

<b>Einsenderinformation</b> <b>Nr. 84</b>	 <b>LANDESKRANKENHAUS FELDKIRCH</b> <i>Universitäres Lehrkrankenhaus</i> <b>Institut für Pathologie</b> Vorstand: Univ.-Prof. Dr. Felix Offner	Tel. 05522 303 3400 Fax 05522 303 7521 e-mail <a href="mailto:pathologie@lkhf.at">pathologie@lkhf.at</a> home-page: <a href="http://www.lkhf.at">http://www.lkhf.at</a>
<b>Molekularpathologie</b>		Datum: 2017-10-13 Autoren: Prim.-Univ.-Prof. Dr. Offner A, Bösl, MSc

## Molekularpathologische Tumor-Charakterisierung Next Generation Gene Sequencing

Liebe Kolleginnen und Kollegen!

Nach intensiver einjähriger Etablierungs- und Validierungsarbeit sind wir nun endlich soweit.

Die heute zum Teil sehr komplexe molekularpathologische bzw. molekulargenetische Charakterisierung von Tumorerkrankungen wird nun seit knapp zwei Wochen im überwiegenden Teil der Fälle mittels Next Generation Gene Sequencing (NGS) durchgeführt. Die Technik des Next Generation Gene Sequencing ist auf dem Weg die molekularpathologische Tumorcharakterisierung zu revolutionieren. Komplexe Anfragen zum simultanen Nachweis diverser Mutationen Therapie-relevanter Mutationen wie z.B. bei Lungen- oder Kolonkarzinomen werden nun alle mittels NGS durchgeführt.

Sie erhalten dazu die klassischen molekularpathologischen Befunde mit der jeweiligen **molekularpathologischen E-Nummer** (siehe Anlage 1: Molekularpathologischer. Befund).

Als besonderen Service erhalten Sie zusätzlichen auch eine schriftliche Befundinterpretation, der die nachgewiesenen Mutationen in einen aktuellen klinischen Kontext setzt (siehe Anlage 2: Molekularpathologische Befundinterpretation – NGS Solid Tumor Panel).

Diese Befundinterpretationen dürfen aus rechtlichen Gründen keinen Patientennamen enthalten sondern nur die entsprechende **molekularpathologische E-Nummer**. Sie finden diese Nummer links oben auf der ersten Seite des Dokumentes und können so die Daten leicht zuordnen. Links oben angeführte finden Sie auch die E-Nummer der jeweiligen histologischen oder zytologischen Probe aus der die Tumor-DNA oder Tumor-RNA extrahiert wurde.

Die Befundinterpretation beinhaltet neben einer Übersicht aller untersuchten Gene auch eine Befundinterpretation, die die **klinisch signifikanten Mutationen** aufzeigt und Therapievorschlage anhand der aktuellsten Studienlage beinhaltet. Die dahinter stehende Datenbank wird wochentlich durch unseren Industriepartner aktualisiert. Daruber hinaus verweist dieser Bericht auch auf derzeit in Europa oder in den USA laufende Studien und enthalt kritische Schlusselreferenzen.

Wir hoffen damit unsere diagnostische Qualitat weiter zu verbessern und wurden uns uber Ruckmeldungen freuen.

Sollten Sie aus Ihrer Sicht in der Befundinterpretation unzureichende Informationen finden, mochte ich Sie bitten uns darauf hinzuweisen.

Mit herzlichen kollegialen Gruen  
Ihr



BMA Andreas Bosl, MSc  
Leitender Akademiker  
Labor fur Molekularpathologie



Univ.-Prof. Dr. Felix Offner  
Vorstand des Institutes  
fur Pathologie