

Information / Kontakt Dr. Philip Jermann, Schönbeinstrasse 40, CH-4031 Basel, Schweiz Tel. +41 61 265 27 57, molpath@usb.ch	Einsendeadresse Institut für med. Genetik und Pathologie Schönbeinstr. 40, CH-4031 Basel, Schweiz
Patient, Name/Vorname _____ Geb. Datum _____ Geschlecht <input type="checkbox"/> M / <input type="checkbox"/> W Adresse _____ PLZ _____ Ort _____ Externe Proben-Nr. _____ Tumortyp: _____ Material: <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; margin-bottom: 10px;">Interne Nummer</div> _____ Datum _____
Auftraggeber _____	
Befundkopie an _____ Rechnung an <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™ FusionPlex oder Focus* mit z.B. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3)

Zusätzlich PD-L1 Immunhistochemie

Lunge Fusionen (Archer™ FusionPlex™ oder Oncomine™ Focus* mit z.B. ALK, ROS1, RET, NTRK1/2/3)

Lunge Mutationen + Fusionen (Precision Assay GX oder Solid Tumor Panel + Archer™ FusionPlex™ oder Oncomine™ Focus*)

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™ - 63 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: 63 Gene mit Fusionspartner (u.a. NTRK1/2/3, ALK, ROS1, RET, FGFR2/3)

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

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**