



Checkliste - Patient*innen mit Lungenkrebs

Keimbahnanalytik und erweiterte Tumoranalytik zum genetischen Tumorrisiko

Wenn möglich, dieses Dokument bitte digital ausfüllen und einreichen.

Patient*in	
Name, Vorname in Druckbuchstaben	Geburtsdatum
Tumorerkrankung (Histologie des Lungenkrebses)	Alter bei Diagnosestellung
nNGM Zentrum	
Tumorblock verfügbar bei (Pathologie/nNGM Zentrum angeben)	

Das Forschungsvorhaben nNGM-Task Force 5 Genetisches Tumorrisiko untersucht Patient*innen mit fortgeschrittenem nicht-kleinzelligem Bronchial-/Lungenkarzinom (NSCLCs) und führt eine Genomsequenzierung (WGS) aus Blut und parallel eine Exomsequenzierung (WES) des Tumors durch, um nach möglichen Keimbahnvarianten zu suchen, die ein genetisches Tumorrisikosyndrom bei dem/der Patient*in bedingen und damit eine genetische (erbliche) Ursache für die Krebsentstehung bedeuten können. Der Nachweis eines genetischen Tumorrisikosyndroms hat insbesondere auch Auswirkungen auf die Angehörigen des/der Patient*in, für die sich ebenfalls eine genetische Testung empfiehlt, sowie die Formulierung von spezifischen Vorsorgemaßnahmen.

Allg. Teilnahmevoraussetzung: Patient*in ist im nNGM registriert und Tumordiagnostik (Panel-Sequenzierung) ist abgeschlossen, die allgemeine nNGM Forschungseinwilligung liegt vor.

Nie-Raucher Raucher seit Jahren (Packungen/Tag) geraucht für Jahre / aufgehört vor Jahren

Einschlusskriterien für nNGM-TF5:

Patient*in mit Lungenkrebs und Erkrankungsalter (Erstdiagnose) < 50 Jahre

ODER Patient*in mit Lungenkrebs, Erkrankungsalter > 50 Jahre und... (zutreffendes bitte ankreuzen)

eine oder mehrere weitere Tumorerkrankungen zeigt zusätzlich zum NSCLCs

weitere Tumorerkrankungen (Lokalisation)	Erkrankungsalter
--	------------------

min. einen Verwandten ersten Grades (Eltern, Geschwister, Kinder) mit Tumorerkrankungen hat

Verwandtschaftsgrad	Tumorerkrankung und Erkrankungsalter
---------------------	--------------------------------------

min. 2 Verwandte zweiten Grades (Onkel/Tante, Cousin/e, Großeltern) mit Tumorerkrankungen hat, davon einer mit einem Erkrankungsalter < 50 Jahren

Verwandtschaftsgrad (mütterl. od. väterl. Seite?)	Tumorerkrankung und Erkrankungsalter
---	--------------------------------------

(sollten die Felder nicht ausreichen, bitte auf einem Extrablatt ergänzen - vielen Dank)

Verwandtschaftsgrad (mütterl. od. väterl. Seite?)	Tumorerkrankung und Erkrankungsalter
---	--------------------------------------

in der Tumorsequenzierung den Verdacht auf eine pathogene Keimbahnvariante für eine Tumorpredisposition erhält

Gen	genaue Variantenbezeichnung (nach HGVS/HGNC auf chromosomaler oder Transkriptebene)
-----	---

eine seltene Tumordiagnose aufweist (sarcomatoid, Speicheldrüsen-Typ, großzellig, adenosquamös, histozytäre non-Langerhans Tumore u.a. seltene Tumore; <6/100.000 pro Jahr; <https://www.rarecancerseurope.org>)

Trifft min. einer der o. g. Punkte zu, ist der Einschluss in das Forschungsprojekt nNGM-TF5 indiziert. Bitte sprechen Sie mit Ihrer/m Patient*in über die Möglichkeit zur Teilnahme an der Studie nNGM TF5 Genetisches Tumorrisiko - Genomsequenzierung zur Keimbahnanalyse und erweiterte Tumoranalyse mittels Exomsequenzierung

- Weitere Schritte:**
1. Patienteninformation an den/die Patient*in aushändigen
 2. Studieneinwilligung "Einwilligung Genetisches Tumorrisiko" ausfüllen und unterschreiben lassen
 3. Patient*innen-Fragebogen ausfüllen lassen (optional)
 4. Blutentnahme (2x 9mL EDTA-Blut)
 5. Studieneinwilligung "Einwilligung Genetisches Tumorrisiko", diese Checkliste, Patientenfragebogen (optional), **onkologische Vorbefunde** und Blutprobe ans Institut für Klinische Genetik, Uniklinikum Dresden schicken (Anschrift siehe unten)