

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-Sequenzierung) (3-5 Arbeitstage)	Next-Generation Sequencing (NGS) (1 bis 2 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"/> MEK1 (MAP2K1) (Exon 2) <input type="checkbox"/> IDH1 und IDH2 (je Exon 4)	TruSight Tumor 15 Panel von 15 Genen: <i>AKT1, BRAF, EGFR, HER2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53</i> <input type="checkbox"/> LungenCa prädiktive Marker (<i>EGFR, BRAF, KRAS, HER2</i>) <input type="checkbox"/> ColonCa prädiktive Marker (<i>KRAS, NRAS, BRAF, PIK3CA</i>) <input type="checkbox"/> Melanom prädiktive Marker (<i>BRAF, KIT, NRAS</i>) <input type="checkbox"/> uveal. Melanom prädiktive Marker (<i>GNA11, GNAQ</i>) <input type="checkbox"/> GIST prädiktive Marker (<i>KIT, PDGFRA, BRAF</i>) <input type="checkbox"/> Tumor unbekannter Herkunft 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).

Andere PCR-basierte Untersuchungen:

<p>Fragmentlängenanalysen: (2-4 Arbeitstage)</p> <p><input type="checkbox"/> IgH Rearrangement (schwere Kette des Immunglobulins)</p> <p><input type="checkbox"/> TCRγ Rearrangement (γ-Kette des T-Zell-Rezeptors)</p> <p><input type="checkbox"/> MSI (Mikrosatelliten-Instabilität)</p>	<p>Erreger: (1 bis 1.5 Wochen)</p> <p><input type="checkbox"/> HPV: Nachweis und Typisierung an Gewebematerial</p> <p>HPV an ThinPrep-Präparat: Für HPV-Nachweis und Typisierung an ThinPrep-Präparat bitte Einsendeformular 'Gynäkologische Zytologie' verwenden.</p> <p><input type="checkbox"/> Mykobakterien Nachweis und ggf. Typisierung</p> <p><input type="checkbox"/> Bartonella henselae (CSD) Nachweis</p>
--	--

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:	Potentiell am stärksten infizierte Region; Durchmesser max. 5 mm
Mykobakterien/Bartonella henselae:	Potentiell 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)

<p>Tumoranteil (ohne Fettgewebe)</p> <p>Tumorstadium T1-2</p> <p>axilläre Lymphknoten</p> <p>ER und / oder PR</p> <p>HER2 → bei IHC 2+ zuerst FISH durchführen</p>	<table style="margin: auto;"> <tr><td>>30%</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>T1, T2</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>0-3 pos</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>pos.</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>neg.</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> </table> <p style="text-align: center;">↓</p> <p>EndoPredict</p>	>30%	<input type="checkbox"/>	T1, T2	<input type="checkbox"/>	0-3 pos	<input type="checkbox"/>	pos.	<input type="checkbox"/>	neg.	<input type="checkbox"/>	<table style="margin: auto;"> <tr><td><30%</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>T3, T4</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>> 3 pos.</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>neg.</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> <tr><td>pos.</td><td><input type="checkbox"/></td></tr> </table> <p style="text-align: center;">↓</p> <p>KEIN EndoPredict</p>	<30%	<input type="checkbox"/>	T3, T4	<input type="checkbox"/>	> 3 pos.	<input type="checkbox"/>	neg.	<input type="checkbox"/>	pos.	<input type="checkbox"/>
>30%	<input type="checkbox"/>																					
T1, T2	<input type="checkbox"/>																					
0-3 pos	<input type="checkbox"/>																					
pos.	<input type="checkbox"/>																					
neg.	<input type="checkbox"/>																					
<30%	<input type="checkbox"/>																					
T3, T4	<input type="checkbox"/>																					
> 3 pos.	<input type="checkbox"/>																					
neg.	<input type="checkbox"/>																					
pos.	<input type="checkbox"/>																					