

## Auftragsformular Molekularpathologie

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

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) (1.5 bis 2.5 Wochen)
<input type="checkbox"/> <b>RAS: KRAS + NRAS</b> sequentiell (je Exon 2, 3, 4)	<b>TruSight Oncology 500-Panel</b> (illumina) Nennung prädiktiver Marker je nach Tumortyp
<input type="checkbox"/> <b>KRAS</b> (Exon 2, 3, 4)	<input type="checkbox"/> <b>TSO500 DNA + RNA</b> (523 Gene DNA, 55 Gene RNA, MSI, TMB)
<input type="checkbox"/> <b>KRAS G12C</b> (Exon 2)	<input type="checkbox"/> <b>TSO500 DNA</b> (523 Gene DNA, MSI, TMB)
<input type="checkbox"/> <b>NRAS</b> (Exon 2, 3, 4)	<b>TruSight Tumor 15-Panel</b> (illumina) Nennung prädiktiver Marker je nach Tumortyp
<input type="checkbox"/> <b>EGFR</b> (Exon 18, 19, 20, 21)	<input type="checkbox"/> <b>TST15</b> (15 Gene DNA: <i>AKT1, BRAF, EGFR, HER2, FOXL2, GNA11, GNAQ, KIT, KRAS, MET, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RET, TP53</i> )
<input type="checkbox"/> <b>BRAF Melanom</b> (Exon 15)	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.
<input type="checkbox"/> <b>BRAF Non-Melanom</b> (Exon 11, 15)	
<input type="checkbox"/> <b>KIT</b> (Exon 9, 11, 13, 17)	
<input type="checkbox"/> <b>PDGFRA</b> (Exon 12, 14, 18)	
<input type="checkbox"/> <b>ERBB2 (HER2)</b> (Exon 20, 21)	
<input type="checkbox"/> <b>PIK3CA</b> (Exon 8, 10, 21)	
<input type="checkbox"/> <b>AKT1</b> (Exon 4)	
<input type="checkbox"/> <b>MEK1 (MAP2K1)</b> (Exon 2)	
<input type="checkbox"/> <b>IDH1 und IDH2</b> (je Exon 4)	

**Andere PCR-basierte Untersuchungen:**

**Fragmentlängenanalysen: (2-4 Arbeitstage)**

- IgH Rearrangement** (schwere Kette des Immunglobulins)
- TCR $\gamma$  Rearrangement** ( $\gamma$ -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:**

<b>Zuständige(r) Pathologe/in:</b> (idR Befunder Erstbericht)	
<b>Untersuchtes Material:</b> (Organ, Tumortyp)	
<b>Patho-Nr / Block</b> (bitte Blockbez.: z.B. B1X.XXXXX 1-A):	
<b>Tumorzellgehalt nach Makrodissektion:</b> (= 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:**

<b>Mutationsanalysen Sanger:</b>	Region mit höchstem Tumoranteil ( <b>mind. 40%</b> ); Areal-Durchmesser mind. 2 mm
<b>Mutationsanalysen NGS:</b>	Region mit höchstem Tumoranteil ( <b>mind. 20%</b> ); Areal-Durchmesser mind. 3 mm
<b>Fragmenanalysen IgH + TCR<math>\gamma</math>:</b>	Gesamte Region mit potentiell klonalen Zellen (Anteil > <b>5%</b> der Gesamtzellzahl)
<b>Mikrosatelliten-Instabilität (MSI):</b>	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 <b>T:</b> Region mit höchstem Tumoranteil ( <b>mind. 40%</b> ); Areal-Durchmesser mind. 2 mm HE-Markierung <b>NT:</b> Region mit <b>mind. 90%</b> Normalgewebe (gleicher Typ wie Tumor; kein Fett-/Bindegewebe)
<b>HPV-Analyse Gewebematerial:</b>	Potentiell am stärksten infizierte Region; Durchmesser max. 5 mm
<b>Mykobakterien/Bartonella henselae:</b>	Potentiell am stärksten infizierte Region; Röllchen od. Durchmesser mind. 5 mm
<b>EndoPredict:</b>	Gesamte Region mit Tumoranteil (ohne Fettgewebe) von <b>mind. 30%</b> umkreisen. Wenn möglich <b>DCIS vermeiden.</b> 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**