

Auftragsformular Molekularpathologie

Auftraggeber: Spital/Arzt:	Patient:
Unterschrift:	Name :
	Vorname :
	Geb'datum : <input type="checkbox"/> männlich <input type="checkbox"/> weiblich
	Strasse/Nr.:
	Plz/Ort :
	Krankenkasse : _____
	<input type="checkbox"/> ambulant → Rechnung an Patient / an Krankenkasse / an ...
	<input type="checkbox"/> stationär → Rechnung an Spital
	<input type="checkbox"/> Rechnung an Auftraggeber

Berichtskopie an:

Klinische Angaben / Untersuchungsmaterial / Bemerkungen:

Klinische Angaben:

Untersuchungsmaterial: **Probe bei Pathologie Länggasse – Untersuchungs-Nr.:** _____
Auftrag übermitteln an Fax Nr 031 300 24 20 oder an info@patholaenggasse.ch

Paraffinblock / -blöcke beiliegend **Bezeichnung:** _____
 Auftrag einsenden an: Pathologie Länggasse, Postfach, 3001 Bern

Bemerkungen:

Mutationsanalysen:

Einzelne Gene (Sanger-Sequenz. / qPCR) (3-5 Arbeitstage)	Next-Generation Sequencing (NGS) (1 bis 2 Wochen)
<input type="checkbox"/> RAS: KRAS + NRAS sequentiell (je Exon 2, 3, 4)	BRCA-Panel (Devyser):
<input type="checkbox"/> KRAS (Exon 2, 3, 4)	<input type="checkbox"/> BRCA1 und BRCA2 (alle kodierenden Exons sowie angrenzende Exon-Intron-Grenzen)
<input type="checkbox"/> KRAS G12C (Exon 2)	
<input type="checkbox"/> NRAS (Exon 2, 3, 4)	TruSight Tumor 15
<input type="checkbox"/> EGFR (Exon 18, 19, 20, 21)	Panel von 15 Genen: AKT1, BRAF, EGFR, HER2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53
<input type="checkbox"/> BRAF Melanom (Exon 15)	<input type="checkbox"/> LungenCa prädiktive Marker (EGFR, BRAF, KRAS, HER2)
<input type="checkbox"/> BRAF Non-Melanom (Exon 11, 15)	<input type="checkbox"/> ColonCa prädiktive Marker (KRAS, NRAS, BRAF, PIK3CA)
<input type="checkbox"/> KIT (Exon 9, 11, 13, 17)	<input type="checkbox"/> Melanom prädiktive Marker (BRAF, KIT, NRAS)
<input type="checkbox"/> PDGFRA (Exon 12, 14, 18)	<input type="checkbox"/> uveal. Melanom prädiktive Marker (GNA11, GNAQ)
<input type="checkbox"/> ERBB2 (HER2) (Exon 20, 21)	<input type="checkbox"/> GIST prädiktive Marker (KIT, PDGFRA, BRAF)
<input type="checkbox"/> PIK3CA (Exon 8, 10, 21)	<input type="checkbox"/> Tumor unbekannter Herkunft
<input type="checkbox"/> AKT1 (Exon 4)	Anmerkung: Falls das Ausgangsmaterial nicht für die TruSight Tumor 15-NGS-Analyse ausreicht, werden die prädiktiven Marker-Gene für die jeweilige Tumorentität automatisch sequentiell per Sanger-Sequenzierung analysiert (soweit das Ausgangsmaterial reicht).
<input type="checkbox"/> MEK1 (MAP2K1) (Exon 2)	
<input type="checkbox"/> IDH1 und IDH2 (je Exon 4)	

Andere PCR-basierte Untersuchungen:

Fragmentlängenanalysen: (2-4 Arbeitstage)

- IgH Rearrangement** (schwere Kette des Immunglobulins)
- TCR γ Rearrangement** (γ -Kette des T-Zell-Rezeptors)
- MSI** (Mikrosatelliten-Instabilität)

Erreger: (1 bis 1.5 Wochen)

- HPV:** Nachweis und Typisierung an **Gewebematerial**
- HPV an ThinPrep-Präparat:**
 Für HPV-Nachweis und Typisierung an ThinPrep-Präparat
 bitte Einsendeformular 'Gynäkologische Zytologie' verwenden.

Mammakarziom: Genexpressionsanalyse

- EndoPredict (1 bis 1.5 Wochen)**

Klin. Angaben: Tumorstadium pT _____ , Nodalstatus pN _____ , Tumorgrad: _____

Tumor: ER-Status ER-positiv ER-negativ **HER2-Status** HER2-positiv HER2-negativ

Nur für Pathologie-internen Gebrauch:

Zuständige(r) Pathologe/in: (idR Befunder Erstbericht)	
Untersuchtes Material: (Organ, Tumortyp)	
Patho-Nr / Block (bitte Blockbez.: z.B. B1X.XXXXX 1-A):	
Tumorzellgehalt nach Makrodissektion: (= Tumorzellgehalt im HE-markierten Areal → für Mutationsanalysen und MSI bitte angeben.)	

Benötigtes Untersuchungsmaterial / Markierung der zu analysierenden Areale auf HE-Schnitt

- **Paraffinblock / Paraffinblöcke** (in Absprache mit Labor ev. Leerschnitte bzw. Zytologie-Präparate)
- **markierter HE-Schnitt.** HE soll aktuell sein und der Blockoberfläche entsprechen.

Je nach Analyse sind unterschiedliche HE-Markierungen erforderlich:

Mutationsanalysen Sanger:	Region mit höchstem Tumoranteil (mind. 40%); Areal-Durchmesser mind. 2 mm
Mutationsanalysen NGS:	Region mit höchstem Tumoranteil (mind. 20%); Areal-Durchmesser mind. 3 mm
Fragmenanalysen IgH + TCRγ:	Gesamte Region mit potentiell klonalen Zellen (Anteil > 5% der Gesamtzellzahl)
Mikrosatelliten-Instabilität (MSI):	Tumorgewebe (T) und Normalgewebe (NT) erforderlich. Falls NT auf Tumorblock nicht ausreichend → geeigneten Block (z.B. RR oder Nicht-Malignom; ev. frühere Einsendung) beilegen. HE-Markierung T: Region mit höchstem Tumoranteil (mind. 40%); Areal-Durchmesser mind. 2 mm HE-Markierung NT: Region mit mind. 90% Normalgewebe (gleicher Typ wie Tumor; kein Fett-/Bindegewebe)
HPV-Analyse Gewebematerial:	Poteniiell am stärksten infizierte Region; Durchmesser max. 5 mm
EndoPredict:	Gesamte Region mit Tumoranteil (ohne Fettgewebe) von mind. 30% umkreisen. Wenn möglich DCIS vermeiden. Keine Tuscherückstände in markierter Region. Falls Ki-67 heterogen: Region mit höchstem Ki-67-Index umkreisen.

Checkliste: EndoPredict-Voraussetzungen:

Endopredict: geeignet für **post- und prämenopausale Patientinnen** (LoE IB für post-, LoE IIB für prämenopausale Patientinnen)

Tumoranteil (ohne Fettgewebe)

Tumorstadium T1-2

axilläre Lymphknoten

ER und / oder PR

HER2 → bei IHC 2+ zuerst FISH durchführen

>30%	<input type="checkbox"/>
T1, T2	<input type="checkbox"/>
0-3 pos	<input type="checkbox"/>
pos.	<input type="checkbox"/>
neg.	<input type="checkbox"/>

↓
EndoPredict

<30%	<input type="checkbox"/>
T3, T4	<input type="checkbox"/>
> 3 pos.	<input type="checkbox"/>
neg.	<input type="checkbox"/>
pos.	<input type="checkbox"/>

↓
KEIN EndoPredict