

<b>Information / Kontakt</b> Dr. Philip Jermann, Schönbeinstrasse 40, CH-4031 Basel, Schweiz Tel. +41 61 265 27 57, molpath@usb.ch		<b>Einsendeadresse</b> Institut für med. Genetik und Pathologie Schönbeinstr. 40, CH-4031 Basel, Schweiz	
<b>Patient, Name/Vorname</b> _____ <b>Geb. Datum</b> _____ <b>Geschlecht</b> <input type="checkbox"/> M / <input type="checkbox"/> W <b>Adresse</b> _____ <b>PLZ</b> _____ <b>Ort</b> _____ <b>Externe Proben-Nr.</b> _____ <b>Tumortyp:</b> _____ <b>Material:</b> <input type="checkbox"/> Paraffin <input type="checkbox"/> Blut <input type="checkbox"/> unfixiert <input type="checkbox"/> Zytologie <input type="checkbox"/> Surepath		<div style="background-color: #cccccc; padding: 10px; font-size: 24px; font-weight: bold;">Interne Nummer</div> Datum _____	
<b>Auftraggeber</b> _____  <b>Befundkopie an</b> _____		<b>Rechnung an</b> <input type="checkbox"/> Patient / <input type="checkbox"/> Auftraggeber	

**NGS/Parallelsequenzierung** Gene/Exone: <http://pathologie.unispital-basel.ch>

**Lunge** (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 und weitere Gene des Oncomine™ Precision Assay GX oder Solid Tumor Panel\*)  
**Falls keine Mutationen:**  **Fusionen + MET Exon 14 Skip.** (Archer™ Fusion oder Prec. Assay GX mit ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3)  
 **Zusätzlich PD-L1** Immunhistochemie  
 **Lunge Fusionen** (Archer™ FusionPlex™ oder Oncomine™ Precision Assay GX \* mit z.B. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3)  
 **Lunge Mutationen + Fusionen** (Oncomine™ Precision Assay GX oder Solid Tumor Panel + Archer™ FusionPlex™\*)  
 **Kolon** (KRAS, NRAS, BRAF + weitere Gene des Oncomine™ Precision Assay GX oder Solid Tumor Panel\*)  
 **GIST** (KIT, PDGFRA + weitere Gene des Oncomine™ Precision Assay GX oder Focus Assay\*)  
 **Mamma** (PIK3CA, ESR1, AKT1 + weitere Gene des Oncomine™ Precision Assay GX oder Focus Assay\*)  
 **Melanom** (BRAF, NRAS, KIT, MAP2K1, TERT, NF1, GNAQ, GNA11, BAP1 + weitere Gene des Melanom-Panels - 33 Gene)  
 **Ovar/Mamma BRCAness** (BRCA1/2, RAD51B und Gene des HRR-Panels - 55 Gene)  **HRD Bestimmung** (nach Rücksprache)  
 **Prostata/Pankreas BRCAness** (BRCA1/2, ATM, CDK12, SPOP, KRAS und weitere Gene des HRR-Prostata Panels - 55 Gene)  
 **Urothel/Harnblase** (FGFR2/3, PIK3CA + Gene des Precision/Focus Panel\* und FGFR2/3 Fusionen, Archer od. Oncomine™ Focus\*)  
 **Cholangiozellulär/Gallenblase** (IDH1/2, BRAF + Gene des Precision/Focus\* und FGFR2 Fusionen, Archer od. Oncomine™ Focus\*)  
 **Lymphom/ALL Panel** (68 Gene, u.a. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79B, NOTCH1)  
 **Sarkom, Fusionen** (RNA, Archer™ FusionPlex™ - 137 Gene mit Fusionspartner)  
 **Tumormutationslast (TMB)** (Wert in Mutationen pro Megabase) \*je nach DNA/RNA Menge

---

**Oncomine™ Precision Assay GX**  DNA: 46 Gene mit 14 CNV  RNA: 18 Gene mit Fusionspartner  
**Oncomine™ Focus Assay**  DNA: 35 Gene mit 19 CNV  RNA: 23 Gene mit Fusionspartner  
**Oncomine™ Comprehensive v3**  DNA: 146 Gene mit 43 CNV  RNA: 63 Gene mit Fusionspartner\*  
**Oncomine™ Comprehensive Assay Plus** (inklusive TMB)  DNA: 498 Gene mit 333 CNV  RNA: 63 Gene mit Fusionspartner\*  
**Oncomine™ Childhood Panel**  DNA: 136 Gene (z.B. DICER1, MYOD1) mit 28 CNV  RNA: 91 Gene mit Fusionspartner  
**Archer™ FusionPlex™ (Fusionen)**  RNA: 137 Gene mit Fusionspartner (u.a. NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3)

**Hirntumore, Weichteiltumore, Nervenscheidentumore, CUP-Syndrom (Genom-weites Methylohm, u.a.)**

**Illumina® Methylation EPIC Array** (genomweite Methylierung, chromosomales Kopienzahlprofil; 500 ng DNA; 2-3 Wochen)  
**Methylation Classifier:**  **Brain tumor**  **Meningioma** (Dignität)  **Sarcoma + PNST**  **CUP-Syn.** (Primariussuche, epidip.org)  
 **NanoDx Brain Tumor** Schnelltest (2 Tage), nativ oder in SurePath/ThinPrep (kein FFPE), immer mit EPIC  
 **MGMT Methylierung** Schnelltest (3 Tage), immer mit EPIC

**Einzelne Mutationen** Tumorzellgehalt mind. 30%; TaqMan Assays (#) für Tumorzellgehalt <5%

<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (p.V600E)#	<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (p.V600X)#	<input type="checkbox"/> <b>BRAF</b> (Ex 11,15)	<input type="checkbox"/> <b>CTNNB1</b> (Ex 3)	<input type="checkbox"/> <b>GNAS</b> (Ex 8, 9)
<input type="checkbox"/> <b>H3F3A</b> (Ex 2)	<input type="checkbox"/> <b>H3F3B</b> (Ex 2)	<input type="checkbox"/> <b>IDH1</b> (p.R132X)	<input type="checkbox"/> <b>IDH2</b> (p.R172X)	<input type="checkbox"/> <b>JAK2</b> (p.V617X)
<input type="checkbox"/> <b>KIT</b> (p.D816X)	<input type="checkbox"/> <b>MET</b> (Exon 14 skip.)	<input type="checkbox"/> <b>MYD88</b> (p.L265P)#	<input type="checkbox"/> <b>TERT</b> (C228, C250)	<input type="checkbox"/> <b>Andere</b>

**Weitere Untersuchungen**

**FIP1L1-PDGFRRA Rearrangements** (Myeloide/lymphoide Neoplasien mit Eosinophilie)  
 **Mismatch-Repair Defizienz** Immunhistochemie (MLH1, PMS2, MSH2, MSH6)  
 **Mikrosatelliteninstabilität** Bethesda PCR-Panel (Bat25, Bat26, D2S123, D5S346, D17S250), Tumor und Normalgewebe notwendig  
 **TCRγ und IgH Rearrangements (B- und T-Zellklonalitätsanalyse)** incl. t(11;14) und t(14;18) Translokationen  
 **MLH1 Methylierung**  **HPV Genotypisierung**  **DNA Extraktion**  **RNA Extraktion**  **SARS-CoV-2 qPCR**