



Leitung: Dr. Peter Obrist, [peter.obrist@tyrolpath.at](mailto:peter.obrist@tyrolpath.at); Dr. Katja Schmitz, [katja.schmitz@tyrolpath.at](mailto:katja.schmitz@tyrolpath.at)  
Labor: [molpath@tyrolpath.at](mailto:molpath@tyrolpath.at)

Ggf. hier mit Etikett überkleben

Name: .....

Geb.Datum/Vers.-Nr: .....

Geschlecht:  männlich  weiblich

Anschrift: .....

STATIONÄR  AMBULANT

ÖGK  SVA

BKK  SVB

KUF  BVA

Zusatzversicherung .....

andere Kostenträger .....

Anforderung für solide Tumore und hämatologische Neoplasien (Zutreffendes bitte ankreuzen)

Next Generation Sequencing (NGS)

Mutationsanalysen

- TP 65 <sup>1) 2) 4)</sup>
- TP 65 Liquid Biopsy <sup>3)</sup>
- TP Cancer Exome (inkl. TMB, MSI, CNV + MH Guide) <sup>1) 2) 4)</sup>

Fusionstranskriptanalysen

- TP Cancer RNA <sup>1) 2) 4)</sup>  
(Fusionen inkl. Novel Fusions, Translokationen, Exon-skipping)

Sonstige Analysen

Chromosomale CNV-Analyse

- HRD Score <sup>1)</sup>
- CNV-Analyse <sup>1)</sup>

Genexpressionstests - Risikoeinschätzung

- EndoPredict® <sup>1)</sup>
- PROLARIS® <sup>1)</sup>

Klassische molekulare Analysen

HNPCC-Diagnostik

- Mikrosatelliten-Instabilität (MSI) <sup>1) 5)</sup>
- MLH1 Promotor-Methylierung <sup>1)</sup>
- BRAF V600E <sup>1)</sup>

Liquid Biopsy

- EGFR TKI-Resistenzen: T790M, C797S <sup>1) 3)</sup>
- CTC-Nachweis <sup>6)</sup>

Hämatologische Neoplasien

- IGHV-Status <sup>4)</sup>
- B-Zell-Klonalitätsanalyse <sup>1) 4)</sup>
- T-Zell-Klonalitätsanalyse <sup>1) 4)</sup>
- BCR::ABL1 Nachweis <sup>4)</sup>
- BCR::ABL1 Verlaufskontrolle <sup>4)</sup>

FISH und IHC

Solide Tumore <sup>1) 2)</sup>

- ALK, ROS1, MET
- RET Translokation
- HER2 Amplifikation
- TOP2A Amplifikation
- PD-L1 (IHC)

Hämatologische Neoplasien <sup>4)</sup>

- CLL: TP53, ATM, 13q14del, Trisomie 12
- Mantelzelllymphom: t(11;14)<sup>CCND1::IGH</sup>
- Follikuläres Lymphom: t(14;18)<sup>BCL2::IGH</sup>

Materialanforderungen

- <sup>1)</sup> Paraffinblock (mit HE-Schnitt); <sup>2)</sup> Pleurapunktat; <sup>3)</sup> Liquid Biopsy (2x 9 mL Blut in Streck®-Tube); <sup>4)</sup> EDTA-Blut/Heparin-Knochenmark
- <sup>5)</sup> Zusätzlich gesundes Referenzmaterial (Paraffinblock oder EDTA-Blut) mitsenden; <sup>6)</sup> 9 mL Blut in TransFix®-Tube

Angaben zum Probenmaterial:

FFPE Block, Nummer: .....

HE-Schnitt, Nummer: .....

Pleura, Entnahmedatum: .....

Blut/Knochenmark, Entnahmedatum: .....

Anfordernde/r Ärztin/Arzt  
Stempel

Datum, Telefon/FAX

Klinische Angaben/Diagnose

Fragestellung

Unklar welche Analyse am besten geeignet ist? Listen Sie hier alle Biomarker auf, die Sie untersucht haben möchten und wir suchen die geeignete Analyse aus.



Leitung: Dr. Peter Obrist, [peter.obrist@tyrolpath.at](mailto:peter.obrist@tyrolpath.at); Dr. Katja Schmitz, [katja.schmitz@tyrolpath.at](mailto:katja.schmitz@tyrolpath.at)  
Labor: [molpath@tyrolpath.at](mailto:molpath@tyrolpath.at)

## Informationen zu den NGS-Panels

### TP65

- 65 tumorrelevante Gene (gesamt-kodierende Sequenz)
- Molekulares Barcoding (UMI) und hohe Abdeckung (**500X, 20M reads**)
- Nachweisgrenze: **2,5% VAF**

### TP65 Liquid Biopsy

- 65 tumorrelevante Gene (gesamt-kodierende Sequenz)
- Molekulares Barcoding (UMI) und hohe Abdeckung (**1000X, 100M reads**)
- Nachweisgrenze: **1% VAF**

### Genliste

*ABL1, AKT1, AKT2, ALK, APC, AR, ARID1A, ATM, BRAF, BRCA1, BRCA2, CALR, CCND1, CDH1, CDK4, CDK6, CDKN2A, CTNNA1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ESR1, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, GATA3, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, KEAP1, KIT, KRAS, LRP1B, MAP2K1, MAP2K2, MET, MLH1, MPL, MSH2, MSH3, MSH6, MTOR, NRAS, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3R1, POLE, PTEN, PTPRT, RB1, RET, ROS1, SMAD4, SMO, STK11, TERT, TP53*

### TP Cancer Exome

- 623 tumorrelevante Gene inkl. TMB, MSI, CNV und klinischer Interpretation mittels MH Guide\*
- Erfasst die molekulare Substruktur des Tumors durch die hohe Messtiefe (Subklone >5%)
- Inkludiert 26 relevante Gene der Pharmakogenetik
- auf spezielle Anfrage ist eine Mutationsanalyse für das gesamte Exom (20.000 Gene) mit >300x Abdeckung aller Gene möglich

\* Die Auswertung der NGS-Daten erfolgt mittels MH Guide (Molecular Health). Im Kontext der personalisierten Medizin ermöglicht MH Guide die klinische Interpretation genetischer Daten und trägt somit zur Unterstützung in der Behandlungsentscheidung bei. [www.molecularhealth.com](http://www.molecularhealth.com)  
Für Fragen, inkl. zur Genliste, wenden Sie sich bitte an unser Team: [molpath@tyrolpath.at](mailto:molpath@tyrolpath.at)

### TP Cancer RNA

- RNAseq mit hoher Messtiefe (**100M reads**) und molekularem Barcoding (UMI)
- Beinhaltet alle bekannten und unbekanntenen Fusionen für solide Tumore, Sarkome und hämatologische Neoplasien des Exoms
- Transkriptionsanalyse für die molekulare Stratifizierung von PatientInnen

### Genexpressionstests

- **EndoPredict®**
  - TNM-Klassifikation angeben (Tumorgöße und Nodalstatus)
- **PROLARIS®**
  - Alter, PSA-Wert, Gleason Score, clinical T stage (pT), Anzahl der Gesamtstanzen sowie der positiven Stanzen angeben