

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 und HE-Schnitt beiliegend Bezeichnung: _____
 Auftrag einsenden an: Pathologie Länggasse, Postfach, 3001 Bern

Bemerkungen:

Mutationsanalysen:

| Einzelne Gene (Sanger-Sequenzierung) (3-5 Arbeitstage) | Next-Generation Sequencing (NGS) (1.5 bis 2.5 Wochen) |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> RAS: KRAS + NRAS sequentiell (je Exon 2, 3, 4) <input type="checkbox"/> KRAS (Exon 2, 3, 4) <input type="checkbox"/> KRAS G12C (Exon 2) <input type="checkbox"/> NRAS (Exon 2, 3, 4) <input type="checkbox"/> EGFR (Exon 18, 19, 20, 21) <input type="checkbox"/> BRAF Melanom (Exon 15) <input type="checkbox"/> BRAF Non-Melanom (Exon 11, 15) <input type="checkbox"/> KIT (Exon 9, 11, 13, 17) <input type="checkbox"/> PDGFRA (Exon 12, 14, 18) <input type="checkbox"/> ERBB2 (HER2) (Exon 20, 21) <input type="checkbox"/> PIK3CA (Exon 8, 10, 21) <input type="checkbox"/> AKT1 (Exon 4) <input type="checkbox"/> IDH1 und IDH2 (je Exon 4) | TruSight Oncology 500-Panel (illumina) Nennung prädiktiver Marker je nach Tumortyp <input type="checkbox"/> TSO500 DNA/RNA/HRD (523 Gene, MSI, TMB, HRD) <input type="checkbox"/> TSO500 DNA/RNA (523 Gene, MSI, TMB) <input type="checkbox"/> TSO500 DNA (523 Gene nur DNA, MSI, TMB) TruSight Tumor 15-Panel (illumina) Nennung prädiktiver Marker je nach Tumortyp <input type="checkbox"/> TST15 (15 Gene DNA: AKT1, BRAF, EGFR, HER2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53) Anmerkung: Falls das Ausgangsmaterial nicht für eine NGS-Analyse ausreicht, werden die prädiktiven Marker-Gene für die jeweilige Tumorentität soweit möglich per Sanger-Sequenzierung analysiert. |

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.
- ☐ **Mykobakterien** Nachweis und ggf. Typisierung
- ☐ **Bartonella henselae (CSD)** Nachweis

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: | Potenitiell am stärksten infizierte Region; Durchmesser max. 5 mm |
| Mykobakterien/Bartonella henselae: | Potenitiell am stärksten infizierte Region; Röllchen od. Durchmesser mind. 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