

Erbliche Tumorerkrankungen

Ärztliche Fachinformation Panel-Analyse bei erblichen Tumorerkrankungen

<p>Basalzell-Nävus-Syndrom/Gorlin-Goltz-Syndrom</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> Nevoid Basal Cell Carcinoma Syndrome - GeneReviews® - NCBI Bookshelf</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>PTCH1, SUFU</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Brook-Spiegler-Syndrom</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> Genereviews: CYLD Cutaneous Syndrome</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>CYLD</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Erblicher Brust-und Eierstock-Krebs-Syndrom (HBOC) Erbliche Disposition für Brust- und Eierstockkrebs</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> BRCA1- and BRCA2-Associated Hereditary Breast and Ovarian Cancer - GeneReviews® - NCBI Bookshelf PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene – Erbliches Brust und Eierstockkrebs-Syndrom (HBOC):</u> <i>BRCA1, BRCA2, PALB2</i> <u>Erweitertes Panel – erbliche Disposition für Brust- und Eierstockkrebs:</u> <i>CHEK2, ATM, BARD1, RAD51C, RAD51D</i></p>

	<p><u>Erweitertes Panel – Syndromale Brustkrebsrisikogene (nur nach fachärztlicher medizinisch-genetischer Beratung):</u> <i>TP53, STK11, PTEN</i></p> <p><u>Erweitertes Panel Eierstockkrebs:</u> <i>BRIP1, MLH1, MSH2, MSH6, EPCAM (EPCAM nur Kopienzahlanalyse)</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Erbliches Pankreaskarzinom</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>BRCA1, BRCA2, PALB2, CDKN2A, ATM, STK11</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Erbliches Phäochromozytom /Paragangliom</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> Hereditary Paraganglioma-Pheochromocytoma Syndromes PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>SDHB, SDHC, SDHD, SDHAF2, VHL, MAX, TMEM127, FH, RET</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Erbliches Prostatakarzinom</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>BRCA1, BRCA2, CHEK2, ATM, HOXB13 (p.G84E;rs18213197), MLH1, MSH2 (incl. EPCAM-Del), MSH6</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann</p>

	um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).
Familiäres atypisches multiples Muttermal- und Melanom-Syndrom (FAMMM)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> PanelApp Zocchi et al., 2021; PMID: 34442055</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>CDK4, CDKN2A, BAP1, POT1, ACD, TERF2IP, TERT</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
Familiäres Retinoblastom (RB)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Retinoblastoma</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>RB1</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
Fanconi-Anämie (FA)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal rezessiv</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Fanconi Anemia PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>FANCA, FANCB, FANCC, FANCD1/BRCA2, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCI/BRIP, FANCL, FANCM, FANCN/PALB2, FANCO/RAD51C, FANCP/SLX4, FANCO/ERCC4, FANCS/BRCA1</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
Hereditäre Leiomyomatose und Nierenzellkarzinom (HLRCC)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> PanelApp</p>

	<p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>FH</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 2:</u> <i>VHL, FLCN, BAP1, MET</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 3:</u> <i>SDHB, SDHC, SHDD, PTEN</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Hereditäres diffuses Magenkarzinom (HDGC)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Hereditary Diffuse Gastric Cancer</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>CDH1, CTNNA1</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Hyperparathyreoidismus-Jaw-Tumor-Syndrom Hyperparathyreoidismus</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: CDC73-Related Disorders Eastell et al., 2014, PMID: 25162666 Marini et al., 2017, PMID: 28740527</p> <p><u>Untersuchte Gene (Hyperparathyreoidismus-Jaw-Tumor-Syndrom):</u> <i>CDC73 (HRPT2)</i></p> <p><u>Untersuchte Gene (Hyperparathyreoidismus):</u> <i>MEN1, RET, CDC73 (HRPT2), CDKN1B, CASR, AP2S1, GNA11, PTH und GCM2</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Konstitutive Mismatch-Reparatur Defizienz (CMMRD)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal rezessiv</p> <p><u>Information</u></p>

	<p>Feedback anfordner</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>MLH1, MSH2 (incl. EPCAM-Del), MSH6, PMS2</i></p> <p><u>Zusatz-Analyse:</u> gMSI (germline microsatellite instability) Assay</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 2 / Differentialdiagnose CMMRD-like Syndrom:</u> <u>Erbgang:</u> Autosomal dominant <i>POLE, POLD1</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Li-Fraumeni-Syndrom (LFS)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Li-Fraumeni Syndrome</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>TP53</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Lynch Syndrome (LS; Hereditäres nicht- polypöses Kolonkarzinom; HNPCC)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Lynch Syndrome PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>MLH1, MSH2 (incl. EPCAM-Del), MSH6, PMS2</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Meningeoma</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p>

	<p><u>Information</u> GeneReviews: Neurofibromatosis 2</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>BAP1, NF2, SMARCB1, SMARCE1, SUFU</i> und <i>PTEN</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Multiple endokrine Neoplasie Typ 1 (MEN1)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Multiple Endocrine Neoplasia Type 1</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>MEN1</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache)</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Multiple endokrine Neoplasie Typ 2 (MEN2)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Multiple Endocrine Neoplasia Type 2</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>RET</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Neurofibromatose Typ 1/Legius Syndrom (NF1/LS)/ LZTR1-assoziierte isolierte Café au lait-Flecken</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Neurofibromatosis 1 GeneReviews: Legius Syndrom PanelApp LZTR1-assoziierte isolierte Café au lait-Flecken (Mastromoro et al. 2024, PMID: 39140257)</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>NF1, SPRED1, LZTR1</i></p>

	<p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Neurofibromatose Typ 2/Schwannomatose (NF2, Schwannomatose)</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Neurofibromatosis 2</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>NF2, SMARCB1, LZTR1</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 2:</u> <i>SMARCE1, NF1</i> (wenn differential-pathologisch auch ein Neurofibrom in Frage kommt)</p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut Ggf. wichtig für mRNA-Transkriptanalyse: Ungekühlt verschickte Blutproben sollten spätestens 3 Tage nach Blutabnahme in unserem Labor ankommen!</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
<p>Polyposis Syndrome</p>	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant, Ausnahme <i>MUTYH</i>-, <i>NTHL1</i>-assoziierte Polyposen: Autosomal rezessiv</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: APC-Associated Polyposis Conditions GeneReviews: MUTYH-Polyposis GeneReviews: Juvenile Polyposis Syndrome GeneReviews: PTEN Hamartoma Tumor Syndrome (incl. Cowden syndrome) GeneReviews: Peutz-Jeghers Syndrome GeneReviews: Lynch Syndrome (Differentialdiagnose) PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene – adenomatöse Polyposis Stufe 1 (FAP/MAP):</u> <i>APC, MUTYH</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – adenomatöse Polyposis Stufe 2 (AFAP):</u> <i>POLE, POLD1, NTHL1, MSH3, MLH3</i></p> <p><u>Untersuchte Gene –Stufe 3 (alle Polyposis-Syndrome):</u> <i>PTEN, STK11, BMPR1A, SMAD4, GREM1</i>-Duplikation</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 4 (sehr seltene Polyposis-Syndrome):</u> <i>AXIN2, BUB1, MBD4</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Cowden-Syndrom/hamartöse Polypen:</u> <i>PTEN</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Peutz-Jeghers-Syndrom:</u> <i>STK11</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Juvenile Polyposis:</u> <i>BMPR1A, SMAD4</i></p> <p><u>Untersuchte Gene – Differentialdiagnose Lynch Syndrom:</u> <i>MLH1, MSH2</i> (incl. <i>EPCAM</i>-Del), <i>MSH6, PMS2</i></p> <p><u>Material:</u></p>

	<p>2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
RASopathie/Noonan-Syndrom	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant (alle Gene) Autosomal dominant oder autosomal rezessiv (<i>LZTR1</i>)</p> <p><u>Information</u> PanelApp Grant et al., 2018; PMID: 30311384 Motta et al., 2021; PMID: 34626534</p> <p><u>Untersuchte Gene – Stufe 1:</u> <i>BRAF, CBL, HRAS, KRAS, LZTR1, MAP2K1, MAP2K2, MAPK1, MRAS, NF1, NRAS, PPP1CB, PTPN11, RAF1, RASA2, RIT1, RRAS, RRAS2, SHOC2, SOS1, SOS2, SPRED1, SPRED2</i></p> <p><u>Material:</u> 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
Tuberöse Sklerose (TSC)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> GeneReviews: Tuberous Sclerosis Complex PanelApp</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>TSC1, TSC2</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>
Von Hippel Lindau Syndrom (VHL)	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> Genereviews: Von Hippel-Lindau Syndrome</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>VHL</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann</p>

	um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).
Wilms Tumor/Beckwith-Wiedemann	<p><u>Erbgang</u> Autosomal dominant</p> <p><u>Information</u> Genereviews: Wilms Tumor Predisposition https://panelapp.genomicsengland.co.uk/panels/1108/ (Mahamdallie, 2019. PMID: 30885698)</p> <p><u>Untersuchte Gene:</u> <i>WT1, CDKN1C, CTR9, FBXW7, KDM3B, NYNRIN, REST, TRIM28</i></p> <p><i>MLPA nachschauen</i></p> <p><u>Material:</u> Alle außer Kleinkind: 2x 4 ml EDTA-Blut (o.a. Gewebe nach Rücksprache) Kleinkind (<2 Jahre): min. 2x 1,5 ml EDTA-Blut</p> <p><u>Bearbeitungszeit</u> Durchschnittlich 4-8 Wochen. In Einzelfällen (z.B. bei Therapie-Relevanz) kann um eine kürzere Bearbeitungszeit gebeten werden (auf Anforderungsbogen vermerken).</p>