# Landelijke PALGA Protocol:

# Moleculaire bepalingen

# Inhoudsopgave

Algemeen

Overzicht van aanpassingen per uitgebrachte versie

Handleiding

- Scherm 1 Algemeen
- Scherm 2 NGS import management
- Scherm 3 Sequentie analyse
- Scherm 4 Overige moleculaire analyse
- Scherm 5 Protocollaire verslaglegging (PV)
- Scherm 6 Conclusie en Diagnose
- Controle knop
- Informatie (BlauweBolletjes)

Gecomprimeerd totaaloverzicht van gegevens en gebruikers opties

Overzicht van geparametriseerde rubrieken

- Het aan / uitzetten van rubrieken
- Scherm 7 ADMIN: Datasheet
- Scherm 8 ADMIN: Default antwoordem
- Scherm 9 ADMIN: Laboratoria
- Scherm 10 ADMIN: NGS platform
- Scherm 11,12,13 ADMIN: Namen van functionarissen
- Scherm 14 ADMIN: KMBP
- Scherm 15 ADMIN: Overig klinische interpretatie vaste teksten
- Scherm 16 ADMIN: Overig Moleculaire interpretatie vaste teksten
- Scherm 17 ADMIN: Overig Moleculaire resultaat vaste teksten
- Scherm 18 ADMIN: Sequentie Analyse Klinische interpretatie vaste teksten
- Scherm 19 ADMIN: Sequentie Analyse Moleculaire interpretatie vaste teksten
- Scherm 20 ADMIN: Genen Basis set
- Scherm 21 ADMIN: Gevraagd onderzoek Clonaal
- Scherm 22 ADMIN: Gevraagd onderzoek Differentiaal diagnose
- Scherm 23 ADMIN: Gevraagd onderzoek Overig
- Scherm 24 ADMIN: Gevraagd onderzoek Therapiekeuze

Overzicht Gene bassiset

Gebruik toetsenbord

Import – export admin database

Contact gegevens

# Algemeen

Dit protocol is gebaseerd op de richtlijnen (juni 2012) Commissie Moleculaire Diagnostiek in de Pathologie (CMDP) en de Werkgroep Moleculaire Diagnostiek in de Pathologie (WMDP) van de Nederlands Vereniging Van Pathologie (NVVP) en ontwikkeld door de stichting Pathologisch-Anatomisch Landelijk Geautomatiseerd Archief (PALGA).

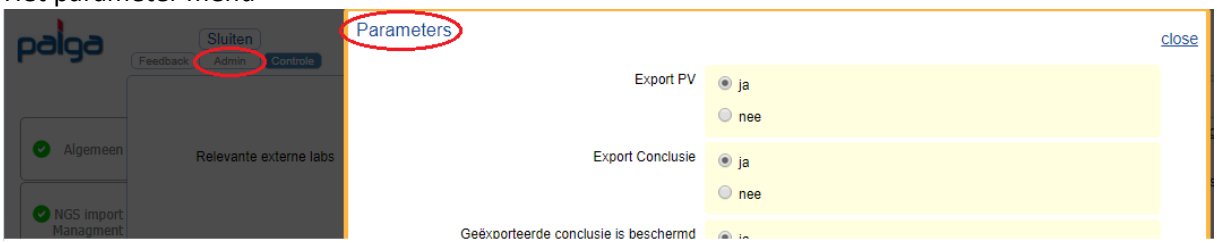
Het protocol is oproepbaar middels de volgende aardmaterialen:

- Volgens de landelijke lijst van aardmaterialen van de NVVP

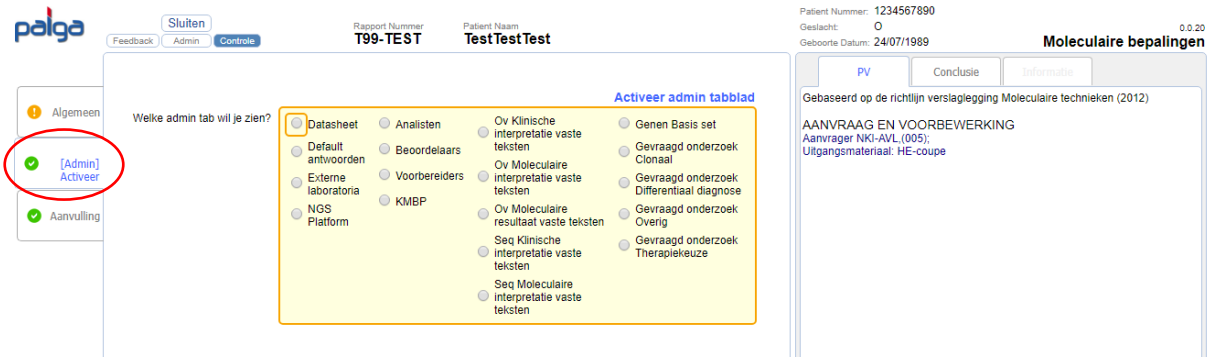
Het protocol kent een aantal instelbare parameter en default waarden. Deze gelden op laboratoriumniveau voor alle gebruikers van dit protocol. De laboratoriumparameters worden geadministreerd in een aparte file binnen de Protocolmodule en heeft een PCP login.

Uitzetten van 1 of meer parameters in de bijbehorende parameterfile betekent dat evt. bijbehorende optionele rubrieken verdwijnen van het scherm en uit het Protocollair verslag en ook evt. bijbehorende teksten uit de conclusie.

Het parameter menu




Het administrator tabblad wordt alleen zichtbaar met PCP login.



# Overzicht van aanpassingen per uitgebrachte versie

## Versie 1 (18-12-2015)

Initiële versie. In deze versie in de mutatie analyse voor het Coloncarcinoom uitgewerkt. Verdere analyses kunnen middels vrije tekstvelden.

## Versie 2 (25-02-2016)

1. Niet verplichte rubrieken “beoordeelaar” opgenomen in de parameterset.

## Versie 3 (15-06-2016)

2. Technische update

## Versie 4 (22-06-2016)

3. Extra rubriek “Datasheet moleculaire test”. Deze is ook opgenomen in de parameterset en kan worden gevuld met datasheets vanuit de PALGA website.

## Versie 5 (25-06-2016)

4. Bugfix, verwijzing datasheet in parameterset

## Versie 6 (24-11-2016)

5. Wijziging in Tab “NGS” keuzes aangepast in “bepaald” en “niet bepaald”
6. Rubriek “Mutatie” met keuzes “aangetoond” en “niet aangetoond” verschoven naar de tabs “KRAS”, “NRAS” en “BRAF”
7. Tabblad “Mol analyse” uitgebreid met dropdown rubrieken “Keuze moleculair analyse”, “Keuze moleculair interpretaties” en “Keuze klinische interpretaties”
8. In de PCP modus is ruimte voor 25 vaste teksten in de rubrieken “Moleculair analyse”, “Moleculair interpretaties” en “Klinische interpretaties”
9. Versturen protocol kan alleen met de rol “KMBP”.

## Versie 7 (20-02-2017)

10. Aanpassing in default instelling van “eigen organisatie” in de PCP -modes
11. Extra rubriek “aardmateriaal” als dropdown menu, op basis van de landelijke NVVP lijst
12. Rubrieken “KRAS mutatie”; “NRAS mutatie” en “BRAF mutatie” automatisch op keuze “bepaald” bij keuze “mutatie-analyse coloncarcinoom” en “NGS” in de rubriek “Gebruikte techniek”
13. De 25 vrije tekstvelden worden in dropdown menu op gerangschikt op alfabet in het protocol zelf. Daarmee kunnen tussenliggende rubrieken die vervallen, leeggemaakt kunnen worden en de naam “zzzz” meekrijgen. En komen dat onderaan te staan.
14. De referentie sequentie NRAS en BRAF zijn aangepast.

## Versie 8 (03-04-2017)

15. Bugfix, gemuteerde vrije teksten bij meerdere inzendingen worden nu vastgehouden
16. Bugfix, meerdere inzendingen ook zichtbaar in leidend pathologiesysteem

### Versie 9 (01-07-2017) t/m 19 (21-11-2017)

17. Moleculaire bepalingen PATH test versies

### Versie 20 (27-11-2017)

18. Landelijke release Moleculaire bepalingen, hierin is de voorziening voor de import van NGS data
19. Per ingelezen dataset voor NGS gaan alleen de eerste 15 mutatieregels naar de landelijke databank
20. Complete herziening van de Protocollen Controle Panel (PCP modus)
21. "Versturen" van het protocol kan alleen met de rol van "KMBP", instellen in het lokale LMS systeem

### Versie 21 (08-01-2018)

22. Extra rubriek "Overige genen niet beoordeelbaar", niet verplicht rubriek. Geeft een vaste zin in de PV "Overige genen niet beoordeelbaar"
23. Vaste zin "De kwaliteit en/of kwantiteit van het DNA is onvoldoende voor een betrouwbare interpretatie van de sequentie-analyse" wordt getoond in de PV bij Kwaliteit DNA = onvoldoende OF als Hoeveelheid DNA = onvoldoende
24. Bugfix, gewijzigde infotekst Genen werd niet weergegeven in de PV

### Versie 22 (30-01-2018)

25. Rubriek "Percentage neoplastische cellen beoordeeld door:" verplicht veld en in de PV
26. Vaste zin "De kwaliteit en/of kwantiteit van het DNA is onvoldoende voor een betrouwbare interpretatie van de sequentie-analyse" vervalt

### Versie 23 (08-02-2018)

27. Technische update

### Versie 24 (26-02-2018)

28. Bugfix Percentage neoplastische cellen" werd niet getoond bij keuze "anders" bij Aanvrager
29. Bij 2$^{e}$ en of 3$^{e}$ inzending en bij "ja ( hetzelfde DNA sample 1$^{e}$ of 2e bepaling) de rubrieken gelijk aan 1$^{e}$ sample of 2$^{e}$ sample ingevuld getoond worden, maar muteerbaar

### Versie 25 (26-03-2018)

30. Uitbreiding van keuze "NGS platform anders" naar 5 invul mogelijkheid

### Versie 26 (28-03-2018)

31. Bugfix, mutatie infoveld platform

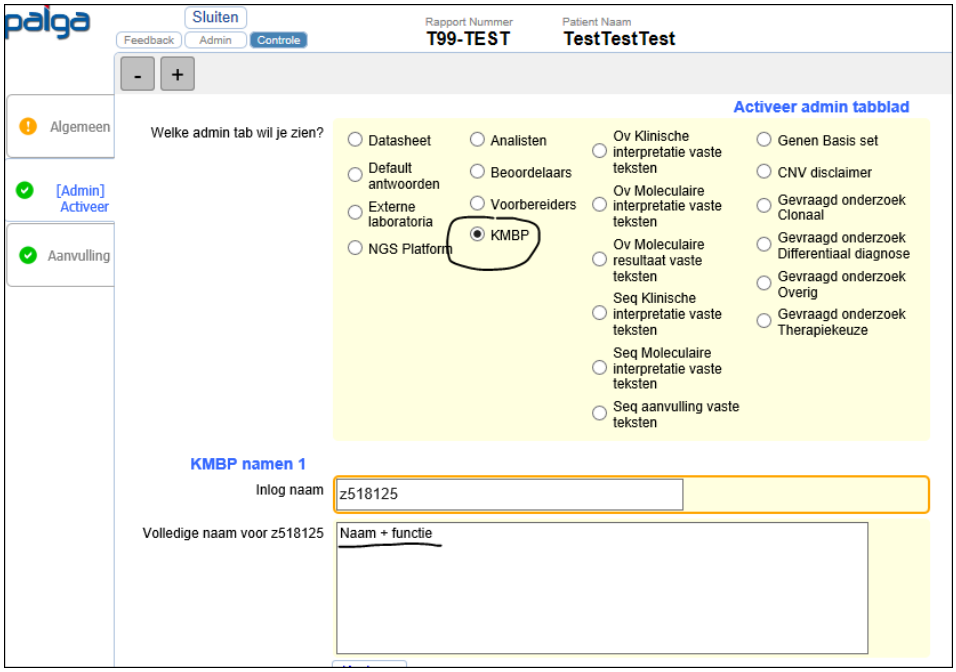
### Versie 27 (12-04-2018)

32. Bugfix, mutatie infoveld platform in de PCP modus

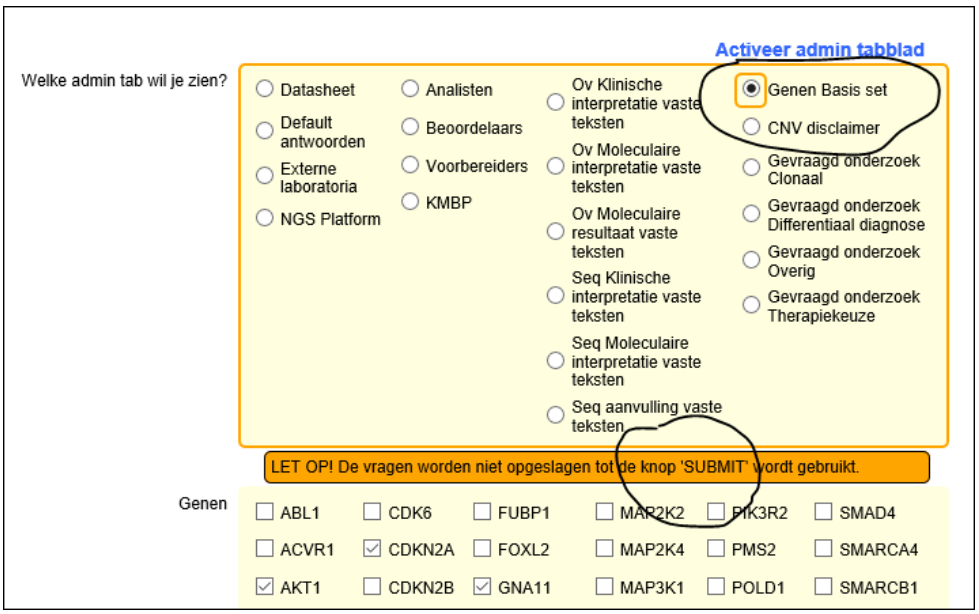
### Versie 28 (11-06-2018)

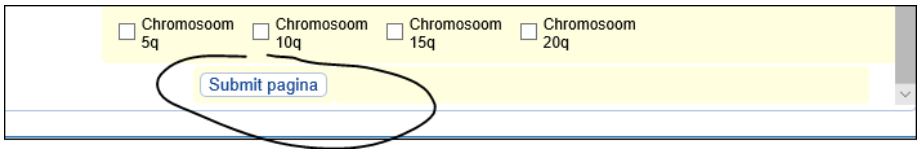
33. Aanpassing, rubriek naam "Referentienummer geneset x" wordt veranderd in "Referentie variantenlijst x" in de tab Import Management
34. Tab naam "NGS Impost Management" wordt veranderd in "Import Management"

35. Extra keuzes “MassARRAY”; “HRM”; Idylla”; “Cobas” en “ddPCR” bij rubriek “Gebruikte techniek”
36. In parameterset kolomen “build”; “Chr”; “Start”; “Ref” en “Alt” onderdrukken voor alle keuzes uit “Gebruikte techniek”
37. Het aantal regels per sequentie analyse is uitgebreid van 15 naar 40 regels voor verslaglegging en voor opnamen in PALGA. Dit geldt voor alle drie Sequentie tab’s
38. Extra tabel voor CNV analyse met kolommen “Gene”; “Type aberratie”; “aantal kopieën”; “rel.coverage” en “Z-score”
39. Tonen van kolommen “Gene”; “Type aberratie”; “aantal kopieën”; “rel.coverage” en “Z-score” via parameterset
40. Extra rubriek “Disclaimer” wordt getoond als kolom “Z-score” getoond wordt. Tekst voor disclaimer is als vaste tekst via de parameterset instelbaar.
41. Extra rubriek “CNV panel tonen bij niet beoordeelbaar”
42. In de PCP modus is aan te geven of CNV gerapporteerd wordt of niet. Onder “CNV analyse en rapportage”. Bij “nee” worden alle vragen mbt CNV onderdrukt
43. Extra gene opgenomen in de basis set “EIF1AX”; “GNA14”; “MAP2K4”; “MAP3K1”; “MED12”
44. Alle chromosomen zijn ook opgenomen ter selectie bij CNV
45. Aanpassing in de validatie verslag: Moleculair verslag “Moleculair verslag geautoriseerd door:“ Hierbij blijft wel de rol “KMBP” bestaan, maar in de PCP modus naast naam ook de functie weergeven. In samenspraak met de CKBU.



46. Er is een algemene submit knop toegevoegd, hiermee wordt het invoeren wat versneld. Deze knop zit onderaan de pagina. Hierdoor kan eerst de gehele selectie worden gemaakt en daarna pas doorsturen ter bevestiging. Deze knop is ook aanwezig bij de verschillende gevraagde onderzoeken




## Versie 29 (22-06-2018)

47. Basisset is uitgebreid met “KNSTRN” en “PTK2”
48. Keuze bij rubriek “Gebruikte techniek” is uitgebreid met “nanoString”

## Versie 30 (26-06-2018)

49. Technische update, bugfix, CNV kwam deels niet in de PV

## Versie 31 (06-07-2018)

50. Basisset is uitgebreid met CSF3R; NOTCH2; DNMT3A; TET2; TNFAIP3; IKZF1; CBL; ETV6; STAT3; SRSF2; SETBP1; CEBPA; U2AF2; ASXL1; U2AF1; CRLF2; GATA1

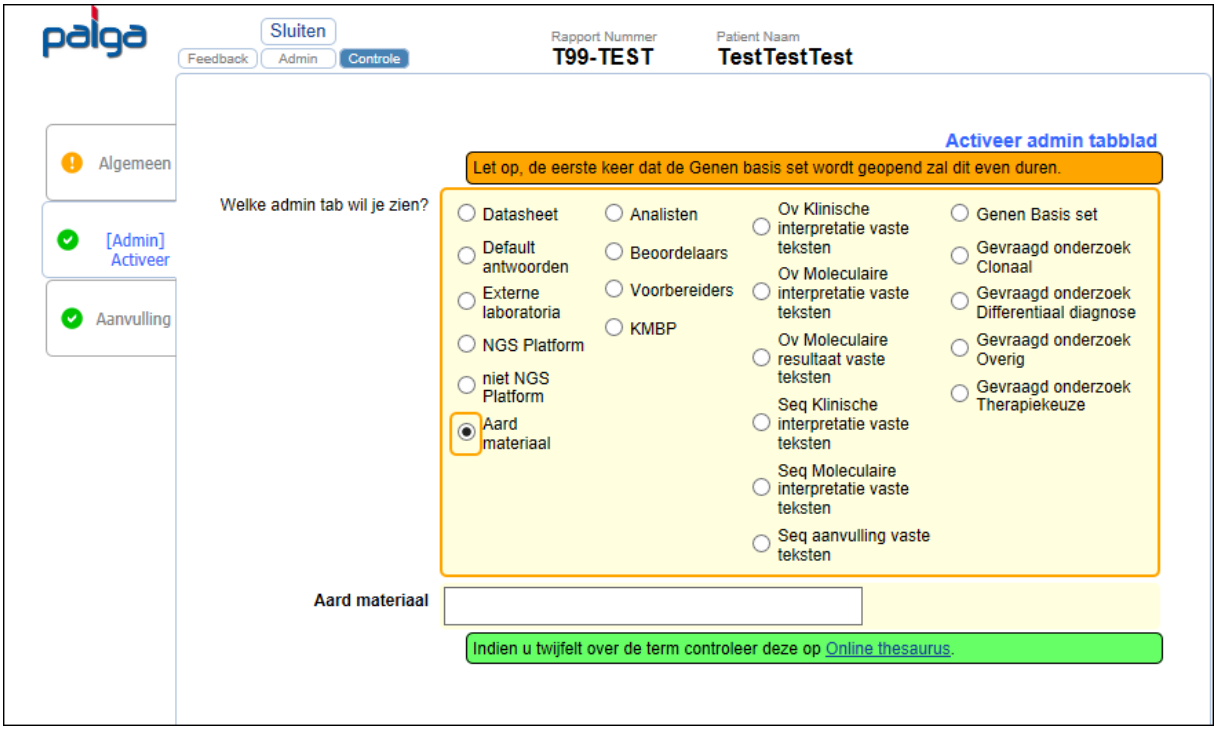
## Versie 32 (31-07-2018)

51. Bugfix, Veld klinische interpretatie werd niet bewaard.

## Versie 33 (26-08-2018)

52. Bugfix Tab “Overige bepalingen” rubriek “Percentage neoplastische cellen beoordeeld door” komt niet in het verslag

53. Bij tab “Overige bepalingen” Uitzetten percentage teken bij "percentage neoplastische cellen”
54. Bij tab “Overige bepalingen” verwijderd datumveld dat verschijnt na “percentage neoplastische cellen beoordeeld door”
55. Rubriek “Platform” beschikbaar voor overige sequentie technieken (bijv. Sanger, Pyro-sequencing, Idylla; wens voor lab met niet NGS-technieken). Vaste tekst instelbaar in de PCP modus
56. Mogelijkheid handmatig toevoegen van mutaties bij automatische NGS Import
57. Mogelijkheid om Lokaal aardmateriaal in de PCP modus toe te voegen voor in de rubriek “aardmateriaal”. Deze term zal ook gelijk de eerste term zijn in de diagnoseregel, controle of lokale term overeenkomt met een term uit de thesaurus is belangrijk. Dat kan via de link in het groene vlak




## Versie 34 (08-10-2018)

58. Typefout hersteld in vaste tekst.
59. Bij lijst laboratoria “Alysis Zorggroep, locatie Rijstate” vervangen door “Rijstate”

## Versie 35 (23-10-2018)

60. Aanpassing uniformering teksten in PV
61. Bugfix, beoordelaar bij percentage neoplastische cellen in de tak “overige bepalingen werd niet getoond
62. Weergave in panel in PV “genamplificaties aangepast naar “amplificaties van genen”

## Versie 36 (30-10-2018)

63. Bugfix, niet aangevinkte mutaties zijn niet meer zichtbaar in de PV voor “opslaan”
64. Bugfix, wijzingen in rubriek “niet NGS platform” werden niet onthouden

65. Aanpassing in PV bij “platform” Alleen bij NGS en NGS “no import” als “NGS platform”
66. Bugfix, bij een leeg veld “klinische interpretatie”, werd een kopje getoond in de conclusie, wordt nu onderdrukt
67. “in de PV wordt toevoeging “Exon” wordt alleen getoond indien gevuld.

### Versie 37 (24-10-2018)

68. "Lichaam" toevoegen aan de landelijke lijst voor keuzeopties "aardmateriaal"

### Versie 38 (25-10-2018)

69. Bugfix; Het wisselen van de vrije tekstvelden; wanneer eenmaal voor een veld is gekozen, kan niet zomaar worden geswitcht naar een anders veld. Als een tekstveld wordt gewisseld en men typt, dan gaat deze tekst verloren en staat er uiteindelijk zelfs een leeg tekstveld.

### Versie 39 (11-11-2018)

70. Bugfix; clonaal vergelijk: NM-nummer ontbreekt in bepaling 2 en 3 in de PV
71. Wijziging tab naam Import management naar (import) management
72. Keuze “HRM+Sanger” in toegevoegd in de rubriek “Gebruikte tecniek”

### Versie 40 (23-11-2018)

73. Bugfix; niet-NGS platform: info teksten blijven niet bewaard

### Versie 41 (26-11-2018)

74. Bugfix; niet-NGS platform: info teksten niet zichtbaar in het protocol

### Versie 42 (13-12-2018)

75. Bugfix; Genentabel werd niet zichtbaar bij HRM + Sanger en nanoString als gebruikte techniek

### Versie 43 (16-01-2019)

76. CYSLTR2 en PLCB4 toegevoegd aan de genentabel
77. Anders5, anders6, anders7 en anders8 toegevoegd aan de genentabel
78. Typefout hersteld in NGS platform The TruSeq Amplicon
79. Onbekend toegevoegd aan de vraag ‘Hoeveelheid weefsel’
80. Onbekend toegevoegd aan de default mogelijkheden voor de vragen ‘Hoeveelheid weefsel’, ‘Percentage neoplastische cellen’, ‘Hoeveelheid DNA’ en ‘Kwaliteit DNA’.

### Versie 44 (17-01-2019)

81. cfDNA toegevoegd aan ‘Uitgangsmateriaal’

### Versie 45 (23-01-2019)

82. Het aard materiaal uit het labsysteem wordt direct overgenomen in het protocol bij de vraag Aard materiaal

### Versie 46 (19-03-2019)

83. RT-PCR en MLPA toegevoegd als techniek (niet-NGS)

84. De regel in de conclusie veranderd van “Klinische interpretatie van de moleculaire analyse” in “Moleculaire analyse”.
85. Bug (Overige bepalingen: "moleculaire interpretatie" zowel als heading als opening van de alinea daaronder) opgelost
86. Bij sequentie analyse niet mogelijk door onvoldoende percentage neoplastische cellen is de zin ‘*Geen analyse mogelijk omdat onvoldoende neoplastische cellen beschikbaar zijn voor de gevraagde analyse(s).*’ toegevoegd
87. De zin ‘*Moleculaire analyse*’ toegevoegd in de conclusie als er onvoldoende weefsel of percentage neoplastische cellen zijn.
88. De zin ‘*Moleculaire analyse*’ toegevoegd indien gevraagd onderzoek = clonaal verwantschap
89. De zin ‘*De kwaliteit en/of kwantiteit van het DNA is onvoldoende voor een betrouwbare interpretatie van de sequentie-analyse*.’ In tweeën gedeeld en per rubriek op laten komen. Indien beide rubrieken onvoldoende zijn 1 gecombineerde zin.
90. Dropdown ‘Andere organisaties’ verplicht gemaakt
91. Heel veel genen toegevoegd
92. Bij reden aanvraag Overig is Omschrijving reden aanvraag toegevoegd
93. Hoeveelheid RNA en cfDNA toegevoegd bij overige moleculaire analyse, dit komt ook in de PV terug
94. Kwaliteit RNA en cfDNA toegevoegd bij overige moleculaire analyse, dit komt ook in de PV terug
95. Datum toegevoegd aan het kopje Moleculaire analyse (overige moleculaire analyse)
96. Onbekend is toegevoegd bij percentage neoplastische cellen en kwaliteit DNA in de Overige moleculaire analyse tak.

## Versie 47 (25-03-2019)

97. MRE11A aangepast naar MRE11
98. Bugfix NGS platformen

## Versie 48 (26-03-2019)

99. Bugfix koppelen datasheet
100. Bugfix koppelen NGS platformen

## Versie 49 (26-03-2019)

101. Bugfix Gen met mutatie komt 2x in de PV voor
102. Mutaties worden eerst getoond, daarna de genen zonder mutaties bij panel Overig

## Versie 50 (26-03-2019)

103. Header conclusie instelbaar via default instelling in de admin tab ‘Default antwoorden’

## Versie 51 (26-03-2019)

104. Leestekens verwijderd uit de vraag ‘Uitgangsmateriaal’

## Versie 52 (01-04-2019)

105. Bugfix default instellen Uitgangsmateriaal

### Versie 53 (03-04-2019)

106. Bugfix Percentage neoplastisch cellen Overige moleculaire analyse

### Versie 54 (04-04-2019)

107. Technische update

### Versie 55 (11-04-2019)

108. Klinische interpretatie is te koppelen aan het gevraagd onderzoek

### Versie 56 (17-04-2019)

109. Bugfix; onthouden van de conclusie header

### Versie 57 (25-04-2019)

110. Niet NGS platform - tekst MLPA blijft nu behouden
111. Analyse door toegevoegd aan Sequentie analyse
112. NGS platform invullen bij 1 keuze (parameter)
113. Info tekst NGS platform default invullen (parameter)

### Versie 58 (25-07-2019)

114. Datum in de conclusie aangepast
115. Alfabetische volgorde gekoppelde Mol en Klin interpretatie
116. Schrijfwijze en volgorde TMB
117. Bugfix, genen bij Aanvraag Overige

### Versie 59 (25-07-2019)

118. Bugfix, naam NGS platform 2 tm 6 werd niet goed weergegeven
119. Genen toegevoegd: ABL2, ACVR1B, ALOX12B, ANKRD11, ANKRD26, ARFRP1, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, AURKA, AURKB, AXIN1, AXIN2, AXL, BBC3, BCL2L1, BCL2L11, BCL2L2, BCR, BIRC3, BLM, BMPR1A, BRD4, BTK, C11orf30, CASP8, CBFB, CCND2, CCND3, CCNE1, CD274, CD276, CD74, CDC73, CDK8, CDKN1A, CDKN2C, CENPA, CHD2, CHD4, CRKL, CSNK1A1, CTCF, CTLA4, CTNNA1, CUL3, CYLD, DCUN1D1, DDX41, DHX15, DICER1, DIS3, DNAJB1, DNMT1, DNMT3B, DOT1L, E2F3, EED, EGFL7, EIF4A2, EIF4E, EML4, EPCAM, EPHA3, EPHA5, EPHA7, EPHB1, ERCC1, ERCC3, ERCC4, ERCC5, ERRFI1, EWSR1, FAM123B, FAM175A, FAM46C, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FAS, FAT1, FGF1, FGF10, FGF14, FGF19, FGF2, FGF23, FGF3, FGF4, FGF5, FGF6, FGF7, FGF8, FGF9, FH, FLCN, FLI1, FOXO1, FOXP1, FRS2, FYN, GABRA6, GATA3, GATA4, GATA6, GEN1, GID4, GLI1, GNA13, GPR124, GPS2, GREM1, GRIN2A, GRM3, H3F3C, HGF, HIST1H1C, HIST1H2BD, HIST1H3A, HIST1H3D, HIST1H3E, HIST1H3F, HIST1H3G, HIST1H3H, HIST1H3I, HIST1H3J, HIST2H3A, HIST2H3C, HIST2H3D, HIST3H3, HLA-A, HLA-B, HLA-C, HNRNPK, HOXB13, HSD3B1, HSP90AA1, ICOSLG, IFNGR1, IGF1, IGF1R, IGF2, IKBKE, IL10, IL7R, INHA, INHBA, INPP4A, INPP4B, INSR, IRF2, IRF4, IRS1, IRS2, JUN, KAT6A, KDM5A, KDM5C, KEL, KIF5B, KLHL6, KMT2B, KMT2D, LAMP1, LATS1, LATS2, LMO1, LRP1B, LYN, LZTR1, MAGI2, MALT1, MAP3K13, MAP3K14, MAP3K4, MAPK1, MAPK3, MCL1, MDC1, MEF2B, MEN1, MGA, MITF, MLLT3, MRE11A, MST1, MYB, MYCL1,

MYOD1, NAB2, NCOA3, NEGR1, NFE2L2, NFKBIA, NKX2-1, NKX3-1, NSD1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUP93, NUTM1, PAK1, PAK3, PAK7, PARK2, PARP1, PAX3, PAX7, PAX8, PBRM1, PDCD1, PDCD1LG2, PDK1, PDPK1, PGR, PHOX2B, PIK3C2B, PIK3C2G, PIK3C3, PIK3CD, PIK3CG, PIK3R3, PIM1, PLCG2, PLK2, PMAIP1, PMS1, PNRC1, PPARG, PPM1D, PPP2R1A, PPP6C, PRDM1, PREX2, PRKAR1A, PRKCI, PRSS8, PTPRD, PTPRS, PTPRT, QKI, RAB35, RAD50, RAD51, RAD52, RANBP2, RARA, RBM10, RECQL4, REL, RFWD2, RHEB, RICTOR, RIT1, RPS6KA4, RPS6KB1, RPS6KB2, RPTOR, RUNX1T1, RYBP, SH2B3, SH2D1A, SHQ1, SLIT2, SLX4, SMAD2, SMAD3, SMARCD1, SNCAIP, SOCS1, SOX10, SOX17, SOX2, SOX9, SPEN, SPTA1, STAT4, STAT5A, STK40, SUZ12, SYK, TAF1, TBX3, TCEB1, TCF3, TCF7L2, TERC, TET1, TFE3, TFRC, TFRC, TGFBR1, TGFBR2, TMPRSS2, TNFAIP3, TOP1, TP63, TRAF2, TSC1, TSC2, VEGFA, VTCN1, WISP3, XIAP, XPO1, XRCC2, YAP1, YES1, ZBTB2, ZBTB7A, ZNF217 en ZNF703

### Versie 60 (26-08-2019)

120. Bugfix bij het koppelen van de standaard teksten aan gevraagd onderzoek
121. Datasheet wordt bij 1 optie direct getoond als read only
122. Bugfix: Percentage neoplastische cellen elders geschat bij Overige moleculaire analyse werd niet goed getoond.

### Versie 61 (02-09-2019)

123. Bugfix bij het koppelen van de standaard teksten aan gevraagd onderzoek
124. In de rubriek Genen regels NGS en NGS (no import) is een checkbox toegevoegd, als deze is aangevinkt wordt de genenregel niet in de PV weergegeven maar wel doorgestuurd naar de PALGA databank
125. Titel van de moleculaire interpretatie in de PV van de 2$^{de}$ of 3$^{de}$ bepaling wordt aangepast er bij de 1$^{ste}$ of 2$^{de}$ bepaling geen moleculaire interpretatie is ingevuld. De toevoeging van 2$^{e}$ bep of 3$^{e}$ bep wordt verwijderd
126. Conclusie van de 2$^{e}$ of 3$^{e}$ bepaling wordt aangepast als er bij de 1$^{ste}$ of 2$^{de}$ bepaling geen klinische interpretatie is ingevuld. De toevoeging van 2$^{e}$ of 3$^{e}$ bep is verwijderd.

### Versie 62 (03-09-2019)

127. Rubriek ‘Gevraagd onderzoek’ toegevoegd aan het tabblad Overige moleculaire analyse

### Versie 63 (24-09-2019)

128. Het aantal infovelden per niet-NGS platform is nu per lab op te hogen naar een gewenst aantal
129. Per panel van de Therapiekeuze is nu in te stellen of de vraag MSI bepaling getoond dient te worden
130. Per panel van de Therapiekeuze is nu in te stellen of de vraag TMB getoond dient te worden
131. Per panel van de Therapiekeuze is nu in te stellen of de tekst Neoplastische cellen vervangen dient te worden voor ‘verdachte cellen’ in de het protocol/PV
132. Vraag Mediane coverage is toegevoegd. Deze is via de parameter aan of uit te zetten.

### Versie 64 (26-09-2019)

133. Bugfix: Klasse wordt alleen in de PV getoond als die daadwerkelijk is ingevuld
134. Genen zijn op alfabetisch volgorde gerangschikt

### Versie 65 (01-10-2019)

135. Bugfix: Foutmelding in het Admin tabblad Gevraagd onderzoek Differentiaal diagnose

### Versie 66 (16-10-2019)

136. Bugfix: De disclaimer bij de CNV werd van analyse 1 naar analyse 2 gekopieerd
137. Bugfix: De info tekst van de niet NGS-platformen werd niet goed doorgestuurd naar het laboratoriumsysteem. Dit is nu hersteld.d
138. Mediane coverage is nu per gevraagd onderzoek instelbaar

### Versie 67 (21-01-2020)

139. Bugfix: Datum in de conclusie werd niet bij alle type onderzoeken weergegeven.
140. Protocol blijft in te vullen nadat wordt aangegeven is dat het tumorpercentage onbekend is
141. Bugfix: Info teksten platform werd bij 2 teksten niet goed getoond.
142. Vraag Datasheet toegevoegd aan de overige moleculaire analyse
143. Andere organisatie en onderzoeksnummer toegevoegd aan de conclusie, is aan te zetten via een parameter onder de admin knop

### Versie 68 (03-02-2020)

144. Bugfix: opslaan instellingen MSI bepalingen, Mediane coverage en TMB hersteld
145. Datasheet bij Overige moleculaire bepalingen niet verplicht gemaakt

### Versie 69 (10-02-2020)

146. Bugfix: mutaties in het infoveld keuze “ddPCR” bleven niet behouden

### Versie 70 (14-02-2020)

147. Bugfix: Info tekst platform bij NGS werd niet in de PV weergegeven

### Versie 71 (17-02-2020)

148. Bugfix: het veld ‘infotekst platform’ is leeg en laat de voorgedefinieerde tekst uit de PCP-modus niet zien, is opgelost

### Versie 72 (19-02-2020)

149. Bugfix: mutaties in het infoveld keuze “NGS” bleven niet behouden
150. Cyste uit de lijst met aard materialen gehaald
151. Release notes import – export toegevoegd in document achteraan.

### Versie 73 (01-07-2020)

152. Extra tabblad t.b.v. weergeven updates protocol
153. Het Prinses Maxima Centrum is als (extern) laboratorium toegevoegd
154. Het labnummer in de PV (aanvraag en voorbewerking) kan via een parameter uitgezet worden.
155. Ovm: De header in de conclusie wordt alleen getoond als er een klinische interpretatie wordt ingevuld in het protocol.
156. Ovm: De datum in de header is gekoppeld aan het invullen van de klinische interpretatie.
157. Ovm: De vragen Hoeveelheid en Kwaliteit voor DNA, RNA en cfDNA zijn via een parameter uit te zetten.
158. Ovm: De tekst Verdachte cellen ipv Neoplastische cellen is instelbaar via een admin tab.
159. Ovm: De teksten bij de dropdown menu's van de moleculaire en klinische interpretatie wisselen mee bij het wisselen in de dropdown.
160. Ovm: Referentienummer is toegevoegd, dit is via een parameter aan te zetten.
161. Ovm & Seq: Analysenummer toegevoegd. Dit is via een parameter aan te zetten.
162. Seq: De data voor in de CNV tabel is te importeren via het XML bericht.
163. Seq: Het NM nummer is te importeren via het XML bericht.

### Versie 74 (04-07-2020)

164. Bugfix: OVM, mutaties in het Klinische interpretatie veld bleven niet behouden’

### Versie 75 (16-07-2020)

165. Bugfix: SEQ, de datum in de header van de conclusie werd niet behouden bij het toevoegen van een Overige moleculaire analyse.
166. Toevoeging PRKD1 bij de Genen basis set.

### Versie 76 (20-08-2020)

167. Bugfix: OVM, het tekstveld Moleculaire interpretatie bleef niet bewaard.

### Versie 77 (26-08-2020)

168. Bugfix: Aanvulling microscopie werd ten onrechte 2x getoond in de PV.

### Versie 78 (16-09-2020)

169. Bugfix: OVM: Tekst uit klinische interpretatie bleef niet goed bewaard.

### Versie 79 (22-10-2020)

170. Bugfix: waarde uit rubriek “Beschrijving aardmateriaal” in PV zichtbaar.
171. In OVM bij keuze “onvoldoende” in de rubriek “Hoeveelheid DNA” werden de onderliggende rubrieken niet getoond. Is aangepast.

### Versie 80 (05-07-2021)

172. Technische update

### Versie 81 (20-09-2022)

173. Bugfix: bij combineren van sequentie analyse na een overige moleculaire analyse opgelost
174. Volgorde in de PV aangepast naar chronologische volgorde van diverse bepalingen
175. Nieuwe procedures: tab fusiegenen en tab WGS
176. Uitbreiding sequentie analyses t/m 5 bepalingen
177. Bugfix: clonaal verwantschap na 3 bepalingen hersteld
178. Per bepaling autorisatie KMBP mogelijk, wordt ook vermeld in PV
179. Extra kolom bij mutatie, resulteert in “zie toelichting”
180. Extra rubriek “Primaire tumorlocatie” in tab Algemeen
181. Bugfix: Bij geen mutaties onterechte zin “einde geen genen in panel” verwijderd
182. Extra rubriek “Mediane unieke coverage”, niet verplicht veld, instelbaar via parameter
183. Extra rubriek “Toegewezen KMBPer”, niet zichtbaar in de PV, bruikbaar voor in LMS
184. Bugfix: "aardmateriaal:" wordt niet getoond bij 2e en 3e bepaling in de PV

### Versie 82 (22-09-2022)

185. Bugfix: Bij tab overige mol analyses verdwenen de onderliggende tekstvelden bij de rubriek “analyse” als het antwoord “in situ” gekozen werd.

### Versie 83 (26-09-2022)

186. Bugfix: Default keuze “aanvrager” op Admin tab bleef niet bewaard.
187. Bugfix: Ovm, het antwoord bij “gebruikte techniek (anders)” kwam niet correct in de PV.
188. Bugfix: Seq, Aantal kopieën van CNV tabel kwam niet in de PV.
189. “Primaire tumorlocatie” is opgenomen in de PV.
190. “mediane unieke coverage” is opgenomen in de PV.
191. Seq: Default tekst van “klinische interpretatie” was niet zichtbaar bij reden “clonaal verwantschap”
192. Seq: Haakjes () toegevoegd bij “Protein” in pv.
193. Bugfix: Bij een samengevoegd verslag kwam er ongewenste tekst in de titel van de conclusie.

### Versie 84 (29-09-2022)

194. Fusiegenen tab: “Analyse uitgevoerd op” toegevoegd als niet-verplichte vraag.
195. OVM tabs: “Gebruikte technieken” niet-verplicht gemaakt en de keuze “conventionele PCR” toegevoegd.
196. Bugfix: OVM tabs, Onterecht waarschuwing bij “Percentage neoplatische cellen elders geschat”.
197. Bugfix; Seq PV, bij clonaal verwantschap verscheen de “Moleculaire Interpretatie” niet in de PV.
198. Seq PV: Analysenummer opgenomen in de PV.

### Versie 85 (10-10-2022)

199. Bugfix: Foutieve opbouw PV bij keuze “cfDNA” bij vraag “Uitgangsmateriaal”.
200. Seq analyse tab: vragen “Hoeveelheid cfDNA” en “Kwaliteit cfDNA” toegevoegd.
201. Seq analyse tab: Antwoord van “Info tekst platform” wordt getoond in de PV, achter de gebruikte techniek. Uitgezonder NGS, hier is het zichtbaar achter “NGS Platform”.

### Versie 86 (19-10-2022)

202. Bugfix: Parameter ”PV: Deel autorisatie PV activeren” verwijderd, hoorde bij oude systematiek en was onterecht zichtbaar.
203. Bugfix: Fusiegen was tweemaal in PV zichtbaar in combinatie met Seq analyse, gecorrigeerd.

### Versie 87 (08-11-2022)

204. Bugfix: Veld 'Fusiegen analyse overige' komt niet in PV
205. WGS deel: tumor purity en Average tumor ploidy in de PV
206. WGS deel: Tumor Specic homozygous disruption in de PV
207. Bugfix: Bij clonaal verwantschap, komt de moleculaire interpretatie niet in de uiteindelijke UDPS.

### Versie 88 (19-12-2022)

208. Bugfix: Bij OVM conclusie ontbrak “*dd. datum*”

### Versie 89 (23-01-2023)

209. Bugfix: Rubriek “Procedure” werd niet getoond bij keuze “RNA” uit de rubriek “Uitgangsmateriaal”

### Versie 90 (24-02-2023)

210. Extra: Disclaimer (titel) toegevoegd aan PV bij WGS
211. Bugfix: Onderzoeksnummer wordt niet getoond in PV opbouw in het deel “niet-clonaal”

212. Wijziging: automatisch opbouw van fusiegenen onder Moleculaire interpretatie bij WGS verwijderd, werd dubbel getoond

### Versie 91 (17-04-2023)

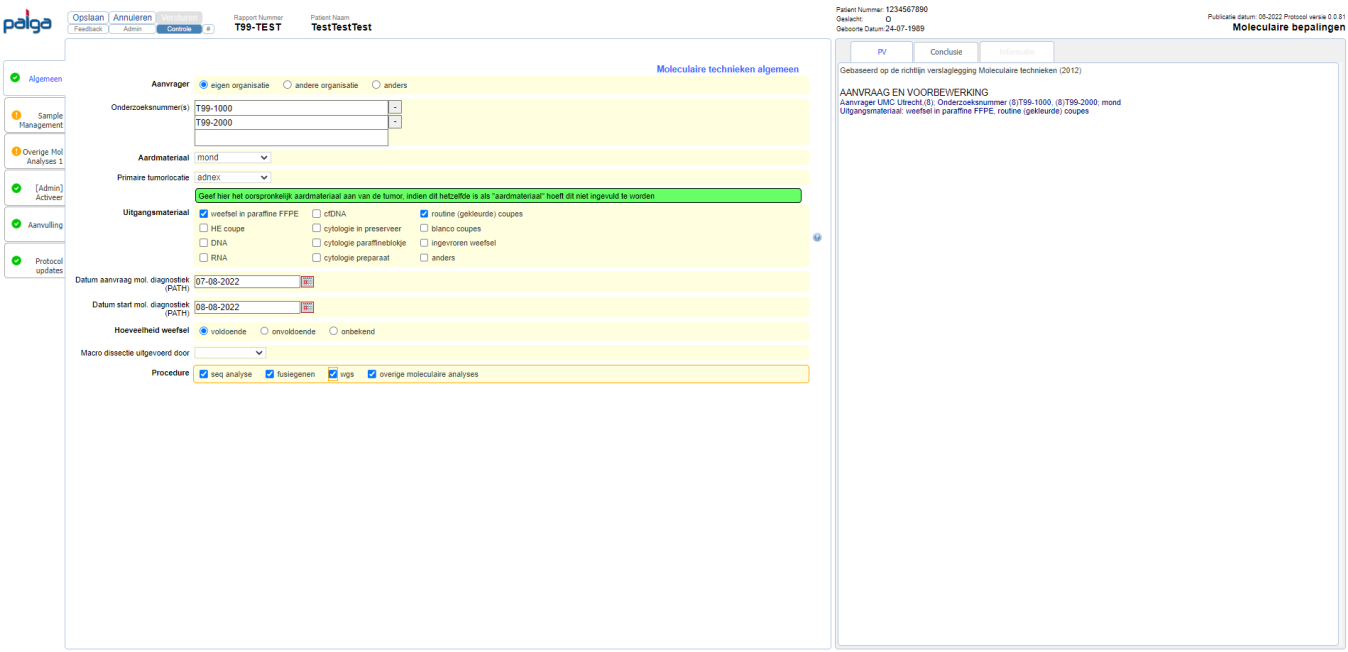
213. Admin tab, Externe laboratoria: VU Medisch Centrum en Amsterdam Medisch Centrum vervangen voor respectievelijk Amsterdam UMC - locatie VUmc en Amsterdam UMC - locatie AMC.
214. Bugfix: Overige moleculaire analyse 4 en 5 worden niet getoond in de PV.

### Versie 92 (25-04-2023)

215. Bugfix: Fusiegenen klinische interpretatie wordt niet getoond in conclusie
216. Bugfix: Fusiegenen Hoeveelheid RNA en Kwaliteit RNA verscheen niet in combinatie met keuze “andere organisatie” bij rubriek “aanvrager”

# Handleiding

## Scherm 1 Algemeen




### Toelichting

Rubriek ***Aanvrager:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Hier kunt u het type aanvragen kiezen. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek *Andere organisatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aanvrager* = andere organisatie. Hier kunt U de andere organisatie kiezen.

Rubriek *Onderzoeksnummer:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u één of meerdere onderzoeksnummers opgeven.

Rubriek ***Aardmateriaal:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kunt u de selectie maken.

Rubriek ***Uitgangsmateriaal:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kunt u het uitgangsmateriaal kiezen. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld

Rubriek *Datum start mol. diagnostiek (PATH):* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de details opgeven.

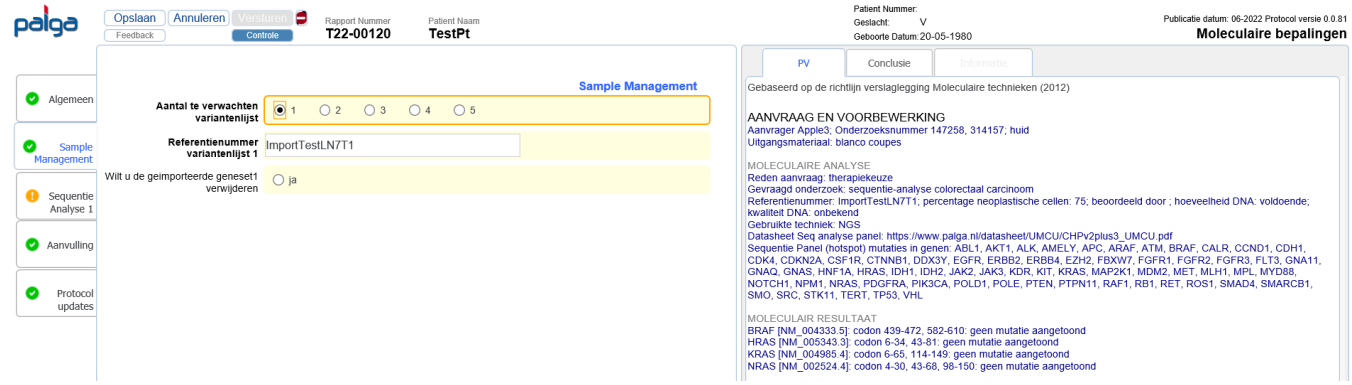
Rubriek *Datum aanvraag mol. diagnostiek (PATH):* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de details opgeven.

Rubriek ***Hoeveelheid weefsel:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt niet getoond als Uitgangsmateriaal is alleen DNA. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid weefsel.

Rubriek *Macrodissectie uitgevoerd door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de naam van de macrodissectie uitvoerder kiezen. Deze rubriek wordt niet overgenomen in de PV en conclusie rapportage. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek ***Procedure:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als Hoeveelheid weefsel = voldoende. Hier kunt u de details opgeven.

## Scherm 2 Sample management




### Toelichting

Rubriek ***Aantal te verwachten variantenlijst:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de verwachte aantal variantenlijsten in.

Rubriek ***Referentienummer variantenlijst 1:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aantal te verwachten variantenlijst* = 1, 2 , 3, 4 of 5. Hier vult u het referentienummer in van de verwachte te importeren variantenlijst.

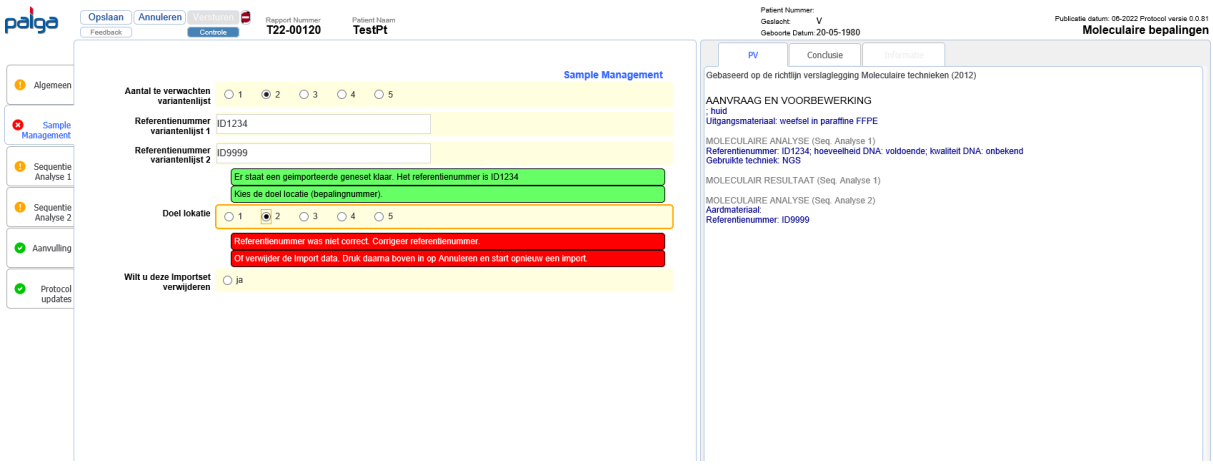
Rubriek ***Referentienummer variantenlijst 2:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aantal te verwachten variantenlijst* = 2 , 3, 4 of 5. Hier vult u het referentienummer in van de verwachte te importeren variantenlijst.

Rubriek ***Referentienummer variantenlijst 3:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aantal te verwachten variantenlijst* = 3, 4 of 5. Hier vult u het referentienummer in van de verwachte te importeren variantenlijst.

Rubriek ***Referentienummer variantenlijst 4:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aantal te verwachten variantenlijst* = 4 of 5. Hier vult u het referentienummer in van de verwachte te importeren variantenlijst.

Rubriek ***Referentienummer variantenlijst 5:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Aantal te verwachten variantenlijst* = 5. Hier vult u het referentienummer in van de verwachte te importeren variantenlijst.

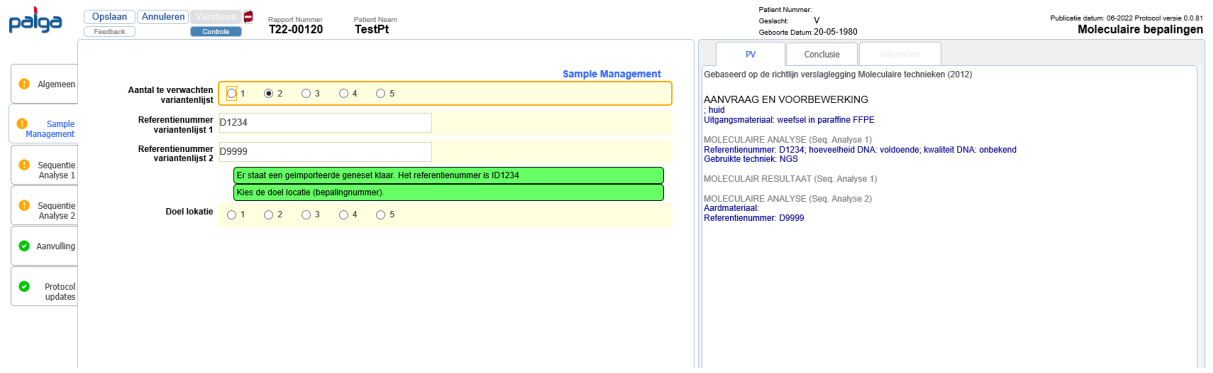
## Als er een geimporteerde geneset klaar staat:




Rubriek ***Doel lokatie:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als er een geimporteerde variantenlijst klaar staat. Deze variantenlijst moet naar een locatie gekopieerd worden. Er komt een foutmelding als het referentienummer van de geïmporteerde geneset niet overeen komt met het opgegeven referentienummer van de doel lokatie.

U kunt hierop de import data verwijderen of naar een andere lokatie kopieren.

## Als er een geimporteerde genesets zijn:



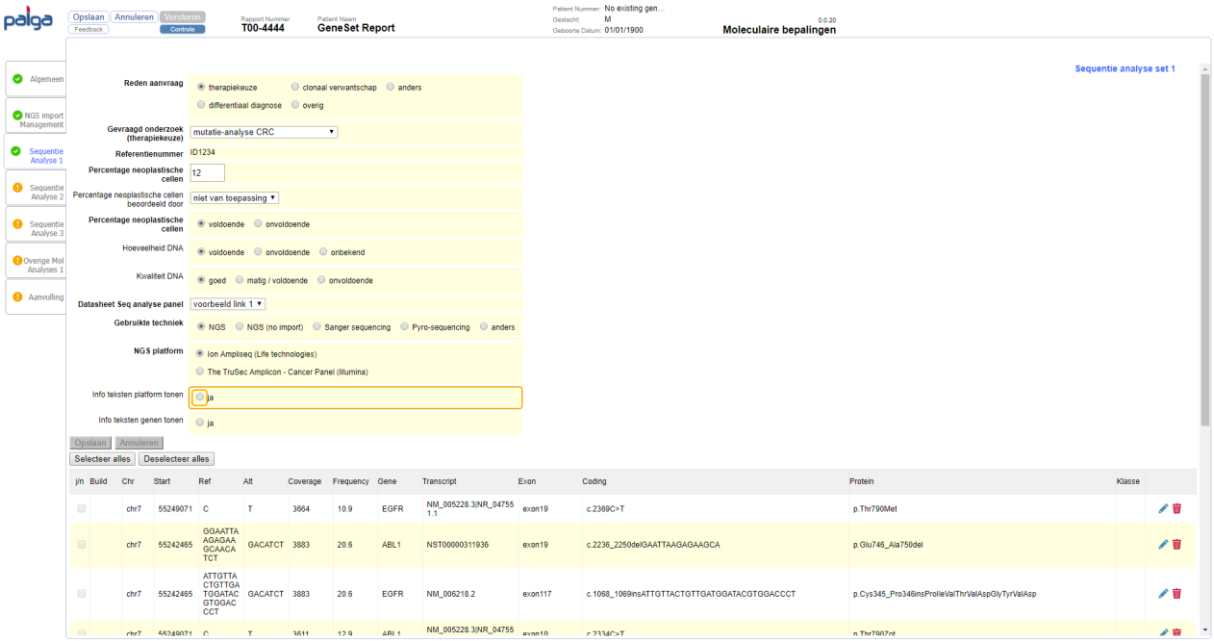

Rubriek *Wilt u dese importset verwijderen:* De rubriek is verplicht. Deze rubriek wordt getoond als er een doel locatie / bepalingnummer gevuld is. Hiermee kan de doel locatie / bepalingnummer weer leeg gemaakt worden / geneset kan verwijderd worden.

Rubriek *Wilt u de geimporteerde geneset1 verwijderen:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als er een doel locatie / bepalingnummer gevuld is. Hiermee kan de doel locatie / bepalingnummer weer leeg gemaakt worden / geneset kan verwijderd worden.

Rubriek *Wilt u de geimporteerde geneset2 verwijderen:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als er een doel locatie / bepalingnummer gevuld is. Hiermee kan de doel locatie / bepalingnummer weer leeg gemaakt worden / geneset kan verwijderd worden.

Rubriek *Wilt u de geimporteerde geneset3 verwijderen:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als er een doel locatie / bepalingnummer gevuld is. Hiermee kan de doel locatie / bepalingnummer weer leeg gemaakt worden / geneset kan verwijderd worden.

## Scherm 3 Sequentie analyse




### Toelichting

Schermvoorwaarde is Procedure is **Aantal te verwachten variantenlijsten** is 1, 2, 3, 4 of 5.

Per variantenlijst worden onderstaande rubrieken getoond. Er worden maximaal 5 variantenlijsten ondersteund.

Bij dit schermtype wordt de PV / Conclusie niet getoond i.v.m. de tabel invoer van genen regels.

Rubriek ***Reden aanvraag:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Gevraagd onderzoek (therapiekeuze):*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als Reden aanvraag = therapiekeuze. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose):*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als Reden aanvraag = differentiaal diagnose. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap):*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als Reden aanvraag = clonaal verwantschap. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Gevraagd onderzoek (overig):*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als Reden aanvraag = overig. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Referentienummer:*** De rubriek wordt hier alleen getoond

Rubriek ***Onderzoeksnummer**:* De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kunt u één of meerdere onderzoeksnummers opgeven. Deze rubriek wordt alleen getoond bij bepalingnummer 2, 3, 4 en 5.

Rubriek ***Aardmateriaal:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kunt u de selectie maken. Deze rubriek wordt alleen getoond bij bepalingnummer 2, 3, 4 en 5.

Rubriek *Beschrijving aardmateriaal:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt alleen getoond bij bepalingnummer 2, 3, 4 en 5. Hier kiest u de een beschrijving opgeven.

Rubriek ***Uitgangsmateriaal:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kunt u het uitgangsmateriaal kiezen. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld. Deze rubriek wordt alleen getoond bij bepalingnummer 2, 3, 4 en 5.

Rubriek ***Hoeveelheid weefsel:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt niet getoond als Uitgangsmateriaal is alleen DNA. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid weefsel. Deze rubriek wordt alleen getoond bij bepalingnummer 2, 3, 4 en 5.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de het percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de details in. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen elders geschat:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = andere organisatie. Hier vult u de het elders geschatte percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen elders beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen elders geschat* is ingevuld Hier vult u de details in.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kiest u de status van het percentage.

Rubriek *Hoeveelheid DNA:* De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid DNA.

Rubriek *Kwaliteit DNA:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de kwaliteit van het DNA.

Rubriek *Hoeveelheid cfDNA:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal:* = *cfDNA*. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid cfDNA.

Rubriek *Kwaliteit cfDNA:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal:* = *cfDNA*. Hier kiest u de (status van) de kwaliteit van het cfDNA.

Rubriek ***Datasheet Seq analyse panel:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kiest u de datasheet link.

Rubriek ***Gebruikte techniek:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***NGS platform:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *gebruikte techniek* = NGS. Hier kiest u de details. Bij NGS no specification komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek *Info teksten platform tonen:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Bij ja wordt de info tekst van het platform getoond. Hier heeft u de mogelijkheid om deze info tekst aan te passen.

Rubriek *Info teksten genen tonen:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Bij ja worden de info teksten van de genen getoond. Hier heeft u de mogelijkheid om deze info teksten aan te passen.

Rubriek ***Seq analyse panel:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Gevraagd onderzoek (therapiekeuze)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap)* = anders OF als *Reden aanvraag* = anders. Hier kiest u de genen. Bij anders1 of anders2 of anders3 of anders4 komen verplichte vrije tekstvelden.

Rubriek *Tonen bij geen mutatie voor:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Gevraagd onderzoek (therapiekeuze)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap)* = anders OF als *Reden aanvraag* = anders. Hier vult u de betreffende genen in.

Rubriek *Overige genen tonen bij geen mutatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Gevraagd onderzoek (therapiekeuze)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap)* = anders OF als *Reden aanvraag* = anders. Hier vult u de details in.

Rubriek *Sequentie panel tonen in PV:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Gevraagd onderzoek (therapiekeuze)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose)* = anders OF als *Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap)* = anders OF als *Reden aanvraag* = anders. Hier vult u de details in.

Rubriek ***Genen regels NGS en NGS (no import):*** Deze rubriek wordt getoond als *Gebruikte techniek* is NGS. Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Build
- Chr
- Start

- Ref
- Alt
- Coverage
- Frequency
- Gene
- Transcript
- Exon
- Coding
- Protein
- Klasse

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

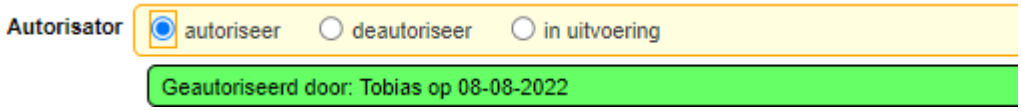
Rubriek *Genenpanel tonen bij niet beoordeelaar:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Bij ja worden hier de genen uit het panel getoond. Per gen kunt u aangeven of deze als niet beoordeelaar in het verslag getoond moet worden.

Rubriek *Aanvulling:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. De inhoud van dit vrij in te vullen tekstveld wordt in het verslag getoond onderaan het moleculaire resultaat

Rubriek *Keuze moleculaire interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Moleculaire interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

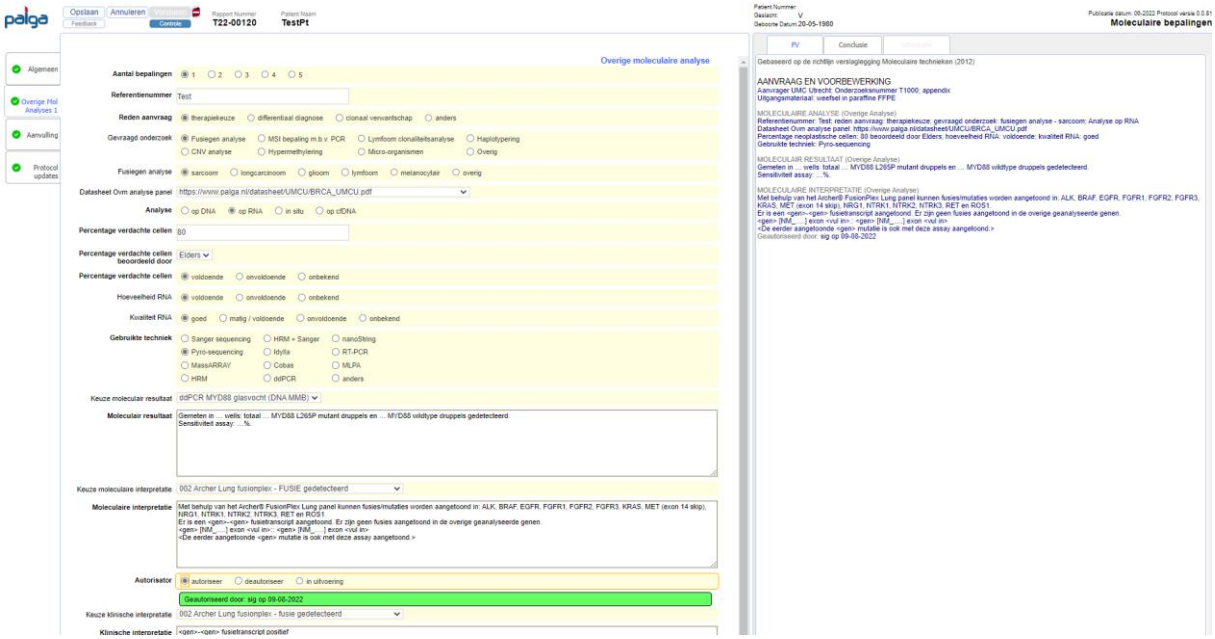
Rubriek ***Autorisatie:*** De rubriek is verplicht. Indien de rol als analist of patholoog is alleen optie "*in uitvoering*" te selecteren. Voor de KMBP'er zijn er de extra opties "*autoriseer"* en "*deautoriseer"* Indien de optie "*autoriseer*" geselecteerd is er een informatie balloon zichtbaar met wie het geautoriseerd heeft en de datum van autorisatie. Autorisatie vind plaats per variabelelijst.




Rubriek *Keuze klinische interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Klinische interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

## Scherm 4 Overige moleculaire analyse




### Toelichting

Schermvoorwaarde is Procedure is overige moleculaire analyses.

Rubriek ***Aantal bepalingen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u het aantal in. Per bepaling worden onderstaande rubrieken getoond. Minimaal 1 maximaal 5.

Rubriek ***Reden aanvraag:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek *gevraagd onderzoek:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier selecteert u het gevraagde onderzoek.

Rubriek ***Analyse:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de details in.

Rubriek *Macrodissectie uitgevoerd door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de naam van de macrodissectie uitvoerder kiezen. Deze rubriek onderdrukken als Analyse = in situ. Deze rubriek wordt niet overgenomen in de PV en conclusie rapportage. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Deze rubriek onderdrukken als Analyse = in situ. Hier vult u de het percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de details in. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld. Deze rubriek onderdrukken als Analyse = in situ.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen elders geschat:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Uitgangsmateriaal* ≠ DNA en *aanvrager* = andere organisatie. Deze rubriek onderdrukken als Analyse = in situ. Hier vult u de het elders geschatte percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen elders beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen elders geschat* is ingevuld. Deze rubriek onderdrukken als Analyse = in situ. Hier vult u de details in.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kiest u de status van het percentage.

Rubriek ***Gebruikte techniek:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek *Hoeveelheid DNA:* De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid DNA.

Rubriek *Kwaliteit DNA:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de kwaliteit van het DNA.

Rubriek *Keuze moleculaire resultaat:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Moleculaire resultaat:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

Rubriek *Mutatieanalyse eerste beoordelaar:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de naam van de beoordelaar kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Mutatieanalyse tweede beoordelaar:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de naam van de beoordelaar kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

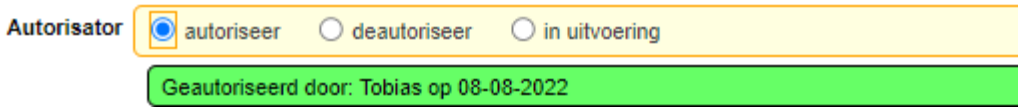
Rubriek *Mutatieanalyse derde beoordelaar:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kunt u de naam van de beoordelaar kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Keuze moleculaire interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Moleculaire interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

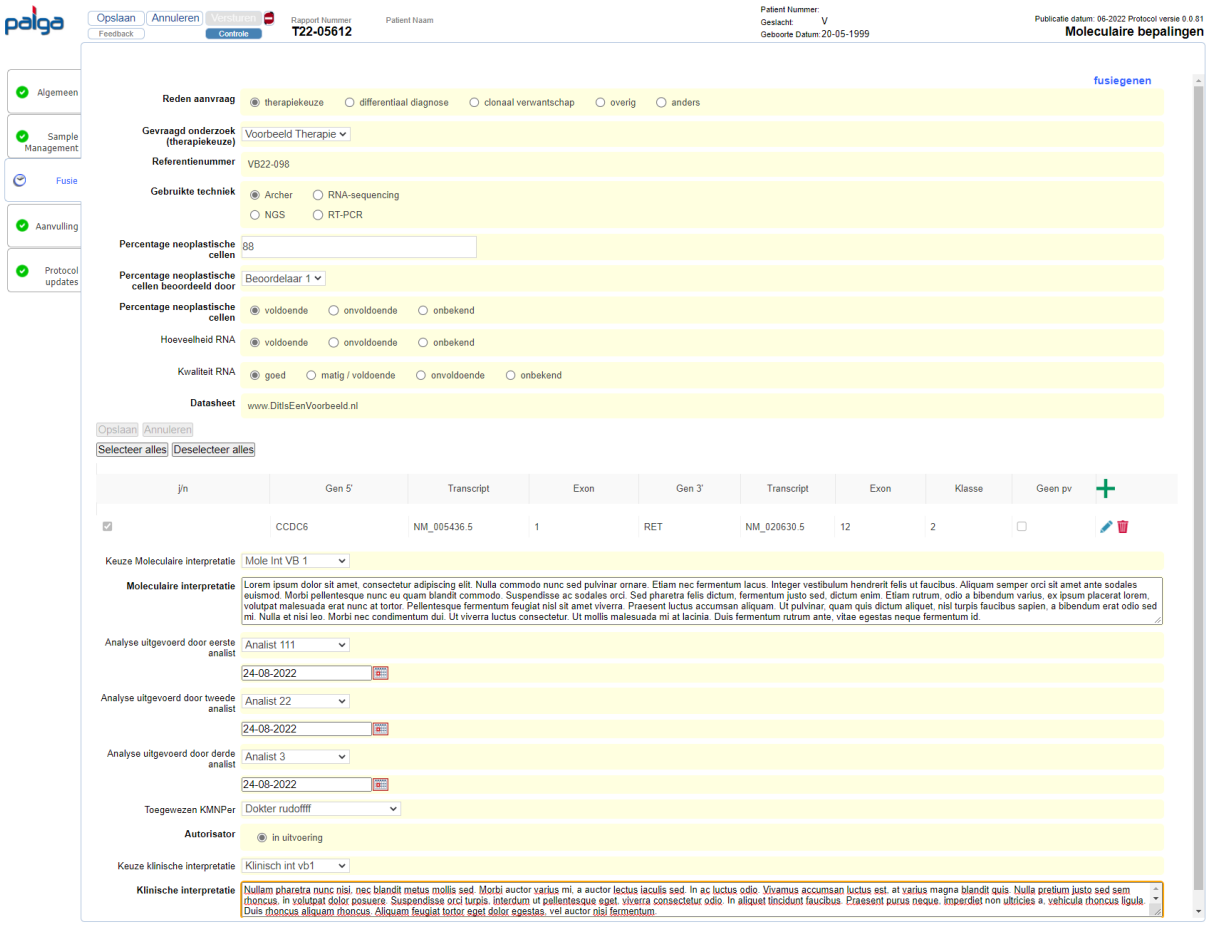
Rubriek *Keuze klinische interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Autorisatie:*** De rubriek is verplicht. Indien de rol als analist of patholoog is alleen optie "*in uitvoering*" te selecteren. Voor de KMBP'er zijn er de extra opties "*autoriseer"* en "*deautoriseer"* Indien de optie "*autoriseer*" geselecteerd is er een informatie balloon zichtbaar met wie het geautoriseerd heeft en de datum van autorisatie. Autorisatie vind plaats per bepaling.




Rubriek ***Klinische interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

## Scherm 5 Fusiegenen




### Toelichting

Schermvoorwaarde is Procedure is fusiegenen in combinatie met een Referentienummer fusiegenen.

Rubriek ***Reden aanvraag:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de details in. Bij anders komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***gevraagd onderzoek:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier selecteert u het gevraagde onderzoek.

Rubriek ***Referentienummer:*** De rubriek wordt hier alleen getoond

Rubriek ***Gebruikte techniek:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier selecteert u de gebruikte techniek.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de het percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de details in.

Rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kiest u de status van het percentage.

Rubriek *Hoeveelheid RNA:* De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de hoeveelheid RNA.

Rubriek *Kwaliteit RNA:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *Percentage neoplastische cellen* = voldoende. Hier kiest u de (status van) de kwaliteit van het RNA.

Rubriek ***Datasheet:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier kiest u de datasheet link.

Rubriek ***Fusiegenen regels:*** Deze rubriek wordt getoond als *Kwaliteit RNA = goed.* Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Gen 5’
- Transcript
- Exon
- Gen 3’
- Transcript
- Exon
- Klasse
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek *Keuze Moleculaire interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Moleculaire interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

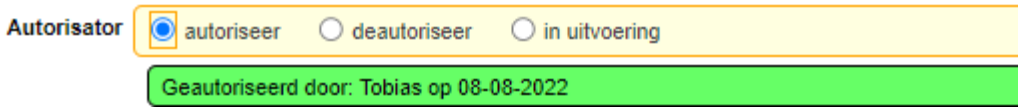
Rubriek *Analyse uitgevoerd door eerste analist:* De rubriek is niet verplicht. Hier kunt u de naam van de eerste analist kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Analyse uitgevoerd door tweede analis*t: De rubriek is niet verplicht. Hier kunt u de naam van de tweede analist kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Analyse uitgevoerd door derde analist:* De rubriek is niet verplicht. Hier kunt u de naam van de derde analist kiezen. Hier wordt tevens de datum ingevuld met de huidige datum voor ingevuld.

Rubriek *Toegewezen KMNPer:* De rubriek is niet verplicht. Hier kunt u de naam van de KMBPer kiezen die toegewezen is op de analyse.

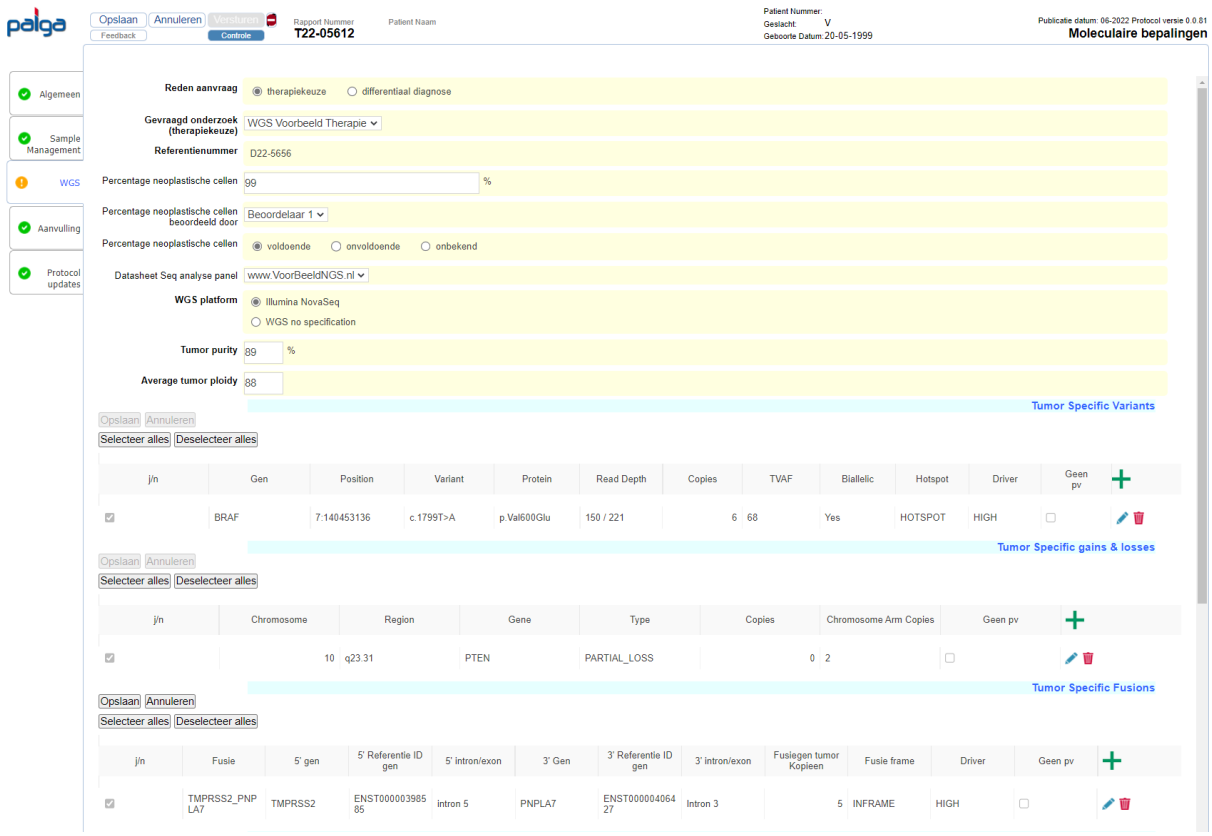
Rubriek ***Autorisatie:*** De rubriek is verplicht. Indien de rol als analist of patholoog is alleen optie "*in uitvoering*" te selecteren. Voor de KMBP'er zijn er de extra opties "*autoriseer*" en "*deautoriseer*" Indien de optie "*autoriseer*" geselecteerd is er een informatie balloon zichtbaar met wie het geautoriseerd heeft en de datum van autorisatie. Autorisatie vind plaats per bepaling.




Rubriek *Keuze klinische interpretatie:* De rubriek is niet verplicht in te vullen. Hier kiest u een voor gedefinieerde tekst die in een aparte rubriek getoond wordt.

Rubriek ***Klinische interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Wordt de keuze tekst getoond in een bewerkbaar verplicht vrij in te vullen tekstveld. Hier vult u de details in.

## Scherm 6 WGS deel 1




### Toelichting

Schermvoorwaarde is Procedure is WGS in combinatie met een Referentienummer WGS.

Rubriek ***Reden aanvraag:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de details in.

Rubriek ***gevraagd onderzoek:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier selecteert u het gevraagde onderzoek.

Rubriek ***Referentienummer:*** De rubriek wordt hier alleen getoond

Rubriek *Percentage neoplastische cellen:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de het percentage in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen beoordeeld door:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *aanvrager* = eigen organisatie OF andere organisatie. Hier vult u de details in.

Rubriek *Percentage neoplastische cellen:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kiest u de status van het percentage.

Rubriek *Datasheet WGS analyse panel:* De rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kiest u de datasheet link.

Rubriek ***WGS platform:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Deze rubriek wordt getoond als *gebruikte techniek* = WGS. Hier kiest u de details. Bij WGS no specification komt een verplicht vrij tekstveld.

Rubriek ***Tumor purity:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u het percentage in van de tumor purity in.

Rubriek ***Average tumor ploidy:*** De rubriek is verplicht om in te vullen. Hier vult u de average tumor ploidy in.

Rubriek ***Tumor Specific Variants regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Gen
- Position
- Variant
- Protein
- Read Depth
- Copies
- TVAF
- Biallelic
- Hotspot
- Driver
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek ***Tumor Specific gains & losses regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Chromosome
- Region
- Gene
- Type
- Copies
- Chromosome Arm Copies
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek ***Tumor Specific Fusions regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Fusie
- 5’ Gen
- 5’Referentie ID gen
- 5’ intron/exon
- 3’ Gen
- 3’Referentie ID gen
- 3’ intron/exon
- Fusiegen tumor Kopieen
- Fusie frame
- Driver
- Geen pv

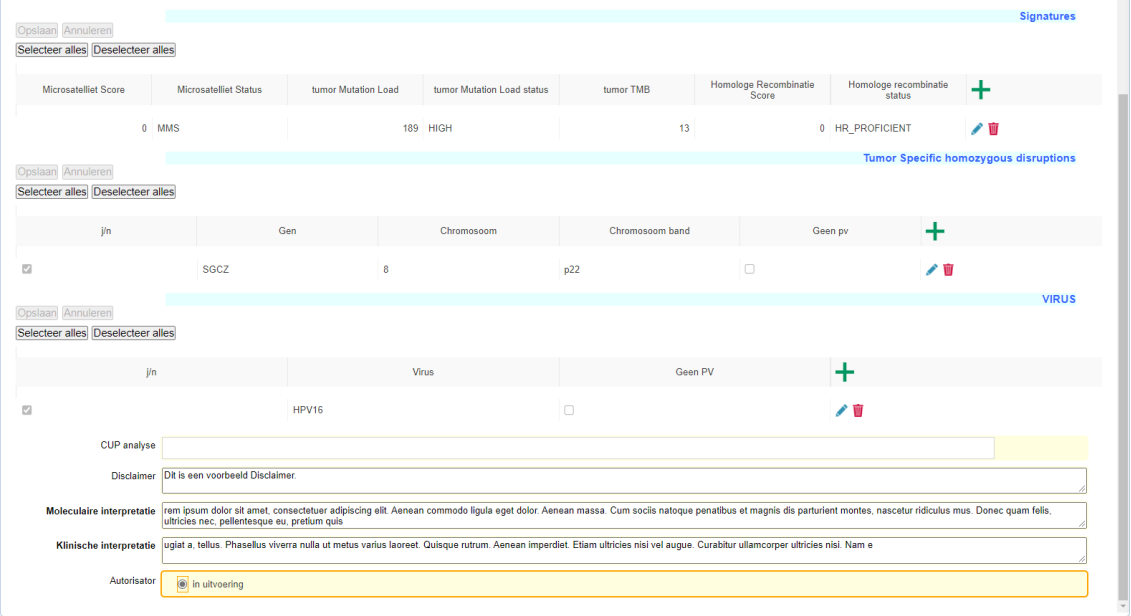
Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek ***Signatures regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Microsatelliet Score
- Microsatelliet Status
- Tumor Mutation Load
- Tumor Mutation Load status
- 3’ Gen
- 3’Referentie ID gen
- 3’ intron/exon
- Fusiegen tumor Kopieen
- Fusie frame
- Driver
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

## Scherm 6 WGS deel 2




Rubriek ***Signatures regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Microsatelliet Score
- Microsatelliet Status
- Tumor Mutation Load
- Tumor Mutation Load status
- 3’ Gen
- 3’Referentie ID gen
- 3’ intron/exon
- Fusiegen tumor Kopieen
- Fusie frame
- Driver
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek ***Tumor Specific homozygous disruptions regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Gen
- Chromosoom
- Chromosoom band
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

Rubriek ***Virus regels:*** Deze rubrieken worden getoond over de gehele breedte van het scherm. Ze bevatten de kolommen:

- checkbox bewaren (j/n)
- Virus
- Geen pv

Elk veld kan afzonderlijk bewerkt worden. Per regel dient u de wijzigingen te bevestigen / ongedaan maken. De wijzigingen moeten per totale set bevestigd / ongedaan gemaakt worden met de knoppen opslaan / annuleren.

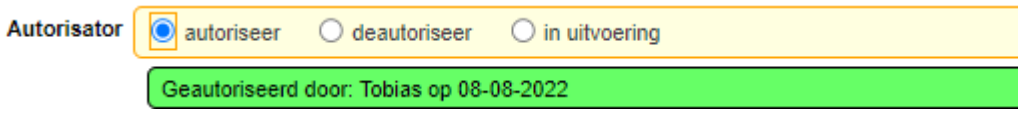
Rubriek *CUP analyse:* Deze rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kan men de resultaten van de CUP analyse invullen.

Rubriek *Disclaimer:* Deze rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kan men een disclaimer plaatsen.

Rubriek ***Moleculaire interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Hier vult u moleculaire interpretatie in van de WGS analyse.

Rubriek ***Klinische interpretatie:*** De rubriek is verplicht in te vullen. Hier vult u moleculaire interpretatie in van de WGS analyse.

Rubriek ***Autorisatie:*** De rubriek is verplicht. Indien de rol als analist of patholoog is alleen optie "*in uitvoering*" te selecteren. Voor de KMBP'er zijn er de extra opties "*autoriseer*" en "*deautoriseer*" Indien de optie "*autoriseer*" geselecteerd is er een informatie balloon zichtbaar met wie het geautoriseerd heeft en de datum van autorisatie. Autorisatie vind plaats per bepaling.



## Scherm 7 Protocollaire verslaglegging (PV)

Patient Nummer: No existing gen...
Geslacht: M
Geboorte Datum: 01/01/1900
0.0.20
**Moleculaire bepalingen**

PV | Conclusie | Informatie

Gebaseerd op de richtlijn verslaglegging Moleculaire technieken (2012)

AANVRAAG EN VOORBEWERKING
Aanvrager NKI-AVL,(005); Onderzoeksnummer (005)T17-12345; appendix
Uitgangsmateriaal: HE-coupe

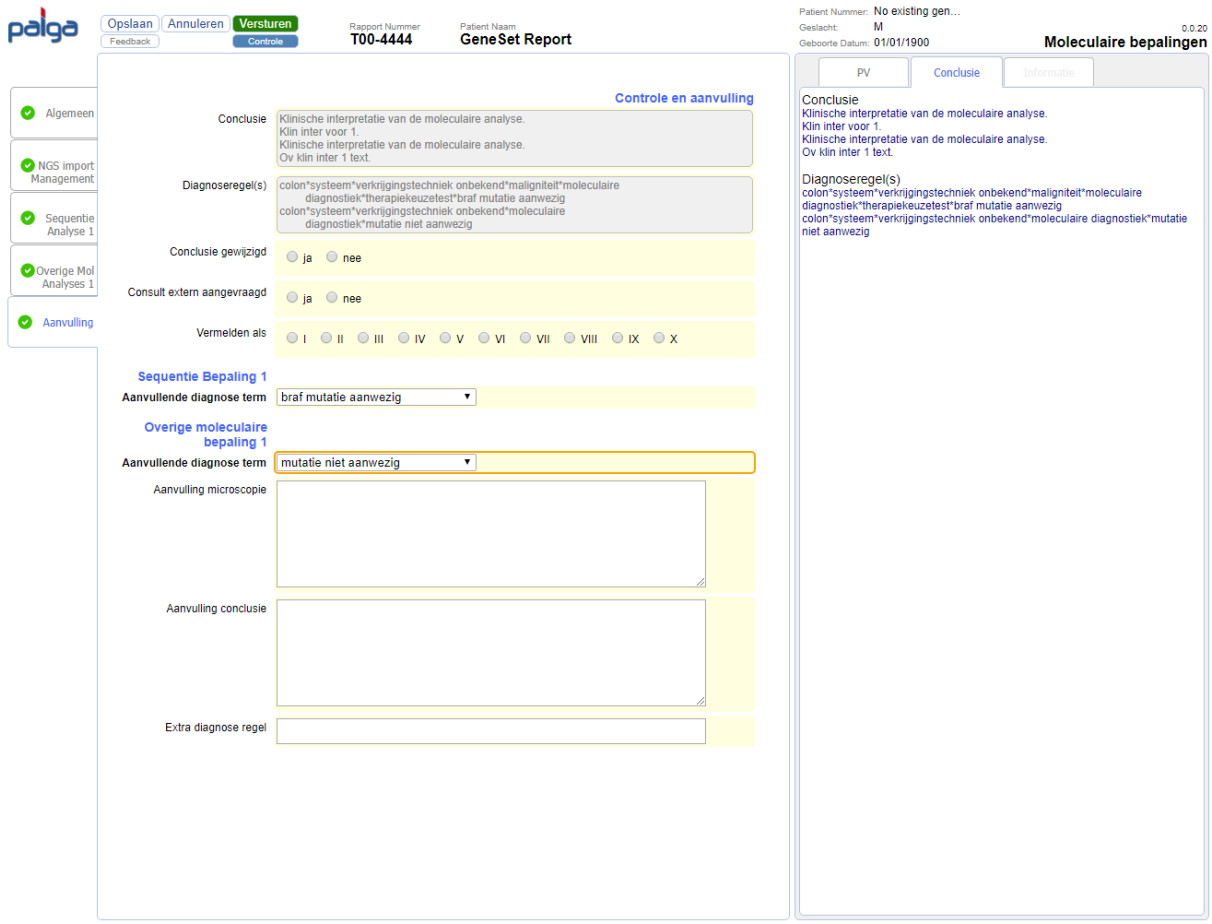
MOLECULAIRE ANALYSE
Reden aanvraag: therapiekeuze
Gevraagd onderzoek: mutatie-analyse CRC
Referentienummer: ID1234; percentage neoplastische cellen: 33; hoeveelheid DNA: voldoende; kwaliteit DNA: goed
Gebruikte techniek: NGS
NGS platform: Ion Ampliseq (Life technologies). info Ion
Datasheet Seq analyse panel: voorbeeld link 1
Sequentie panel (hotspots): ABL1 info abl1, ACVR1 info bij ACVR1, AKT1 info bij akt1, AKT2 , AKT3 , ALK , AMELY , AMELX , CDK4 , CDK6 , CDKN2A , CDKN2B , CHEK2 , CIC , CSF1R , CTNNB1 , FGFR4 , FLT3 , FUBP1 , FOXL2 , GNA11 , GNAQ , GNAS , H3F3A , KIT , KRAS , MAX , MAP2K1 , MDM2 , MDM4 , MET , MLH1 , PIK3CA , PIK3R1 , PMS2 , POLD1 , POLE , PTCH1 info picht 1

MOLECULAIR RESULTAAT
EGFR []: exon exon19: c.2369C>T (p.Thr790Met) - frequentie 10.9% - coverage 3664
ABL1 [info abl1]: exon exon19: c.2236_2250delGAATTAAGAGAAGCA (p.Glu746_Ala750del) - frequentie 20.6% - coverage 3883
EGFR []: exon exon117: c.1068_1069insATTGTTACTGTTGATGGATACGTGGACCCT (p.Cys345_Pro346insProIleValThrValAspGlyTyrValAsp) - frequentie 20.6% - coverage 3883
ABL1 [info abl1]: exon exon10: c.2334C>T (p.Thr790Zot) - frequentie 12.9% - coverage 3611
ACVR1 info bij ACVR1: geen mutatie aangetoond
AKT1 info bij akt1: geen mutatie aangetoond
AKT2 : geen mutatie aangetoond
AKT3 : geen mutatie aangetoond
ALK : geen mutatie aangetoond
AMELY : geen mutatie aangetoond
AMELX : geen mutatie aangetoond
CDK4 : geen mutatie aangetoond
CDK6 : geen mutatie aangetoond
CDKN2A : geen mutatie aangetoond
CDKN2B : geen mutatie aangetoond
CHEK2 : geen mutatie aangetoond
CIC : geen mutatie aangetoond
CSF1R : geen mutatie aangetoond
CTNNB1 : geen mutatie aangetoond
FGFR4 : geen mutatie aangetoond
FLT3 : geen mutatie aangetoond
FUBP1 : geen mutatie aangetoond
FOXL2 : geen mutatie aangetoond
GNA11 : geen mutatie aangetoond
GNAQ : geen mutatie aangetoond
GNAS : geen mutatie aangetoond
H3F3A : geen mutatie aangetoond
KIT : geen mutatie aangetoond
KRAS : geen mutatie aangetoond
MAX : geen mutatie aangetoond
MAP2K1 : geen mutatie aangetoond
MDM2 : geen mutatie aangetoond
MET : geen mutatie aangetoond
MLH1 : geen mutatie aangetoond
PIK3CA : geen mutatie aangetoond

### Toelichting

In het ***Protocollair verslag*** worden alle ingevulde rubrieken per inzending gestructureerd weergeven.

## Scherm 8 Conclusie en Diagnose




### Toelichting

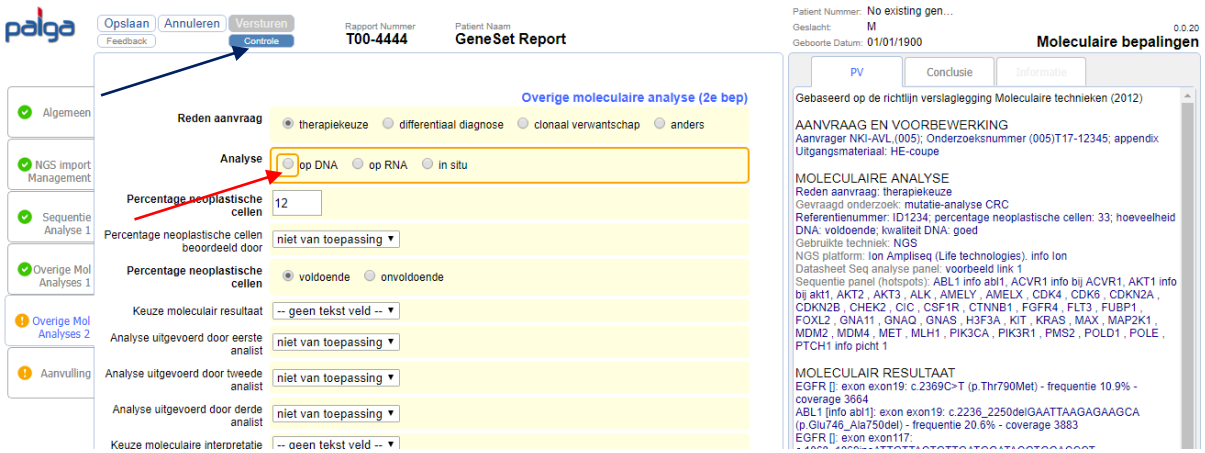
De *Conclusie* bevat een standaard tekst, die onderin het scherm kan worden aangevuld met een eigen tekst via de rubriek *Aanvulling conclusie*. Deze extra tekst wordt dan onderdeel van het protocol en gaat niet verloren. Er kan een waarschuwing worden aangevinkt (optioneel item) als het een gewijzigde conclusie betreft.

Met *Conclusie gewijzigd* geeft U aan of het een gewijzigde conclusie betreft. Dit wordt dan met een standaard tekst in de conclusie aangegeven.

Met *Consult extern aangevraagd* geeft U aan of een extern consult is aangevraagd. Dit wordt dan middels een standaard tekst aan de conclusie toegevoegd.

De *Diagnose* bevat de Palga diagnose codering, die onderin het scherm kan worden aangevuld met een eigen tekst via de rubriek *Extra diagnose regel*. Deze extra tekst wordt dan onderdeel van het protocol en gaat niet verloren. Indien dat noodzakelijk is worden hier tevens de *palga codes* (verplichte items) ingevoerd. De palga code *systeem is verplicht is deze regel

## Controle knop




### Toelichting

De functie van de “Controle” knop (blauwe pijl) is het in focus brengen van de eerstvolgende openstaande verplichte rubriek (rode pijl). Deze functie is handig op tabbladen met veel rubrieken om snel te navigeren naar de openstaande rubriek om een tabblad te kunnen valideren. De knop werkt per tabblad. De knop voert per keer een controle uit. Indien er meerdere verplichte rubrieken openstaan moet de knop telkens worden geactiveerd.

## Informatie (BlauweBolletjes)

N.v.t.

# Gecomprimeerd totaaloverzicht van gegevens en gebruikers opties

| Interne naam | Externe naam | Veld definitie | Scherm | MDS | Parameter | Conclusie | Diagnoseregel |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| VrbAanvrager | Aanvrager | Tekenreeks | 1 | X | | X | |
| VrbAanvragerAnders | Aanvrager anders | Tekenreeks | 1 | X | | X | |
| VrbAndereOrganisatie | Andere organisatie | Tekenreeks | 1 | X | | X | |
| VrbOnderzoekNummers | Onderzoeksnummer | Tekenreeks | 1 | X | | X | |
| VrbAardM | Aardmateriaal | Tekenreeks | 1 | X | | X | |
| VrbPrimaireTumorLoc | Primaire tumorlocatie | Tekenreeks | 1 | | | | |
| VrbUitgangsMateriaal | Uitgangsmateriaal | Tekenreeks | 1 | X | | X | X |
| VrbUitgangsMateriaalAnd | Uitgangsmateriaal anders | Tekenreeks | 1 | X | | X | X |
| VrbDatStartMolDiag | Datum start mol. diagnostiek (PATH) | Tekenreeks | 1 | | | | |
| VrbDatAanvraagMolDiag | Datum aanvraag mol. diagnostiek (PATH) | Tekenreeks | 1 | | | | |
| VrbHoeveelheidWeefsel | Hoeveelheid weefsel | Tekenreeks | 1 | X | | X | X |
| VrbMacroDissUitgDoor | Macrodissectie uitgevoerd door | Tekenreeks | 1 | | X | | |
| VrbMacroDissUitgDatum | Macrodissectie uitgevoerd door datum | Tekenreeks | 1 | | | | |
| VrbProcedure | Procedure | Tekenreeks | 1 | X | | | |
| SqaNumberOfGenes | Aantal te verwachten genesets | Tekenreeks | 2 | X | | | |
| SqaxRedenAanvraag | Reden aanvraag | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxRedenAanvraagAnders | Reden aanvraag anders | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzTher | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze) | Tekenreeks | 3 | X | | X | X |
| SqaxGevrOndzTherAnd | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze) (anders) | Tekenreeks | 3 | X | | X | X |
| SqaxGevrOndzDiffDiag | Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzDiffDiagAnd | Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose) (anders) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzClonaal | Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzClonaalAnd | Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap) (anders) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzOverig | Gevraagd onderzoek (overig) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGevrOndzOverigAnd | Gevraagd onderzoek (overig) (anders) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxRefNummer | Referentienummer | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxBeschrAardMat | Beschrijving aardmateriaal | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxPercNeoCellenEx | Percentage neoplastische cellen | HeelGetal | 3 | X | | X | |
| SqaxPercNeoCellenBeoord | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door | Tekenreeks | 3 | | X | | |
| SqaxPercNeoCellenBeoordDatum | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door datum | Tekenreeks | 3 | | X | | |
| SqaxPercNeoCellenEldersEx | Percentage neoplastische cellen elders geschat | HeelGetal | 3 | | X | | |
| SqaxPercNeoCellenEldersBeoord | Percentage neoplastische cellen elders beoordeeld door | Tekenreeks | 3 | | X | | |
| SqaxPercNeoCellen | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxHoeveelheidDNA | Hoeveelheid DNA | Tekenreeks | 3 | | X | X | |
| SqaxKwaliteitDNA | Kwaliteit DNA | Tekenreeks | 3 | | X | X | |
| SqaxHoeveelheidcfDNA | Hoeveelheid cfDNA | Tekenreeks | 3 | | X | X | |
| SqaxKwaliteitcfDNA | Kwaliteit cfDNA | Tekenreeks | 3 | | X | X | |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| SqaxDatasheetSeqAnaPanel | Datasheet Seq analyse panel | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxGebruikteTech | Gebruikte techniek | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxGebruikteTechAnd | Gebruikte techniek (anders) | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxNGSPlatform | NGS platform | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxNGSPlatformAnd | NGS platform anders | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxInfoTekstPlatformTonen | Info teksten platform tonen | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxInfoTekstGeneTonen | Info teksten genen tonen | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxAnalysePanel | Seq analyse panel | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxTonenGeenMut | Tonen bij geen mutatie voor | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxOverigeGenenZinTonen | Overige genen tonen bij geen mutatie | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxAnalysePanelTonenPv | Sequentie panel tonen in PV | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxAnalysePanelAnd1 | Seq analyse panel anders1 | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxAnalysePanelAnd2 | Seq analyse panel anders2 | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxAnalysePanelAnd3 | Seq analyse panel anders3 | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxAnalysePanelAnd4 | Seq analyse panel anders4 | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxNietBeoordTonen | Genenpanel tonen bij niet boordeelbaar | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxGenNietBeoord | Gen(en) niet beoordeelbaar | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxAanvulling | Aanvulling moleculaire bepaling | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxKeuzeMolecInter | Keuze moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxMolecInter | Moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaxKeuzeKlinInter | Keuze klinische interpretatie | Tekenreeks | 3 | | | | |
| SqaxKlinInter | Klinische interpretatie | Tekenreeks | 3 | X | | X | |
| SqaµOnderzoek | 2e (of 3e) onderzoek | Tekenreeks | | | | X | |
| SqaµOnderzoekNummers | Onderzoeksnummer | Tekenreeks | | X | | X | |
| SqaµUitgangsMateriaal | Uitgangsmateriaal | Tekenreeks | | X | | X | X |
| SqaµUitgangsMateriaalAnd | Uitgangsmateriaal (anders) | Tekenreeks | | X | | X | X |
| SqaµHoeveelheidWeefsel | Hoeveelheid weefsel | Tekenreeks | | X | | X | |
| SqaµMacroDissUitgDoor | Macrodissectie uitgevoerd door | Tekenreeks | | | X | | |
| SqaµMacroDissUitgDatum | Macrodissectie uitgevoerd door datum | Tekenreeks | | | X | | |
| genesetxlineycoverage | Coverage | Getal | | X | | X | |
| genesetxlineytranscript | Transcript | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyexon | Exon | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyprotein | Protein | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineycoding | Coding | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyfrequency | Frequency | Getal | | X | | X | |
| genesetxlineygene | Gene | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyklasse | Klasse | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyexport | Export | Tekenreeks | | X | | | |
| genesetxlineychr | Chr | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineystart | Start | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyref | Ref | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineyalt | Alt | Tekenreeks | | X | | X | |
| genesetxlineybuild | Build | Tekenreeks | | X | | X | |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| OvmAantalbepaling | Aantal bepalingen | Tekenreeks | 4 | X | | | |
| OvmzRedenAanvraag | Reden aanvraag | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzRedenAanvraagAnders | Reden aanvraag (anders) | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzAnalyse | Analyse | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzMacroDissUitgDoor | Macrodissectie uitgevoerd door | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMacroDissUitgDatum | Macrodissectie uitgevoerd door datum | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzPercNeoCellenEx | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzPercNeoCellenBeoord | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door | HeelGetal | 4 | | X | | |
| OvmzPercNeoCellenBeoordDatum | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door datum | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzPercNeoCellenEldersEx | Percentage neoplastische cellen elders geschat | HeelGetal | 4 | | X | | |
| OvmzPercNeoCellenEldersBeoord | Percentage neoplastische cellen elders beoordeeld door | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzPercNeoCellen | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzHoeveelheidDNA | Hoeveelheid DNA | Tekenreeks | 4 | | | X | |
| OvmzKwaliteitDNA | Kwaliteit DNA | Tekenreeks | 4 | | | X | |
| OvmzKeuzeMolecResult | Keuze moleculair resultaat | Tekenreeks | 4 | | | | |
| OvmzMolecResult | Moleculaire resultaat | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzMutAnalyse1 | Mutatieanalyse eerste beoordelaar | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMutAnalyseDatum1 | Mutatieanalyse eerste beoordelaar datum | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMutAnalyse2 | Mutatieanalyse tweede beoordelaar | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMutAnalyseDatum2 | Mutatieanalyse tweede beoordelaar datum | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMutAnalyse3 | Mutatieanalyse derde beoordelaar | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzMutAnalyseDatum3 | Mutatieanalyse derde beoordelaar datum | Tekenreeks | 4 | | X | | |
| OvmzKeuzeMolecInter | Keuze moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 4 | | | | |
| OvmzMolecInter | Moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| OvmzKeuzeKlinInter | Keuze klinische interpretatie | Tekenreeks | 4 | | | | |
| OvmzKlinInter | Klinische interpretatie | Tekenreeks | 4 | X | | X | |
| | | | | | | | |
| FusieRedenAanvraag | Reden aanvraag | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieRedenAanvraagAnd | Reden aanvraag (anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzTher | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzTherAnd | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze) (anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzDiffDiag | Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzDiffDiagAnd | Gevraagd onderzoek (differentiaal diagnose) (anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieBeschrAardMat | Beschrijving aardmateriaal | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieGevrOndzClonaal | Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzClonaalAnd | Gevraagd onderzoek (clonaal verwantschap)(anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzOverig | Gevraagd onderzoek (overig) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzOverigAnd | Gevraagd onderzoek (overig) (anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGevrOndzOverigOmschr | Omschrijving reden aanvraag | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| RefNummerFusieGenen | Referentienummer | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGebruikteTech | Gebruikte techniek | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieGebruikteTechAnd | Gebruikte techniek (anders) | Tekenreeks | 5 | X | | X | |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FusieNGSPlatform | NGS platform | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusiePercNeoCellenEx | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusiePercNeoCellenBeoord | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusiePercNeoCellen | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieAnalyseMat | Analyse uitgevoerd op | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieHoeveelheidDNA | Hoeveelheid DNA | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieKwaliteiDNA | Kwaliteit DNA | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieHoeveelheidRNA | Hoeveelheid RNA | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieKwaliteitRNA | Kwaliteit RNA | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieDatasheetSeqAnaPanel | Datasheet Seq analyse panel | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| fusiegenlinePexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePgen5 | Gen 5’ | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePtranscript5 | Transcript | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePexon5 | Exon | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePgen3 | Gen 3’ | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePtranscript3 | Transcript | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePexon3 | Exon | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| fusiegenlinePklasse | Klasse | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieAnalyse1 | Analyse uitgevoerd door eerste analist | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieAnalyse2 | Analyse uitgevoerd door tweede analist | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieAnalyse3 | Analyse uitgevoerd door derde analist: | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieAnalyseDatum1 | Datum analyse uitgevoerd door eerste analist | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieAnalyseDatum2 | Datum analyse uitgevoerd door tweede analist | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieAnalyseDatum3 | Datum analyse uitgevoerd door derde analist | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieTgzKMBP | Toegewezen KMBPer | Tekenreeks | 5 | | | | |
| FusieMolecInter | Moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| FusieAutoKMBP | Klinisch moleculair bioloog | Tekenreeks | 5 | X | | X | |
| FusieKlinInter | Klinische interpretatie | Tekenreeks | 5 | | | X | |
| | | | | | | | |
| WgsRedenAanvraag | Reden aanvraag | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsGevrOndzTher | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze) | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsGevrOndzTherAnd | Gevraagd onderzoek (therapiekeuze)(anders) | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsGevrOndzDiffDiag | Gevraagd onderzoek (differentiaaldiagnose) | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsGevrOndzDiffDiagAnd | Gevraagd onderzoek (differentiaaldiagnose)(anders) | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsRefNummer | Referentienummer | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsPercNeoCellenEx | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsPercNeoCellenBeoord | Percentage neoplastische cellen beoordeeld door | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsPercNeoCellen | Percentage neoplastische cellen | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsDatasheetSeqAnaPanel | Datasheet WGS panel | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsPlatform | WGS platform | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsPlatformAnd | WGS platform anders | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsTumorPurity | Tumor purity | Tekenreeks | 6 | X | | X | |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| WgsGemTuPloid | Average tumor ploidy | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsgenelineTexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgenelineTname | Gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgenelineTpos | Position | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgenelineTvar | Variant | Tekenreeks | 6 | X | | x | |
| wgsgenelineTprot | Protein | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineTreadep | Read Depth | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineTcopie | Copies | GeheelGetal | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineTtvaf | TVAF | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineTbiallc | Biallelic | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineThotsp | Hotspot | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsgene.lineTdriver | Driver | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePchr | Chromosome | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePregion | Region | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePgene | Gene | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePtype | Type | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePcopies | Copies | GeheelGetal | 6 | X | | X | |
| wgscnvlinePcharmco | Chromesome Arm Copies | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielinePexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 6 | X | | | |
| wgsfusielinePname | Fusie | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP5gen | 5’ Gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP5refid | 5’Referentie ID gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP5exon | 5’exon/intron | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP3gen | 3’ Gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP3refid | 3'Referentie ID Gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielineP3exon | 3' exon/intron | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielinePtuco | Fusiegen tumor Copie | GeheelGetal | 6 | X | | X | |
| wgsfusielinePfufra | fusie frame | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsfusielinePdriver | Fusie Driver | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1msscore | Microsatelliet Score | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1msstatus | Microsatelliet Status | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1tumuload | Tumor Mutation Load | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1tumulosta | Tumor Mutation Load status | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1tutmb | Tumor TMB | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1horesco | Homologe Recombinatie Score | Getal | 6 | X | | X | |
| wgsmsline1horestu | Homologe recombinatie status | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgshzylinePexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 6 | X | | | |
| wgshzylinePgene | Gen | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgshzylinePchr | Chromosome | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgshzylinePchrbd | Chromosoom band | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| wgsvrslineWexport | Selectie j/n | Tekenreeks | 6 | X | | X | |

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| wgsvrslineWname | Virus | Tekenreeks | 6 | X | | X | |
| WgsCupAnalyse | CUP analyse | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsDisclaimerTonen | Disclaimer | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsMolecInter | Moleculaire interpretatie | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsKlinInter | Klinische interpretatie | Tekenreeks | 6 | | | X | |
| WgsAutoKMBP | Autorisator | Tekenreeks | 6 | X | | X | |

Let op.

µ kan de waarde aannemen van 2 tot 3

x kan de waarde aannemen van 1 tot 5

y kan de waarde aannemen van 1 tot 40, LET OP! Alleen 1 tot 15 worden opgenomen in de landelijke bank!'

**P** kan de waarde aannemen van 1 tot 20

**T** kan de waarde aannemen van 1 tot 250

W kan de waarde aannemen van 1 tot 250

z kan de waarde aannemen van 1 tot 5

# Overzicht van geparametriseerde rubrieken

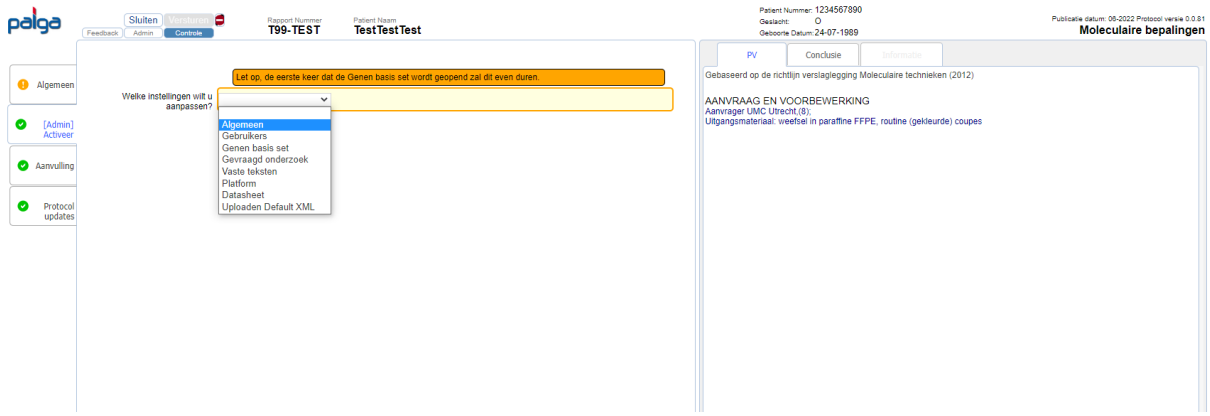
## Het aan / uitzetten van rubrieken

Het aan / uitzetten van rubrieken vindt plaats met de admin knop linksboven in het scherm. Voor dit protocol zijn de volgende instellingen mogelijk (ja / nee):

- Export PV
- Export Conclusie
- Geëxporteerde conclusie is beschermd
- Algemeen: 'PATH diagnostiek datumvelden' tonen?
- Algemeen: 'Macro dissectie uitgevoerd door' tonen?
- Seq analyse: 'Perc neoplastische cellen beoordeeld door' tonen?
- Seq analyse: 'Perc neoplastische cellen elders beoordeeld door' tonen?
- Seq analyse: 'Alle NGS rubrieken bij import' tonen?
- Seq analyse: 'Gen klasse 2' afdrukken in PV?
- Seq analyse: 'Gen klasse 3' afdrukken in PV?
- Overig analyse: 'Macro dissectie uitgevoerd door' tonen?
- Overig analyse: 'Perc neoplastische cellen beoordeeld door' tonen?
- Overig analyse: 'Perc neoplastische cellen elders beoordeeld door' tonen?
- Admin: Moleculaire interpretatie kopiëren naar klinisch?
- Mol analyse: Info genen tonen bij 'Sequentie panel'
- Analyse: 'Analyse uitgevoerd door' tonen
- Mol resultaat: Coverage tonen in de PV
- Mol resultaat: Frequentie tonen in de PV
- PV format: Teksthaken [] vervangen door ronde haken ()

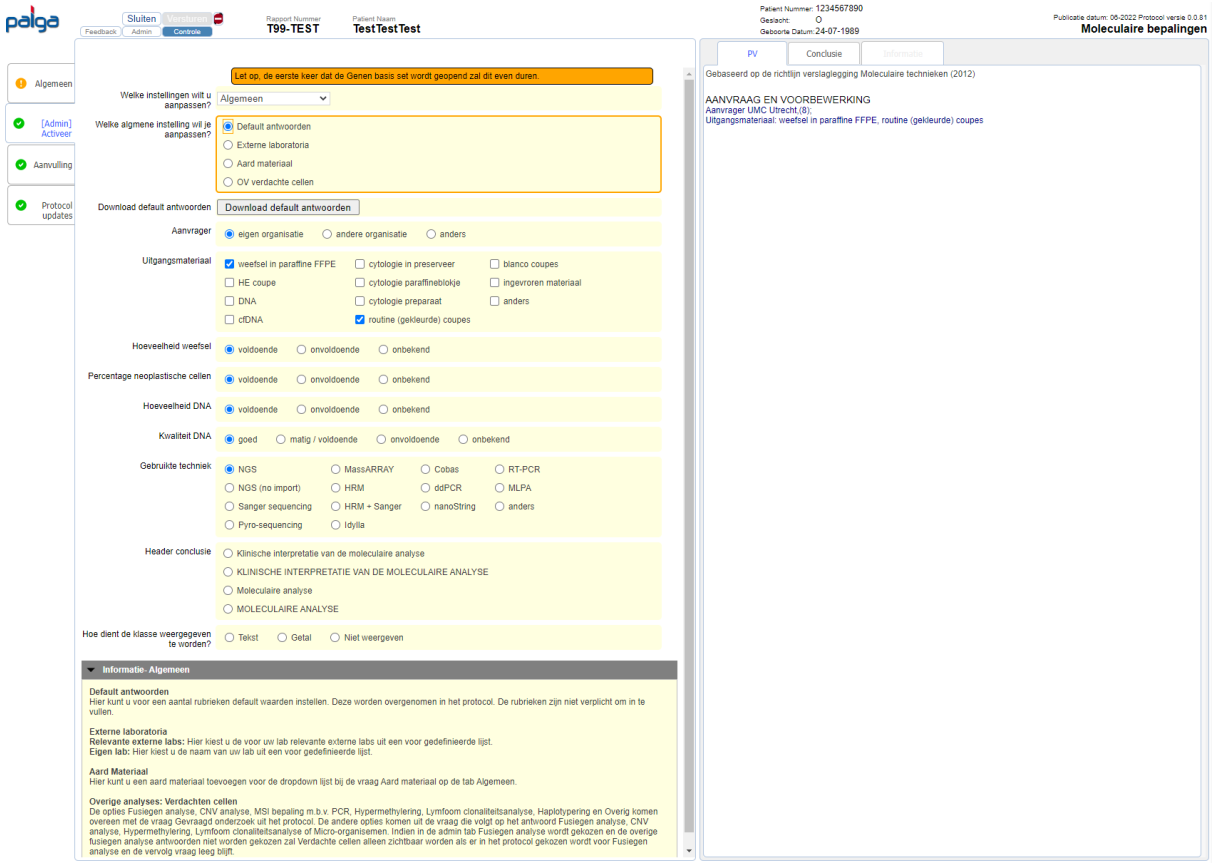
Naast de gewoonlijke parameter rubrieken kunnen voor het moleculaire bepalingen protocol tevens protocol inhoudelijk aspecten per laboratorium worden voor gedefinieerd. Zie onderstaande paragrafen voor meer informatie.

## Scherm 9 ADMIN Start



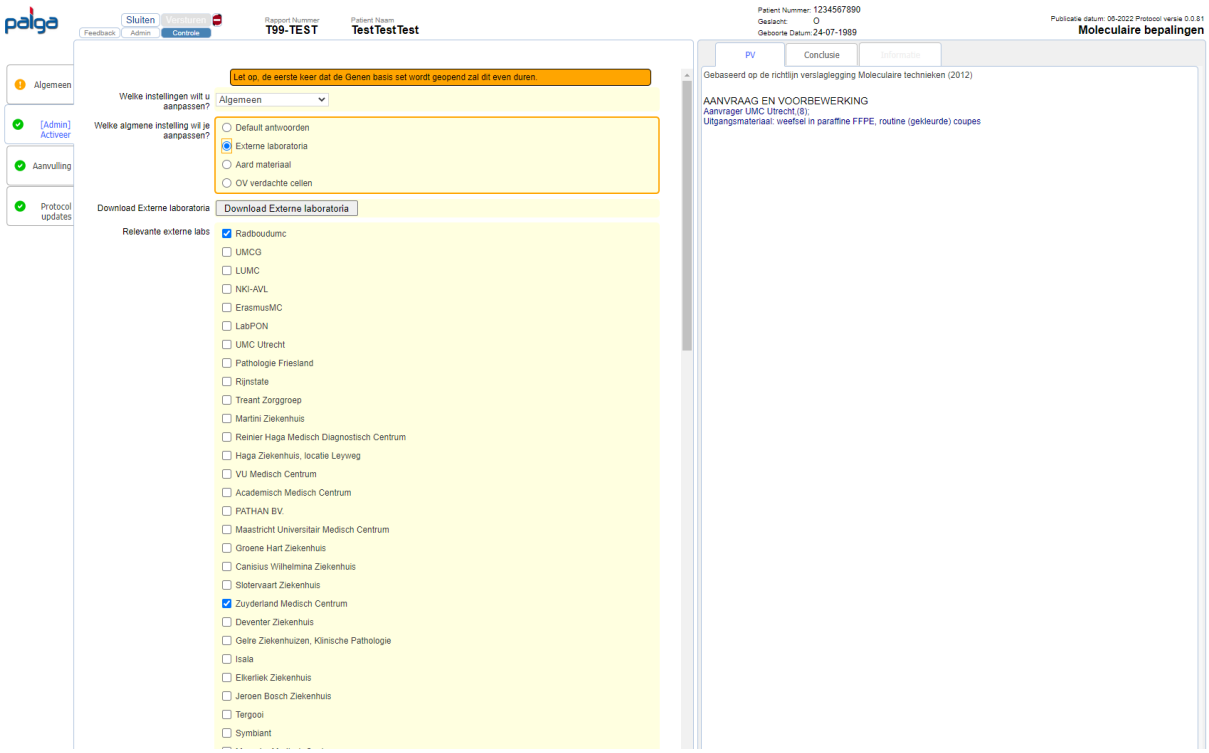

Rubriek *Welke instellingen wilt u aanpassen:* Hiermee kan u de keuze maken welke Admin deel u wilt aanpassen.

## Scherm 10 ADMIN: Algemeen - Default antwoorden




Hier kunt u voor een aantal rubrieken default waarden instellen. Deze worden overgenomen in het protocol. De rubrieken zijn niet verplicht om in te vullen.

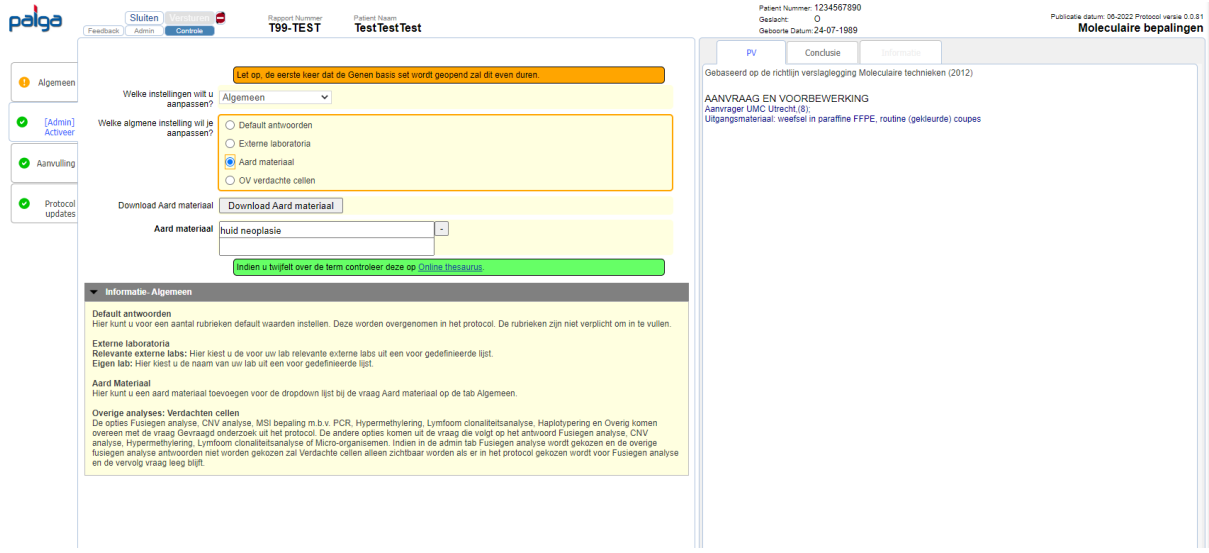
## Scherm 11 ADMIN : Algemeen – Extern laboratoria




**Relevante externe labs**:
Hier kiest u de voor Uw lab relevante externe labs uit een voor gedefinieerde lijst.

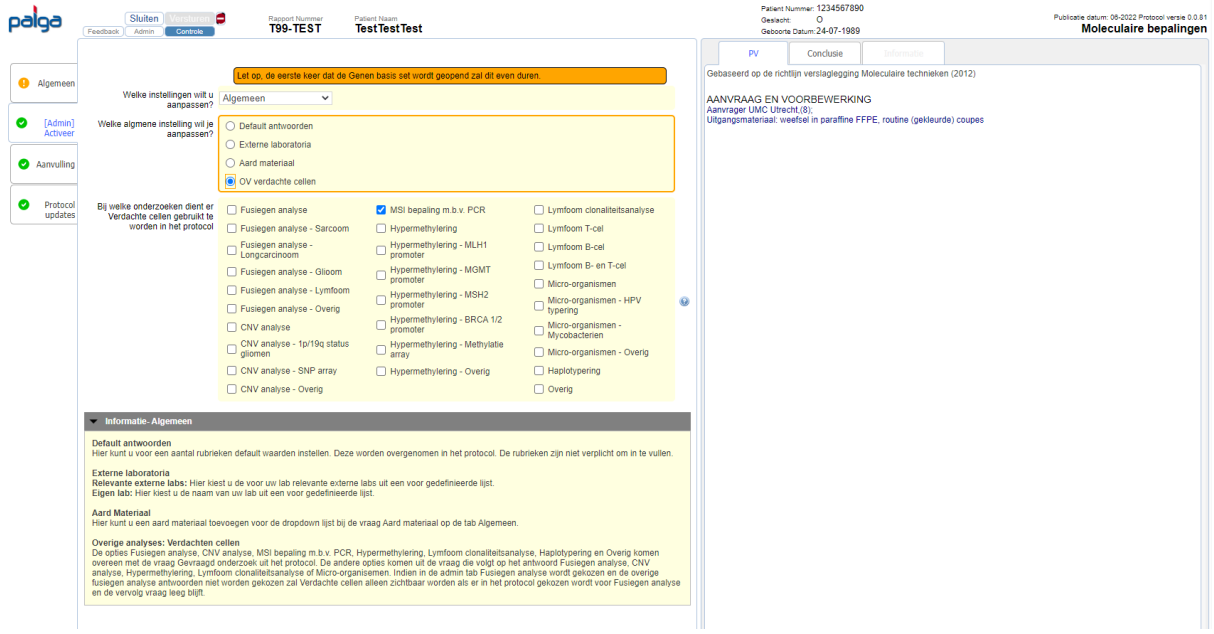
**Eigen lab**:
Hier kiest u de naam van Uw lab uit een voor gedefinieerde lijst.

## Scherm 12 ADMIN : Algemeen – Aard materiaal



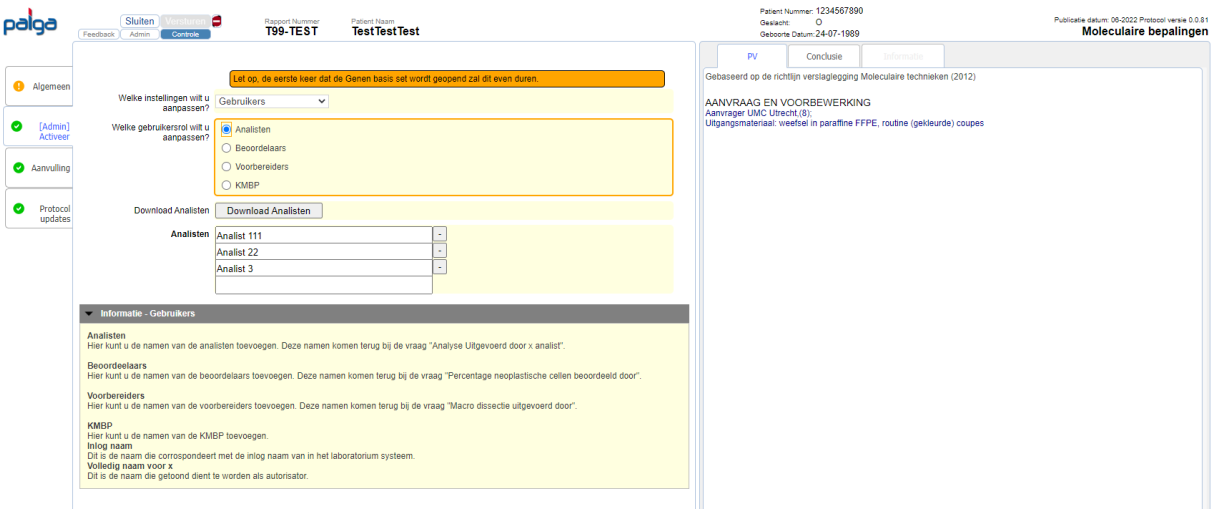

Hier kunt u een aard materiaal toevoegen voor de dropdown lijst bij de vraag Aard materiaal op de tab Algemeen.

## Scherm 13 ADMIN : Algemeen – OV Verdachten cellen



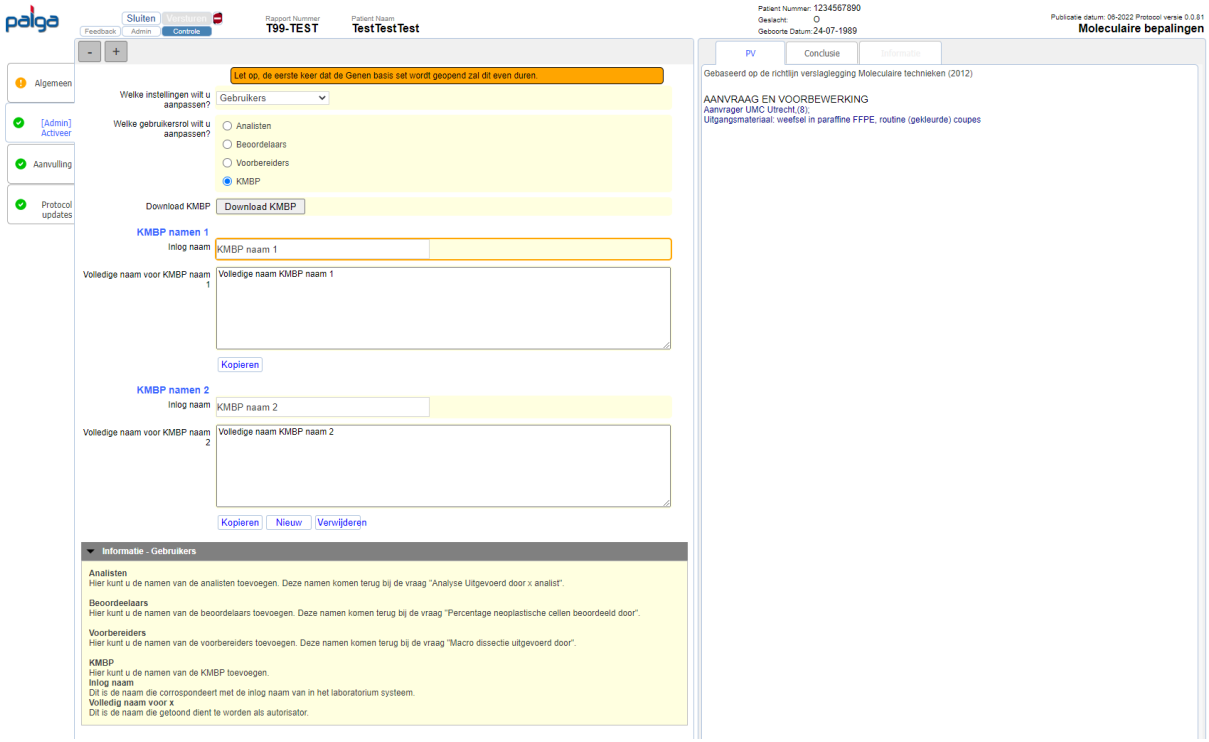

De opties Fusiegen analyse, CNV analyse, MSI bepaling m.b.v. PCR, Hypermethylering, Lymfoom clonaliteitsanalyse, Haplotypering en Overig komen overeen met de vraag Gevraagd onderzoek uit het protocol. De andere opties komen uit de vraag die volgt op het antwoord Fusiegen analyse, CNV analyse, Hypermethylering, Lymfoom clonaliteitsanalyse of Micro-organisemen. Indien in de admin tab Fusiegen analyse wordt gekozen en de overige fusiegen analyse antwoorden niet worden gekozen zal Verdachte cellen alleen zichtbaar worden als er in het protocol gekozen wordt voor Fusiegen analyse en de vervolg vraag leeg blijft.

## Scherm 14, 15, 16 ADMIN: Gebruikers – Analisten/Beoordeelaars/Voorbereiders



Op de admin tabs ‘Analisten’, ‘Beoordelaars’ en ‘Voorbereiders’ kunnen de namen van deze functionarissen worden geconfigureerd. Alleen de hier geconfigureerde namen kunnen bij de respectieve vragen in het protocol worden gekozen.

## Scherm 17 ADMIN : Gebruikers – KMBP

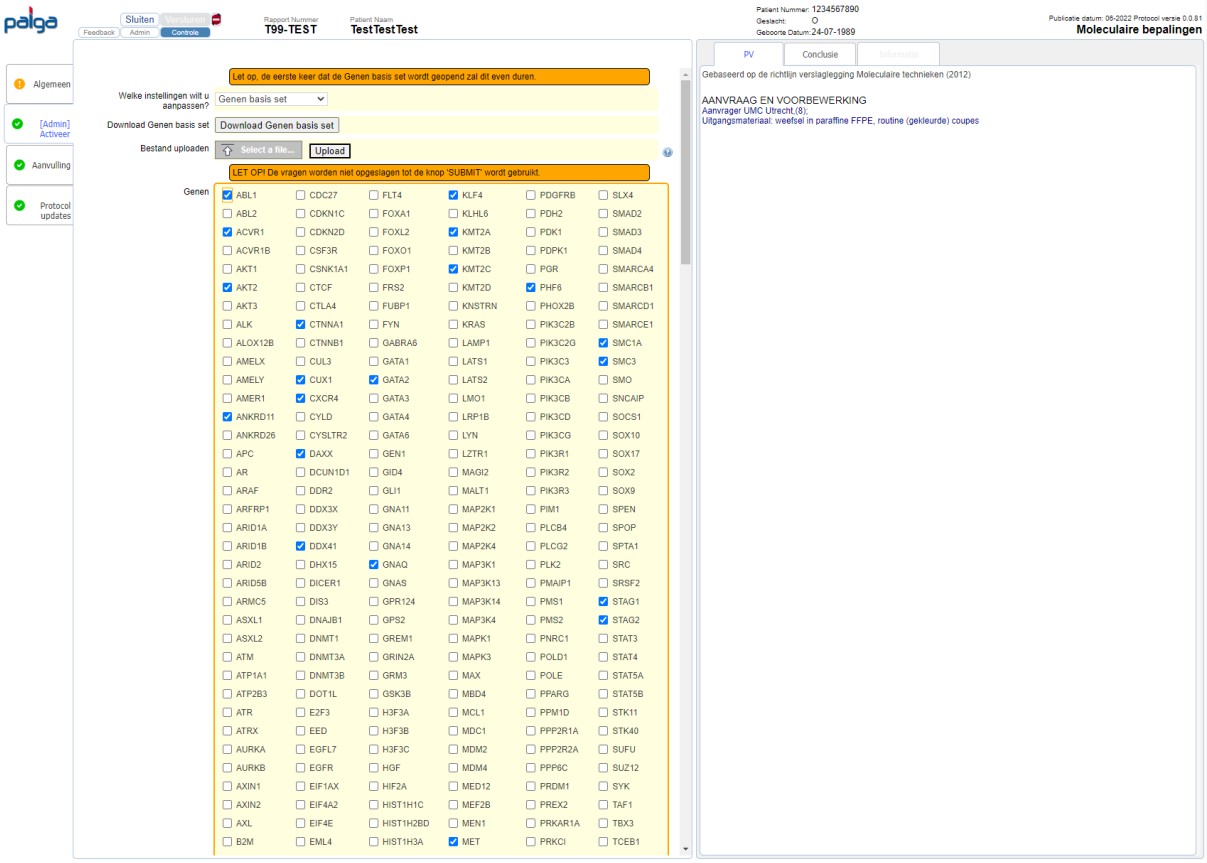



Hier kunt u de namen van de KMBP toevoegen voor u lab met een maximaal van 25 KMBPers.

Rubriek *Inlog naam:* Dit is de naam die correspondeert met de inlog naam van in het laboratorium systeem.

Rubriek *Volledig naam voor x:* Dit is de naam die getoond dient te worden als autorisator.

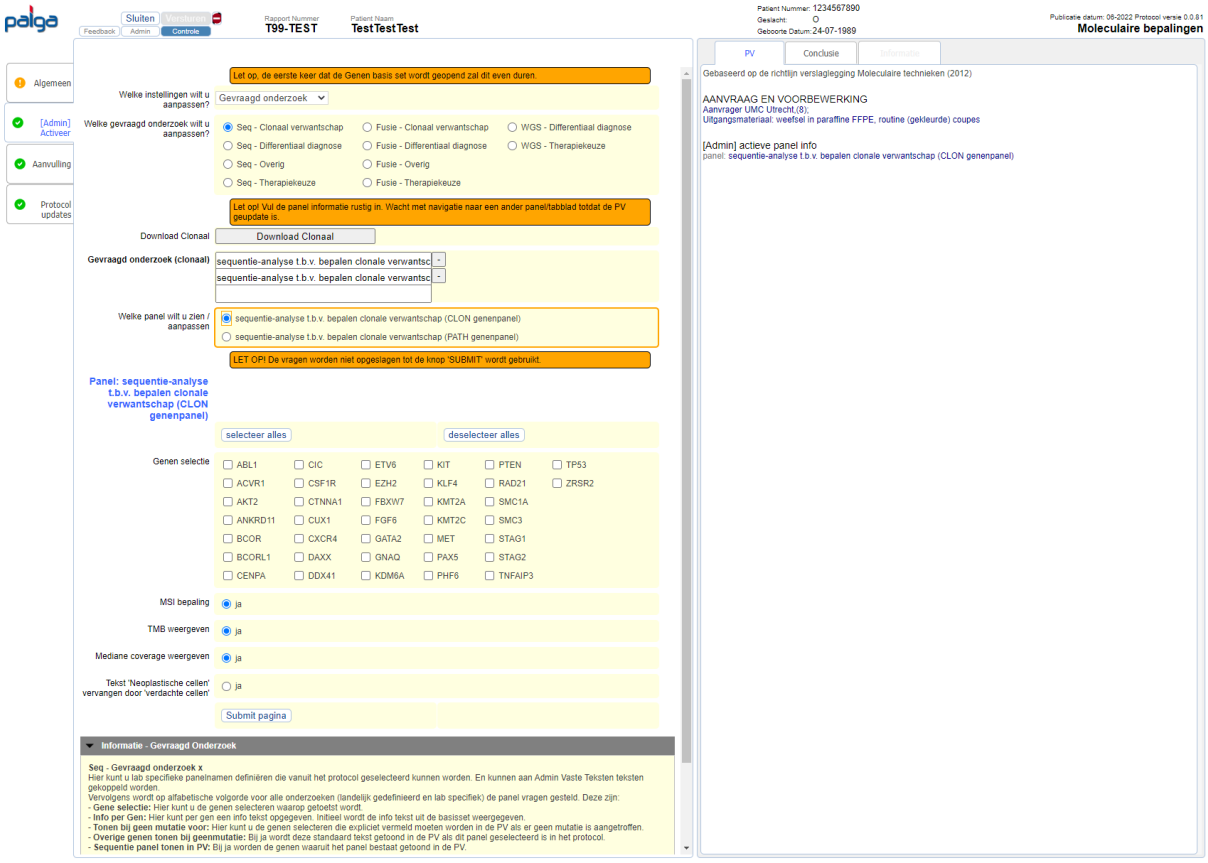
## Scherm 18 ADMIN : Genen Basis Set




Rubriek *Genen:* Hier kiest u de voor uw lab relevante genen uit een voor gedefinieerde lijst. Deze genen vormen uw basisset. Zie voor de volledige set onderaan.

Rubriek *Info xxxx:* Hier kunt u voor elk geselecteerde gen een info tekst opgeven. Deze info tekst wordt in de PV bij geen mutatie getoond.

## Scherm 19, 20, 21, 22 ADMIN : Gevraagd onderzoek – Seq clonaal/Differentiaal diagnose/Overig/Therapiekeuze




Hier stelt u de voor uw lab relevante panels samen die in het protocol geselecteerd kunnen worden voor mutatie analyse.

**Gevraagd onderzoek (geselecteerd onderzoek):**
Hier kunt u lab specifieke panelnamen definiëren die vanuit het protocol geselecteerd kunnen worden.

Vervolgens wordt op alfabetische volgorde voor alle onderzoeken (landelijk gedefinieerd en lab specifiek) de panel vragen gesteld. Deze zijn:

**Gene selectie:**
Hier kunt u de genen selecteren waarop getoetst wordt.

**Info per Gen:**
Hier kunt per gen een info tekst opgegeven. Initieel wordt de info tekst uit de basisset weergegeven.

**Tonen bij geen mutatie voor:**
Hier kunt u de genen selecteren die expliciet vermeld moeten worden in de PV als er geen mutatie is aangetroffen.

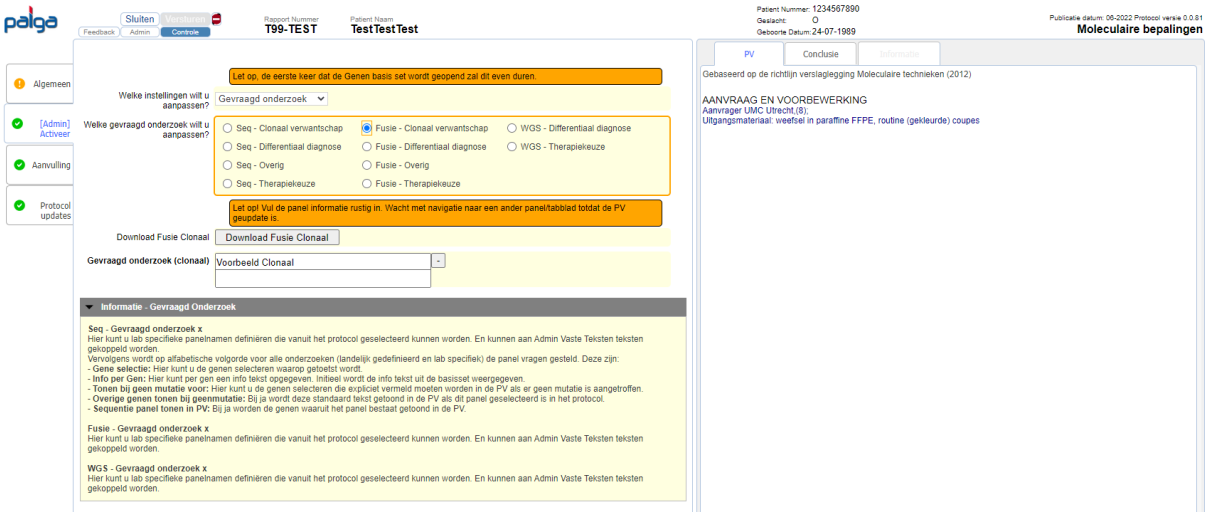
**Overige genen tonen bij geen mutatie:**
Bij ja wordt deze standaard tekst getoond in de PV als dit panel geselecteerd is in het protocol.

**Sequentie panel tonen in PV:**
Bij ja worden de genen waaruit het panel bestaat getoond in de PV

Note: Tijdens het invullen van de panel informatie wordt de actuele voortgang getoond in de PV.

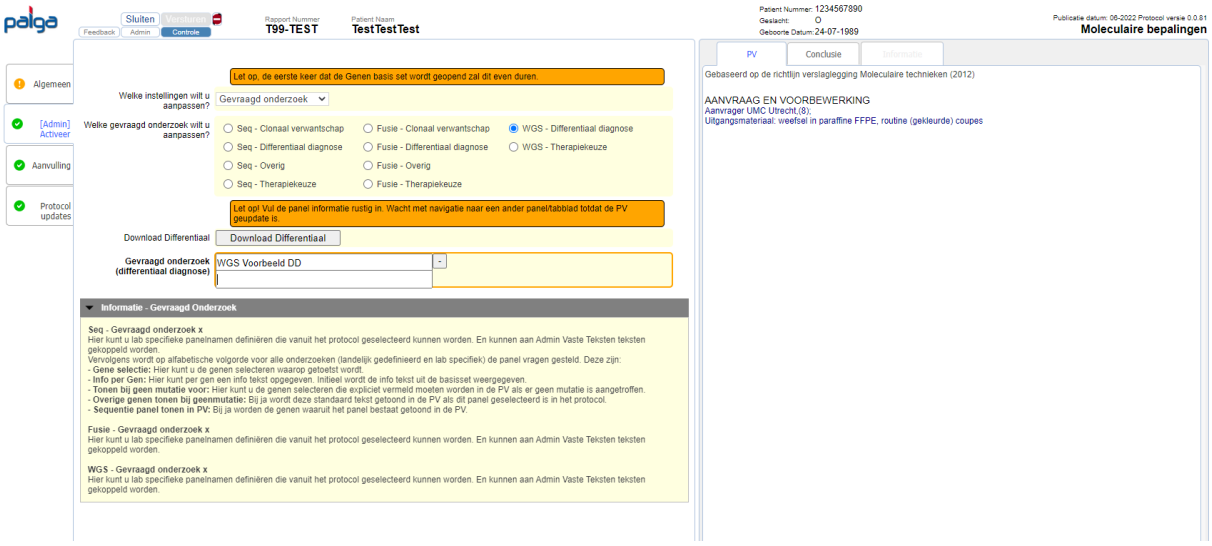
Neem de waarschuwing in acht: Let op! Vul de panel informatie rustig in. Wacht met navigatie naar een ander panel/tabblad totdat de PV geupdate is.

## Scherm 23, 24, 25, 26 ADMIN : Gevraagd onderzoek – Fusie Clonaal verwantschap/Differentiaal diagnose/Overig/Therapiekeuze




**Gevraagd onderzoek (geselecteerd onderzoek):**
Hier kunt u lab specifieke panelnamen definiëren die vanuit het protocol geselecteerd kunnen worden.

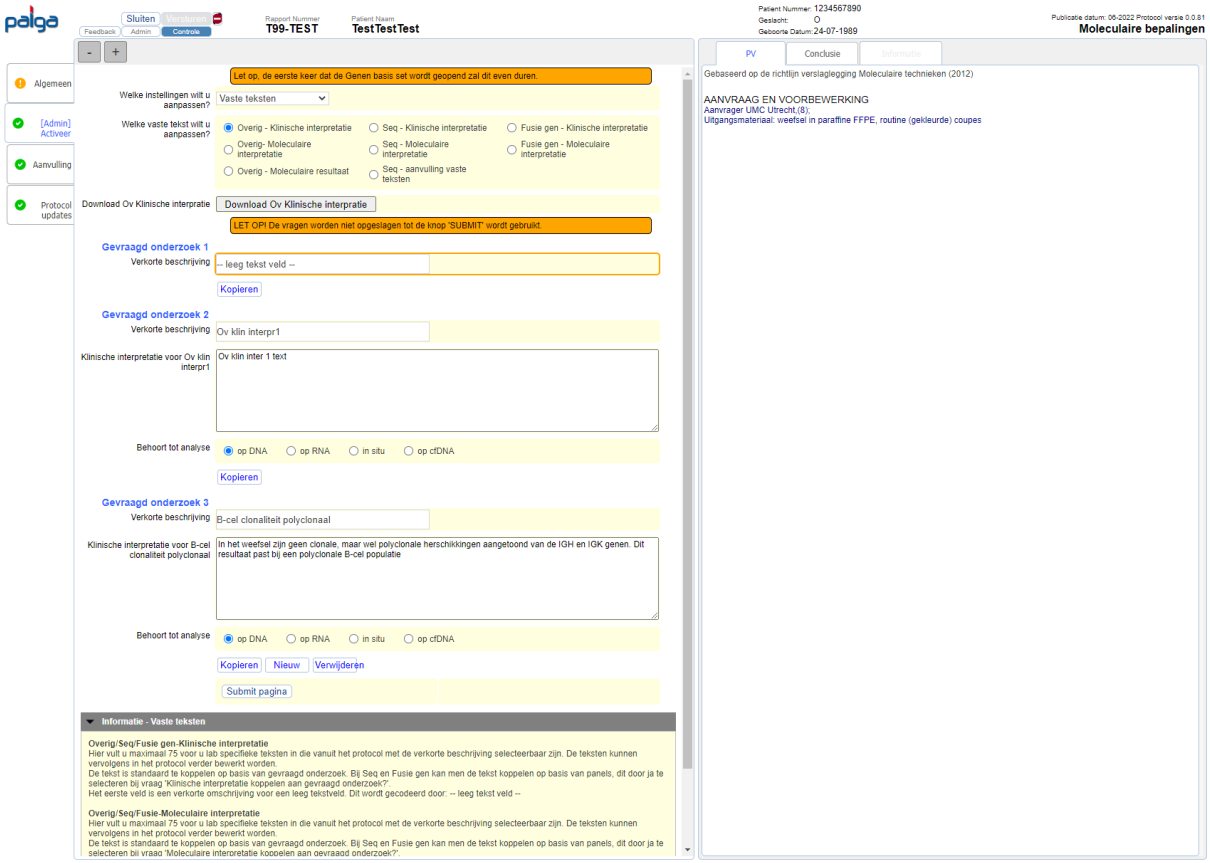
## Scherm 27, 28 ADMIN : Gevraagd onderzoek – WGS Differentiaal diagnose/Therapiekeuze




**Gevraagd onderzoek (geselecteerd onderzoek):**

Hier kunt u lab specifieke panelnamen definiëren die vanuit het protocol geselecteerd kunnen worden.

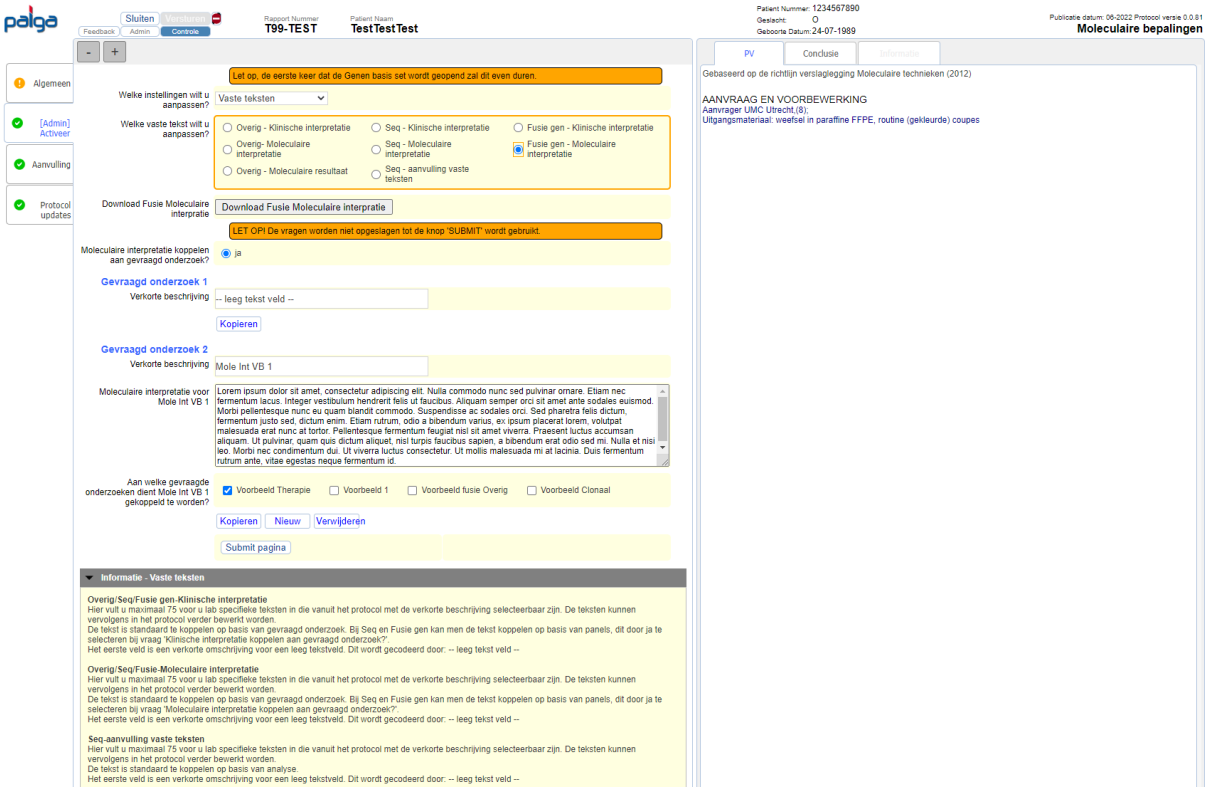
## Scherm 29, 30, 31 ADMIN : Vaste teksten – Klinische interpretatie Overig/Seq/Fusie gen



Hier vult u maximaal 75 voor u lab specifieke teksten in die vanuit het protocol met de verkorte beschrijving selecteerbaar zijn. De teksten kunnen vervolgens in het protocol verder bewerkt worden.

Het eerste veld is een verkorte omschrijving voor een leeg tekstveld. Dit wordt gecodeerd door:
-- leeg tekst veld --

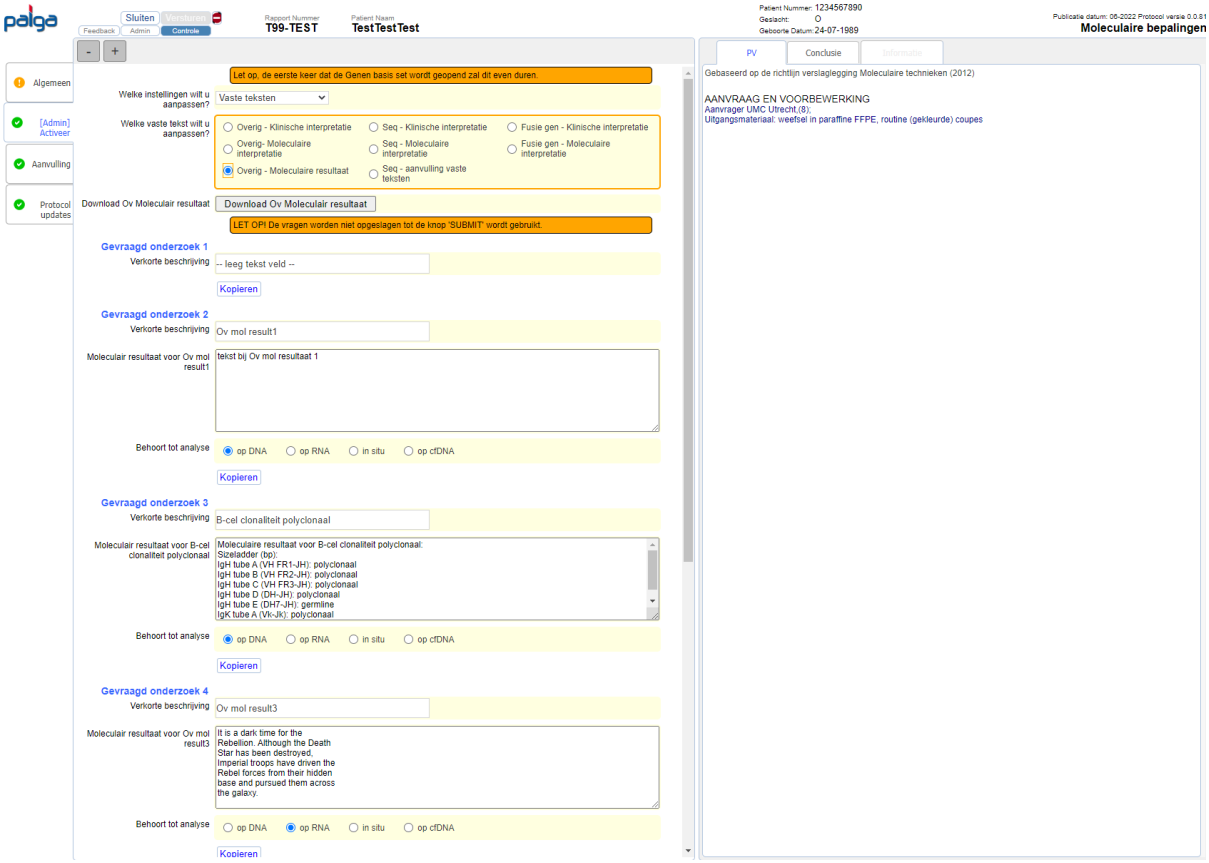
## Scherm 32, 33, 34 ADMIN : Vaste teksten – Moleculaire interpretatie Overig/Seq/Fusie gen




Hier vult u maximaal 75 voor u lab specifieke teksten in die vanuit het protocol met de verkorte beschrijving selecteerbaar zijn. De teksten kunnen vervolgens in het protocol verder bewerkt worden.

Het eerste veld is een verkorte omschrijving voor een leeg tekstveld. Dit wordt gecodeerd door:
-- leeg tekst veld --

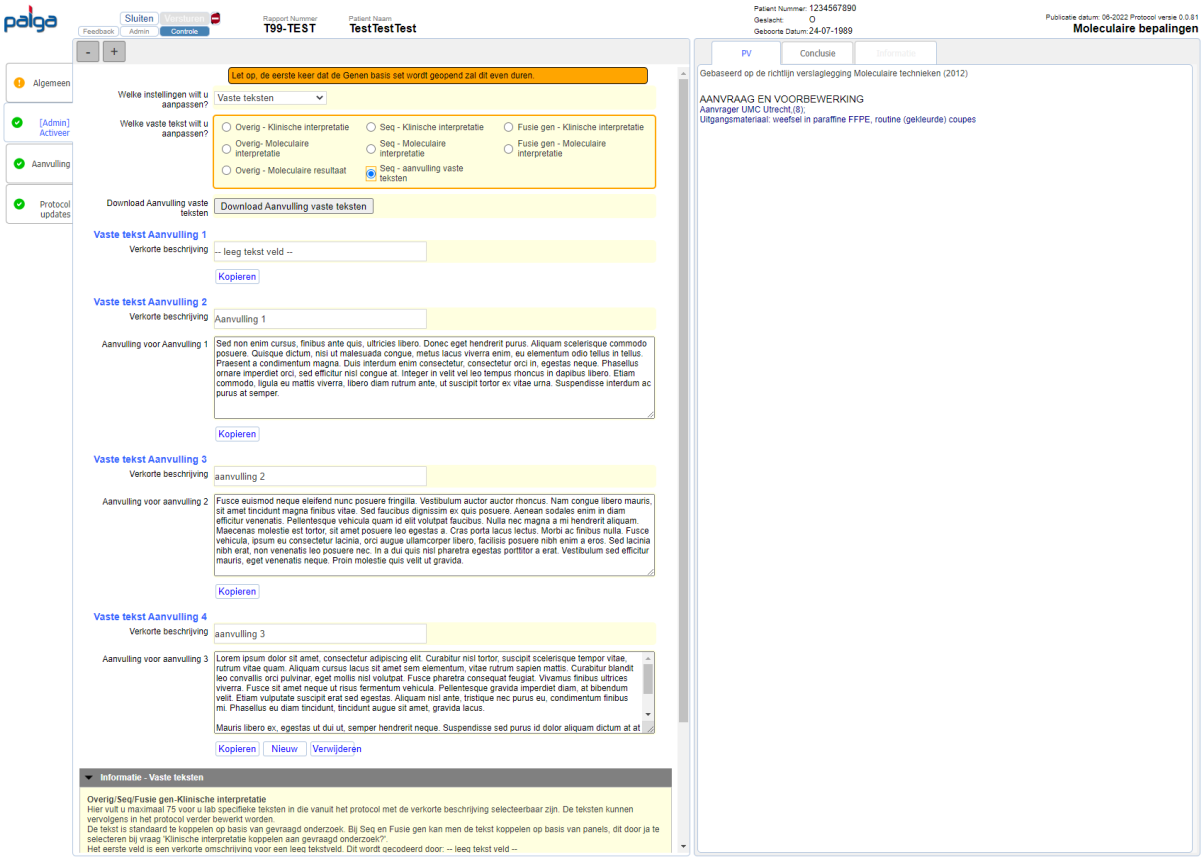
## Scherm 35 ADMIN : Vaste teksten – Overig moleculair resultaat




Hier vult u maximaal 75 voor u lab specifieke teksten in die vanuit het protocol met de verkorte beschrijving selecteerbaar zijn. De teksten kunnen vervolgens in het protocol verder bewerkt worden.

Het eerste veld is een verkorte omschrijving voor een leeg tekstveld. Dit wordt gecodeerd door:
-- leeg tekst veld --

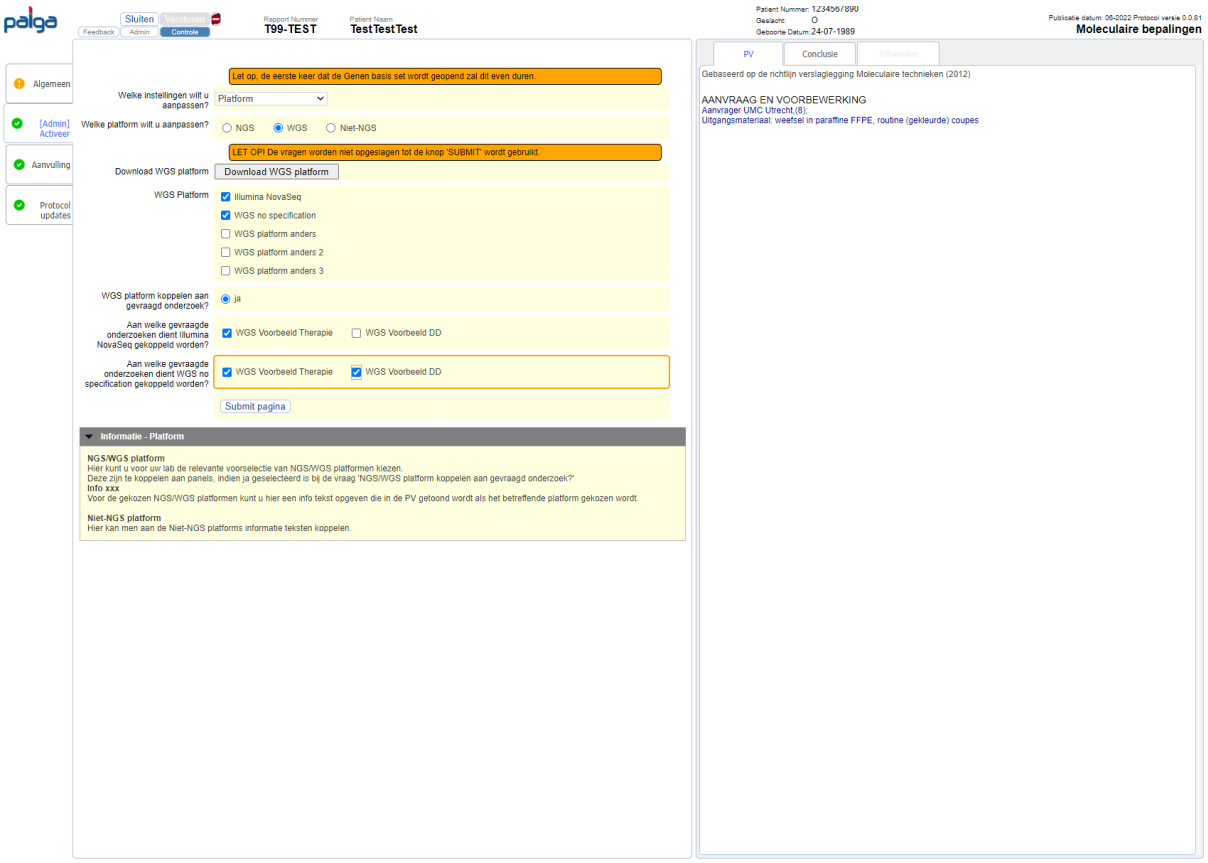
## Scherm 36 ADMIN : Vaste teksten – Seq aanvulling vaste teksten




Hier vult u maximaal 75 voor u lab specifieke teksten in die vanuit het protocol met de verkorte beschrijving selecteerbaar zijn. De teksten kunnen vervolgens in het protocol verder bewerkt worden.

Het eerste veld is een verkorte omschrijving voor een leeg tekstveld. Dit wordt gecodeerd door:
-- leeg tekst veld --

## Scherm 37, 38 ADMIN : Platform – NGS/WGS



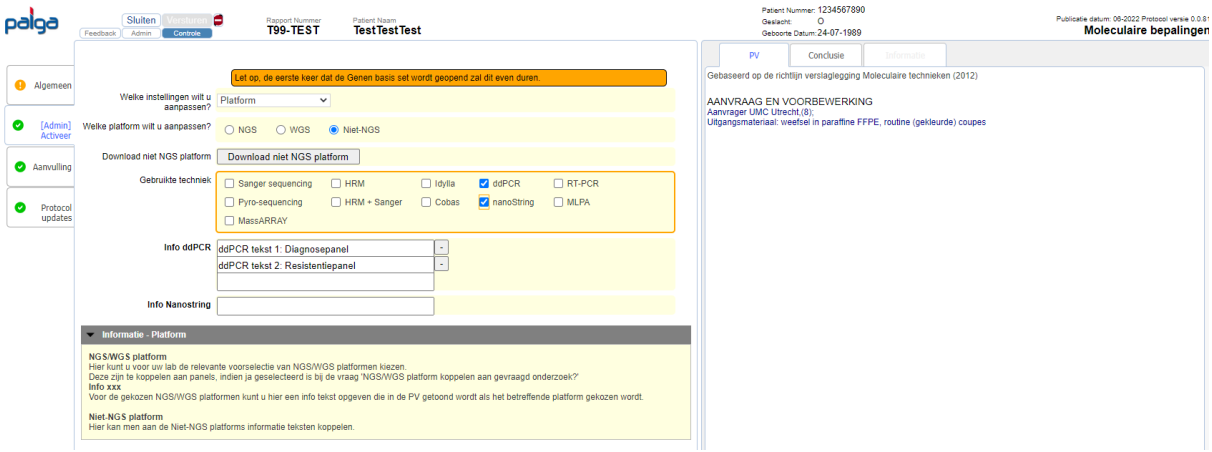

Rubriek *NGS/WGS platform:* Hier kunt u voor uw lab de relevante voorselectie van NGS platformen kiezen.

Rubriek *NGS/WGS platform koppelen aan gevraagd onderzoek?* De Rubriek in niet verplicht om in te vullen. Hier kan men aangeven of men een platform wilt koppelen aan een gevraagd onderzoek.

Rubriek *Info xxx*. Rubriek is niet verplicht om in te vullen en alleen zichtbaar bij NGS. Hier kan men extra info invullen over het betreffende platform

Rubriek *Aan welke gevraagde onderzoeken dient platform X gekoppeld worden?* Rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kan men aangeven welke onderzoek men wilt koppelen aan het platform.

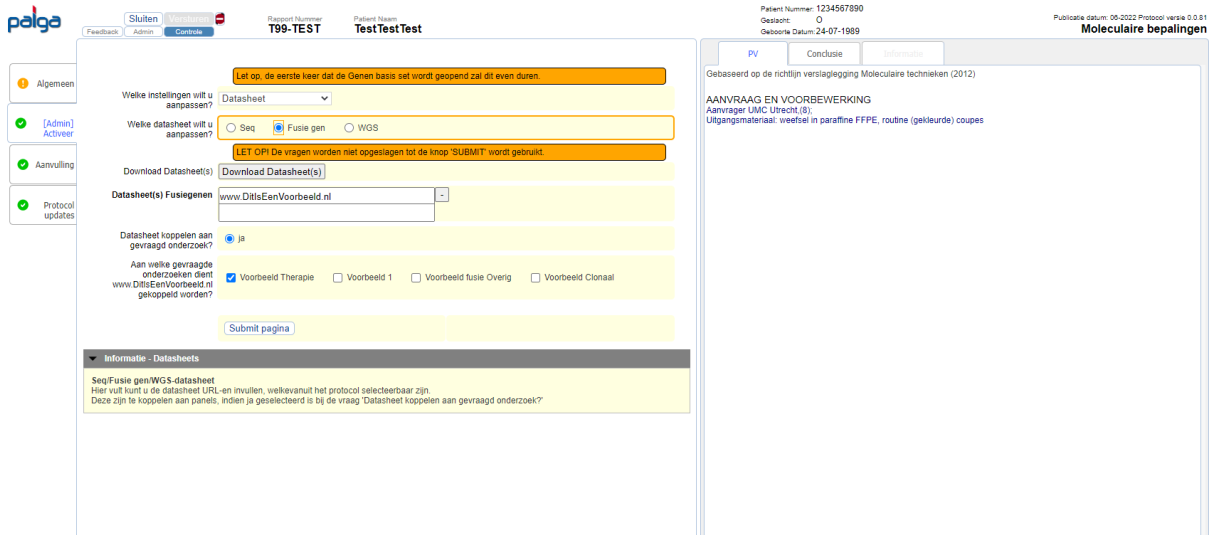
## Scherm 39 ADMIN : Platform – Niet-NGS




Rubriek *Gebruikte techniek:* Deze rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kan men een selectie maken van de technieken die gebruikt worden op het lab.

Rubriek *Info xxx*. Rubriek is niet verplicht om in te vullen en alleen zichtbaar bij NGS. Hier kan men extra info invullen over het betreffende techniek

## Scherm 40, 41, 42 ADMIN : Datasheet – Seq/Fusie gen/WGS

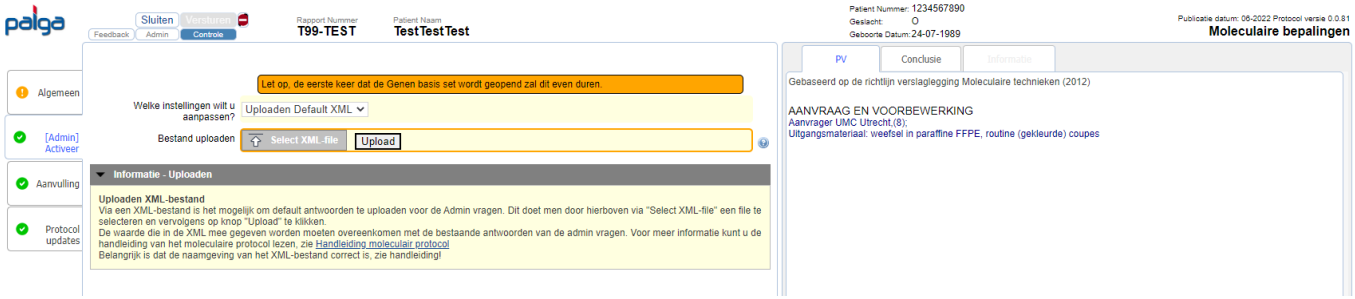



Rubriek *Datasheet(s) X:* Hier kunt u voor uw lab de relevante URL van de datasheets invullen

Rubriek *Datasheet koppelen aan gevraagd onderzoek?* De Rubriek in niet verplicht om in te vullen. Hier kan men aangeven of men een datasheet wilt koppelen aan een gevraagd onderzoek.

Rubriek *Aan welke gevraagde onderzoeken dient datascheet X gekoppeld worden?* Rubriek is niet verplicht om in te vullen. Hier kan men aangeven welke onderzoek men wilt koppelen aan het platform.

## Scherm 43 ADMIN : Datasheet – Seq/Fusie gen/WGS




Via een XML-bestand is het mogelijk om default antwoorden te uploaden voor de Admin vragen. Dit doet men door hierboven via "Select XML-file" een file te selecteren en vervolgens op knop "Upload" te klikken. De waarde die in de XML mee gegeven worden moeten overeenkomen met de bestaande antwoorden van de admin vragen. Zie hiervoor bladzijden xxx

## Overzicht van controles

- De rubriek ***Percentage neoplastische cellen:*** kan de waarde aannemen tussen: 0 – 100%
- De rubriek ***Percentage neoplastische cellen elders geschat:*** kan de waarde aannemen tussen: 0 – 100%

## Overzicht van Gene basisset

| Genen in protocol Moleculaire Bepalingen | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| ABL1 | CDK6 | FUBP1 | MAP2K4 | PIK3R2 | SMAD4 |
| ACVR1 | CDKN2A | FOXL2 | MAP3K1 | PMS2 | SMARCA4 |
| AKT1 | CDKN2B | GNA11 | MAX | POLD1 | SMARCB1 |
| AKT2 | CHEK2 | GNA14 | MDM2 | POLE | SMO |
| AKT3 | CIC | GNAQ | MDM4 | PTCH1 | SUFU |
| ALK | CSF1R | GNAS | MED12 | PTCH2 | SRC |
| AMELY | CTNNB1 | H3F3A | MET | PTEN | STK11 |
| AMELX | CXCR4 | H3F3B | MLH1 | PTPN11 | TEK |
| AMER1 | DAXX | HIF2A | MPL | RAD51C | TERT |
| APC | DD3X | HIST1H3B | MSH2 | RAD51D | TOP2A |
| ARAF | DDR2 | HIST1H3C | MSH6 | RAF1 | TSHR |
| ATM | DDX3Y | HNF1A | MTOR | RASA1 | TMEM127 |
| ATRX | EGFR | HRAS | MUTYH | RB1 | TRAF7 |
| BAP1 | EIF1AX | ID3 | MYC | RET | TP53 |
| BRAF | ERBB2 | IDH1 | MYCN | RNF43 | VHL |
| BRCA1 | ERBB3 | IDH2 | MYD88 | ROS1 | WT1 |
| BRCA2 | ERBB4 | JAK2 | NF1 | RUNX1 | ZNF2 |
| BRIC3 | ESR1 | JAK3 | NF2 | SDHA | anders1 |
| BRIP1 | EZH2 | KDR | NOTCH1 | SDHAF2 | anders2 |
| CALR | FBXW7 | KLF4 | NPM1 | SDHB | anders3 |
| CARD11 | FGFR1 | KIF1B | NRAS | SDHC | anders4 |
| CD79A | FGFR2 | KIT | PDGFRA | SDHD | |
| CD79B | FGFR3 | KRAS | PDH2 | SETD2 | |
| CDH1 | FGFR4 | MAP2K1 | PIK3CA | SF3B1 | |
| CDK4 | FLT3 | MAP2K2 | PIK3R1 | SLC7AB | |

| Chomosomen voor CNV | | | | |
|---|---|---|---|---|
| Chromosoom 1 | Chromosoom 6 | Chromosoom 11 | Chromosoom 16 | Chromosoom 21 |
| Chromosoom 1p | Chromosoom 6p | Chromosoom 11p | Chromosoom 16p | Chromosoom 21p |
| Chromosoom 1q | Chromosoom 6q | Chromosoom 11q | Chromosoom 16q | Chromosoom 21q |
| Chromosoom 2 | Chromosoom 7 | Chromosoom 12 | Chromosoom 17 | Chromosoom 22 |
| Chromosoom 2p | Chromosoom 7p | Chromosoom 12p | Chromosoom 17p | Chromosoom 22p |
| Chromosoom 2q | Chromosoom 7q | Chromosoom 12q | Chromosoom 17q | Chromosoom 22q |
| Chromosoom 3 | Chromosoom 8 | Chromosoom 13 | Chromosoom 18 | Chromosoom X |
| Chromosoom 3p | Chromosoom 8p | Chromosoom 13p | Chromosoom 18p | Chromosoom Xp |
| Chromosoom 3q | Chromosoom 8q | Chromosoom 13q | Chromosoom 18q | Chromosoom Xq |
| Chromosoom 4 | Chromosoom 9 | Chromosoom 14 | Chromosoom 19 | Chromosoom Y |
| Chromosoom 4p | Chromosoom 9p | Chromosoom 14p | Chromosoom 19p | Chromosoom Yp |
| Chromosoom 4q | Chromosoom 9q | Chromosoom 14q | Chromosoom 19q | Chromosoom Yq |
| Chromosoom 5 | Chromosoom 10 | Chromosoom 15 | Chromosoom 20 | |
| Chromosoom 5p | Chromosoom 10p | Chromosoom 15p | Chromosoom 20p | |
| Chromosoom 5q | Chromosoom 10q | Chromosoom 15q | Chromosoom 20q | |

## Gebruik toetsenbord

| Intentie | Actie | Toetsen |
|---|---|---|
| Protocol | | |
| naar eerstvolgend invoerveld of rubriek waarde (van boven naar beneden) | naar gewenste keuze | <Tab> <→> |
| naar eerstvolgende rubriek (van boven naar beneden) | naar gewenste keuze | <↓> |
| naar eerstvolgend invoerveld of rubriek waarde (van beneden naar boven) | naar gewenste keuze | shift<Tab> <←> |
| naar eerstvolgende rubriek (van beneden naar boven) | naar gewenste keuze | <↑> |
| Keuze maken in button of vinklijst | maak selectie | <Space-bar> |
| | ongedaan maken | <Space-bar> |
| scherm naar beneden | naar gewenste schermkeuze | alt <F10> |
| scherm omhoog | naar gewenste schermkeuze | shift-alt<F10> |
| | | |
| Protocol data opslaan | Opslaan | alt<O> of ctrl-alt<O> |
| Protocol data versturen | Versturen | alt<S> of ctrl-alt<O> |
| Controle knop | Zoek leeg verplicht veld | Alt <C> |

# Import – export admin database

## Release notes - PALGA Import-Export admin

## Contents

1.0 PALGACR18-42 – Import and export admin configuration 65

1.1 Document structures 65

1.1.1 XML 65

1.1.2 Examples 68

1.1.3 Considerations 69

## Import and export admin configuration

Document structures

The following paragraphs describe the different document types that can be used for exporting (XML and CSV) and importing (only XML).

### XML

The XML output format is globally like:

```
<?xml version="1.0"?>

<LogicNetsTableExport xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance" version="1.0" tablename="TestSpecialCases"
```

```
stamp_local="20190315.101914" stampISO8601="2019-03-15T09:19:14.371Z">
      <columns count="6">
            <column index="1">id</column>
            <column index="2">SomeText</column>
            <column index="3">SomeNumber</column>
            <column index="4">SomeDate</column>
            <column index="5">SomeCollection</column>
            <column index="6">Description</column>
      </columns>
      <records count="1">
            <record index="1">
                  <id>1</id>
                  <SomeText>Demo Text</SomeText>
                  <SomeNumber>12345</SomeNumber>
                  <SomeDate>20190312.104903</SomeDate>
                  <SomeCollection xsi:nil="true"/>
                  <Description>Just an example</Description>
            </record>
      </records>
</LogicNetsTableExport>
```


The element `LogicNetsTableExport` always contains the following attributes:

| | |
|---|---|
| `version` | Currently set to “1.0” |
| `tablename` | The name of the table that was exported |
| `stamp_local` | The timestamp at export of the local installation clock (current time with timezone) in LogicNets format: YYYYMMDD.HHMMSS |

`stampISO8601` The timestamp at export in ISO8601 format: YYYY-MM-DDTHH:MM:SS.FFFZ, the timestamp is always in ZULU/GMT format.

When 'include headers' is enabled, the columns are written to `columns` node. The attribute '`count`' will indicate the number of columns there are. Each `column` element in turn has the column name as value and the `index` attribute determines the order in which the columns are defined in the original table.

The `records` node will contain a `record` node for each record. The attribute '`count`' will indicate the number of records exported. The '`index`' attribute of the record element indicates the order of the records. Each column value will be the value of the element with the name of the column. When a column value is NULL then no value is written, but the attribute `xsi:nil="true"` is added to the element.

When there were no records exported, the `count` will be set to 0 and no record nodes are listed.

The values are made XML safe by encoding them. The carriage return and line feed combinations are all converted to single line feeds.

**Encoding**:

| | |
|---|---|
| \n | 
 |
| < | < |
| > | > |
| & | & |
| " | " |

For importing, the columns are not needed as that is implicitly read from the column node element names.

## CSV

The output formats had a CSV format.

Each value is enclosed in ". If the value contains a ", then it is 'escaped' by adding a ".

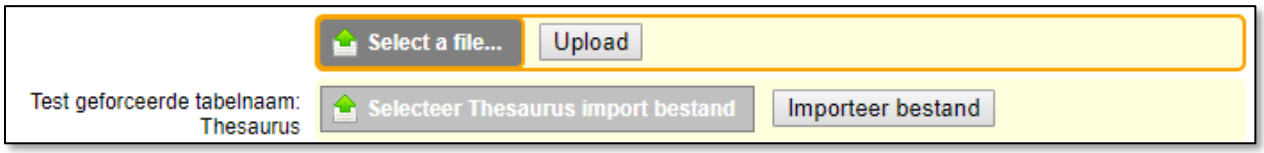
Then the first line contains the names of the columns.

## Examples

The example logicnet has two import configuration, the first is the most easy implementation that just has all configuration elements set to default, except (of course) the [Use File Upload] flag which is set.

The second has an explicit table name configured and custom label and button caption.

Example how this is represented:




When the mouse is hovered over the 'Select a file' label/button or when it is highlighted using the keyboard, the background color turns darker and a hand click cursor is shown to indicate the control can be clicked. When clicking it (or pressing Enter/Spacebar), the browser will display a file select dialog where any file can be selected. After choosing a file, the name of the file is displayed like:

When the ESCape button is pressed in the file select dialog, the current selected file is cleared and the 'Select a file…' or custom text is shown again.

Pressing the Upload button will upload the selected file to the server and will process the file. In the mean time a spinning circle is shown that the upload is in progress.

After finishing the upload, the screen is updated and the selected file is cleared from the label.

If something goes wrong with the upload or import of the data, a message will be shown indicating what might have gone wrong.

Check the following video for a demo of exporting data from the MB protocol

https://www.palga.nl/assets/uploads/Moleculaire%20diagnostiek/export%20bij%20MB%20protocol.mp4

Check the following video for a demo of importing data into the MB protocol

https://www.palga.nl/assets/uploads/Moleculaire%20diagnostiek/import%20bij%20MB%20protocol.mp4

## Considerations

! **Table Name** – The name of the table is taken over from the filename or the tablename attribute value when using XML. But when the table name is specified in the part configuration, then this name wins over the name from the file. The name must exactly match the name in the resources/project, e.g. filenames with a copy indication like [Thesaurus (1).csv] or different casing like [thesaurus.txt] will not be imported (if the target table is named [Thesaurus]).

! **Existing Table** – The table to import for must already exist, the import_data part in upload mode is not intended to create a table on the fly (it requires the LogicNets virtual file system folder location to be able to add a table, currently limited for use within the Designer itself).

! **Full overwrite** – The import function has been designed to fully overwrite the content. This in order to prevent possible changes or conflicts for the autonumber/identity column.

! **Empty file** – An empty file (for text based files, it still needs the column row) will erase all data from the table as the assumption is made that the file import is intended to clear the table.

! **Full table rollback** – If any problem is detected with the file, or a record could not be imported, the entire import of the table is rolled back, e.g. no partial import can be made, it's all or nothing. Because the import_data part handles one table/file at a time, the rollback is per table/import step.

! **Empty fields** – There are several ways to define if a field should be empty or a NULL value. When importing text based files (comma, tab, semi-colon), the literal (case sensitive) value 'eMPTyVaLue' will be considered to be an 'empty string'. The value "" or "NuLLeD" will be considered a NULL value/not existing value for the table. For XML the indication can be made more explicit with the attribute `xsi:nil="true"`, in that case the cell value will be set to NULL. But the 'eMPTyVaLue' and 'NuLLeD' values will also work like the regular text file import.

! **Escaping XML** – Not all characters are allowed in XML as they could break the XML structure. The following characters are expected to be escaped:

| | | |
|---|---|---|
| \n | as | 
 |
| < | as | < |
| > | as | > |
| & | as | & |
| " | as | " |

! **Carriage Return in XML** – Beware of using explicit or implicit carriage returns / enters in the XML documents as they can break display of values in the designer table editor. Always use 
 to indicate a new line.

! **XML and column names** – The xml file does not explicitly need the list of columns to be used, but it is recommended to do so as that will make the record content more flexible. When the column names are not explicitly defined, the engine will try to determine the column names

and order using the first record. But that means that the first record must contain all columns.

! **XML Column order** – The order of the columns are determined by the index attribute; this allows some flexibility in handling column orders. The fields of the actual records are looked up by name, so the order in which they are specified in the record nodes does not matter.

! **XML column name case sensitive** – The names of the columns in the columns node must match case sensitive with the names in the record nodes.

! **XML missing columns in records** – When a column is missing in a record, it is implicitly assumed to be NULL.

! **Implicity column types** – The column types are not explicitly defined. All fields are considered 'text' and it is left to the database column definition if conversion takes place.

! **English error messages** – The label and button captions are configurable allowing different wording or translations. The messages that are shown when something goes wrong while importing are in English and cannot be translated or rephrased without an engine update.

| | |
|---|---|
| **Datasheet** | |
| **Datasheet Seq** | moleculair20_datasheet |
| Aan welke gevraagde onderzoeken dient <<datasheet>> gekoppeld worden? | moleculair20_gekoppeld_datasheet |
| | |
| **Datasheet fusie gen** | moleculair22_fusie_datasheet |
| Aan welke gevraagde onderzoeken dient <<datasheet>> gekoppeld worden? | moleculair22_fusie_gekoppeld_datasheet |
| | |
| **Datasheet WGS** | moleculair22_wgs_datasheet |
| Aan welke gevraagde onderzoeken dient <<datasheet>> gekoppeld worden? | moleculair22_wgs_gekoppeld_datasheet |
| | |
| **Default antwoorden** | |
| Aanvrager | moleculair20_admin_defaults |
| Uitgangsmateriaal | moleculair20_admin_defaults_uitgangsmateriaal |
| Hoeveelheid weefsel | moleculair20_admin_defaults |
| Percentage neoplastische cellen | moleculair20_admin_defaults |
| Hoeveelheid DNA | moleculair20_admin_defaults |
| Kwaliteit DNA | moleculair20_admin_defaults |
| Gebruikte techniek | moleculair20_admin_defaults |
| Header conclusie | moleculair20_admin_header |
| Hoe dient de klasse weergegeven te worden | moleculair20_klasse_weergeven |
| | |
| **Externe laboratoria** | |
| Relevante externe labs | moleculair20_andere_org |
| Eigen lab | moleculair20_eigen_org |
| | |
| **NGS platform** | |
| NGS platform | moleculair20_NGS_platform_basis |
| Aan welke gevraagde onderzoeken dient <<NGS platform>> gekoppeld worden? | moleculair20_gekoppeld_NGS_Platform |
| | |
| **WGS platform** | |
| WGS platform | moleculair21_WGS_platform_basis |
| Aan welke gevraagde onderzoeken dient <<WGS platform>> gekoppeld worden? | moleculair21_gekoppeld_WGS_Platform |
| | |
| **Niet NGS platform** | |
| Gebruikte techniek | moleculair20_niet_NGS_platform_collectie |
| Info Sanger sequencing | moleculair20_niet_NGS_Info_Sanger |
| Info Pyro-sequencing | moleculair20_niet_NGS_Info_Pyro |
| Info MassaARRAY | moleculair20_niet_NGS_Info_MassARRAY |
| Info HRM | moleculair20_niet_NGS_Info_HRM |
| Info HRM+Sanger | moleculair20_niet_NGS_Info_HRMsanger |
| Info Idylla | moleculair20_niet_NGS_Info_Idylla |
| Info Cobas | moleculair20_niet_NGS_Info_Cobas |
| Info ddPCR | moleculair20_niet_NGS_Info_ddPCR |

| | |
|---|---|
| Info Nanostring | moleculair20_niet_NGS_Info_nanoString |
| Info RT-PCR | moleculair20_niet_NGS_Info_RTpcr |
| Info MLPA | moleculair20_niet_NGS_Info_MLPA |
| | |
| **Aard materiaal** | |
| Aard materiaal | moleculair20_aardmat_toevoeging |
| | |
| **Analisten** | |
| Analisten | moleculair20_analisten |
| | |
| **Beoordelaars** | |
| Beoordelaars | moleculair20_beoordelaars |
| | |
| **Voorbereiders** | |
| Voorbereiders | moleculair20_voorbereiders |
| | |
| **KMBP** | |
| KMBP | moleculair20_kmbp |
| | |
| **Ov Klinische interpretatie vaste teksten** | |
| Gevraagd onderzoek | moleculair20_klinisch_interpr |
| | |
| **Ov Moleculaire interpretatie vaste teksten** | |
| Gevraagd onderzoek | moleculair20_molec_interpr |
| | |
| **Ov Moleculaire resultaat vaste teksten** | moleculair20_molec_result |
| | |
| **Seq Klinische interpretatie vaste teksten** | moleculair20_seq_klinisch_interpr |
| | moleculair20_keuze_klinische_interpr |
| | |
| **Seq Moleculaire interpretatie vaste teksten** | moleculair20_seq_molec_interpr |
| | moleculair20_keuze_molec_interpr |
| | |
| **Seq aanvulling vaste teksten** | moleculair20_vt_aanvulling |
| | |
| **Fusie gen – Klinische interpretatie vaste teksten** | moleculair22_fusie_klinisch_interpr |
| | moleculair22_fusie_keuze_klinische_interp |
| | |
| **Fusie gen - Moleculaire interpretatie vaste teksten** | moleculair22_fusie_molec_interpr |
| | moleculair22_fusie_keuze_molec_interp |
| | |
| **Genen Basis set** | moleculair20_genes_basis |
| | moleculair20_CNV_basis |
| | moleculair20_CNV |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Clonaal** | moleculair20_MSI_TMB_NEO_Clonaal |

| | |
|---|---|
| | moleculair20_MedianeCoverage_Clonaal |
| | moleculair20_clonaal_paneltabel |
| | moleculair20_CNV_clonaal_paneltabel |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Differentiaal diagnose** | moleculair20_diffdiag_paneltabel |
| | moleculair20_CNV_diffdiag_paneltabel |
| | moleculair20_MSI_TMB_NEO_Diff |
| | moleculair20_MedianeCoverage_Diff |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Overig** | moleculair20_overig_paneltabel |
| | moleculair20_CNV_overig_paneltabel |
| | moleculair20_MSI_TMB_NEO_Overig |
| | moleculair20_MedianeCoverage_Overig |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Therapiekeuze** | moleculair20_therapie_paneltabel |
| | moleculair20_CNV_ therapie _paneltabel |
| | moleculair20_MSI_TMB_NEO_tonen |
| | moleculair20_MedianeCoverage_tonen |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Fusie - Clonaal** | moleculair22_fusie_gevr_ond_clonaal_lok |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Fusie - Differentiaal diagnose** | moleculair22_fusie_gevr_ond_diffdiag_lok |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Fusie- Overig** | moleculair22_fusie_gevr_ond_overig_lok |
| | |
| **Gevraagd onderzoek Fusie - Therapiekeuze** | moleculair22_fusie_gevr_ond_ther_lok |
| | |
| **Gevraagd onderzoek WGS - Differentiaal diagnose** | moleculair22_wgs_gevr_ond_diffdiag_lok |
| | |
| **Gevraagd onderzoek WGS - Therapiekeuze** | moleculair22_wgs_gevr_ond_ther_lok |
| | |

!

# Contact gegevens

Stichting PALGA

De Bouw 123

3991 SZ  Houten

Nederland

www.palga.nl

Een papieren versie van deze gebruikershandleiding is op te vragen bij bovenstaand adres.