

<b>Information / Kontakt</b> PD Dr. Michel Bihl / Schönbeinstrasse 40 / CH-4031 Basel, Schweiz Tel. +41 61 328 74 17 / 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; border: 1px solid black; font-size: 2em; 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	

<b>Parallelsequenzierung (NGS)</b> (7-10 Arbeitstage)		abgedeckte Gene und Exone: <a href="http://pathologie.unispital-basel.ch">http://pathologie.unispital-basel.ch</a> > Informationen für Einsender > Molekulare Pathologie und Zytologie > NGS	
<input type="checkbox"/> <b>Lunge</b> (EGFR, KRAS, BRAF, HER2 + weitere Gene des CE-IVD Oncomine™ Solid Tumor Panel - 22 Gene) <b>Falls Lungenanalyse Wildtyp:</b> <input type="checkbox"/> <b>Rearrangements</b> (CE-IVD Oncomine™ Fusion Panel für ALK, ROS1, RET und NTRK1) <input type="checkbox"/> <b>Zusätzlich PD-L1</b> Immunhistochemie <input type="checkbox"/> <b>Lunge Rearrangements</b> (CE-IVD Oncomine™ Fusion Panel für ALK, ROS1, RET und NTRK1) <input type="checkbox"/> <b>Lunge Mutationen + Rearrangements</b> (CE-IVD Oncomine™ Solid Tumor Panel + Fusion Panel)			
<input type="checkbox"/> <b>Kolon</b> (KRAS, NRAS, BRAF + weitere Gene des CE-IVD Oncomine™ Solid Tumor Panel - 22 Gene) <input type="checkbox"/> <b>GIST</b> (KIT, PDGFRA + weitere Gene des Oncomine™ Focus Assay - 35 Gene, 19 CNV) <input type="checkbox"/> <b>Melanom</b> (BRAF, NRAS, KIT + weitere Gene des Oncomine™ Focus Assay - 35 Gene, 19 CNV) <input type="checkbox"/> <b>Mamma/Ovar/Prostata/Pankreas</b> (Ion Ampliseq™ BRCA1 und BRCA2 Panel) <input type="checkbox"/> <b>Lymphom-Panel</b> (68 Gene, z.B. KMT2D, EZH2, TP53, CD79A, CD79B, NOTCH1 + weitere Gene) <input type="checkbox"/> <b>Sarkom Rearrangements</b> (RNA, Archer™ FusionPlex™ Sarcoma Kit - 26 Gene mit Fusionspartner)			
<input type="checkbox"/> <b>Oncomine™ Focus Assay</b> <input type="checkbox"/> DNA: 35 Gene, 19 CNV <input type="checkbox"/> RNA: 23 Genfusionen <input type="checkbox"/> <b>Oncomine™ Comprehensive v3</b> <input type="checkbox"/> DNA: 135 Gene, 47 CNV <input type="checkbox"/> RNA: 51 Genfusionen <input type="checkbox"/> <b>Tumormutationslast (TMB)</b> (409 Gene, Wert in Mutationen pro Megabase)			
<b>Hirntumore, Weichteiltumore, Nervenscheidentumore, CUP-Syndrom (Genom-weites Methylo, u.a.)</b>			
<input type="checkbox"/> <b>MGMT Methylierung +</b> <input type="checkbox"/> <b>MLPA P088</b> (IDH1/2, LOH 1p/19q, CDKN2A/B in einer Reaktion) <input type="checkbox"/> <b>Illumina® Methylation EPIC Array</b> (genomweite Methylierung, Amplifikationen, Deletionen; 500 ng DNA nötig; bis zu 4 Wochen) <b>Methylation Classifier:</b> <input type="checkbox"/> <b>Brain tumor</b> / <input type="checkbox"/> <b>Meningioma</b> (Dignität) / <input type="checkbox"/> <b>Sarcoma+PNST</b> / <input type="checkbox"/> <b>CUP-Syn.</b> (Primariussuche, TCGA)			
<b>Einzelne Mutationen</b>		Tumorzellgehalt > 30% erforderlich; TaqMan Assays (mit *) für Allelfrequenzen <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> (R132) <input type="checkbox"/> <b>IDH2</b> (R172) <input type="checkbox"/> <b>JAK2</b> (V617) <input type="checkbox"/> <b>KIT</b> (D816) <input type="checkbox"/> <b>MAP2K1</b> (Ex 3, 6, 7) <input type="checkbox"/> <b>MET</b> (Ex 14 skip.) <input type="checkbox"/> <b>MYD88*</b> (p.L265P) <input type="checkbox"/> <b>RHOA</b> (Ex 2) <input type="checkbox"/> <b>TERT</b> (C228, C250) <input type="checkbox"/> <b>Andere</b> _____			
<b>Weitere Untersuchungen</b>			
<input type="checkbox"/> <b>FIP1L1-PDGFRA Rearrangements</b> (Myeloide/lymphoide Neoplasien mit Eosinophilie) <input type="checkbox"/> <b>Mikrosatelliteninstabilität</b> Immunhistochemie-Panel (MLH1, PMS2, MSH2, MHS6) <input type="checkbox"/> <b>Mikrosatelliteninstabilität</b> Bethesda PCR-Panel (Bat25, Bat26, D2S123, D5S346, D17S250) Tumor und Normalgewebe notwendig <input type="checkbox"/> <b>TCRγ und IgH Rearrangements</b> incl. t(11;14) und t(14;18) Translokationen <input type="checkbox"/> <b>MLH1 Methylierung</b> <input type="checkbox"/> <b>HPV Genotypisierung</b> <input type="checkbox"/> <b>DNA Extraktion</b> <input type="checkbox"/> <b>RNA Extraktion</b> <input type="checkbox"/> <b>Andere</b> _____			