox"/>
B-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>

*Pastore et al., Lancet Oncology 2016

Lymphom/NHL

B-Zell-IGH-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>
T-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>
Reife B-Zellneoplasien (B-NHL); Differenzierungs-Panel für reife B-Zellneoplasien	<input type="checkbox"/>
BRAF <input type="checkbox"/> CXCR4 <input type="checkbox"/> MYD88 <input type="checkbox"/> TP53 <input type="checkbox"/>	

Lymphoplasmazytisches Lymphom (Morbus Waldenström, Immunozytom)

NGS-Panel: MYD88, CXCR4	<input type="checkbox"/>
Gen-Panel bei V. a. BTK-Inhibitor Resistenz: BTK, CARD11, CD79B, CXCR4	<input type="checkbox"/>
B-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>

T-LGL-Leukämien und NK-LGL-Leukämien/“chronic lymphoproliferative disorders of NK-cells” (CLPD-NK)

NGS-Panel: STAT3, STAT5B, TET2	<input type="checkbox"/>
--------------------------------	--------------------------

T-Zell-Prolymphozytenleukämie (T-PLL)

T-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis (obligat; Onkopedia)	<input type="checkbox"/>
NGS-Panel: BCOR, DNMT3A, IDH2, JAK3, STAT3, STAT5B, TET2, TP53	<input type="checkbox"/>

Chronische lymphatische Leukämie (CLL)

IGH-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>
IGHV-Mutationsstatus	<input type="checkbox"/>
Mutationsanalyse	
TP53 <input type="checkbox"/> gemäß Onkopedia-Leitlinien	
Prognostisches CLL-NGS-Panel nach Rossi et al. (Blood 2013):	
BIRC3, NOTCH1, SF3B1, TP53	<input type="checkbox"/>
BCL2 bei V. a. Apoptose-Inhibitor-Resistenz (z. B. Venetoclax, Navitoclax u.a.)	<input type="checkbox"/>
Gen-Panel bei V. a. BTK-Inhibitor Resistenz (z. B. Ibrutinib, Acalabrutinib u.a.):	<input type="checkbox"/>
BTK, BCL2, CARD11, PLCG2, TP53	<input type="checkbox"/>

Splenisches Marginalzonen Lymphom (SMZL)

NGS-Panel: NOTCH1, TP53	<input type="checkbox"/>
Gen-Panel bei V. a. BTK-Inhibitor Resistenz: CARD11, PLCG2	<input type="checkbox"/>
B-Zell-TCR-Gamma-Klonalitätsnachweis	<input type="checkbox"/>

Burkitt-Lymphom(BL)/Burkitt-Typ ALL

TP53	<input type="checkbox"/>
------	--------------------------

weitere Anomalien (u.a. MYC) siehe FISH-Analysen (S. 3)

Haarzellleukämie (HZL)

BRAF	<input type="checkbox"/>
------	--------------------------

Plasmazellneoplasien (MGUS, Multiples Myelom)

MM-NGS-Panel: BRAF, KRAS, NRAS, TP53	<input type="checkbox"/>
bei V. a. Lenalidomid-Resistenz bitten wir um telefonische Rücksprache	

Individuelle Anfragen können von uns auch nach Absprache bearbeitet werden Tel.: 0551/39-68239; Fax: 0551/39-13068239