

Krankenkasse bzw. Kostenträger		
Name, Vorname des Versicherten		
		geb. am
Kassennr.	Versichertennr.	Status
Betriebsstätten-Nr.	Arzt-Nr.	Datum

Barcode Humangenetik

Versichertenstatus:

Kasse:

stationär

§ 116

Privat:

ambulant

OPS 1-942

stationär

Arztstempel

Institut für Humangenetik  
 Direktorin Prof. Dr. med. Brigitte Schlegelberger  
 Carl-Neuberg-Str. 1  
 30625 Hannover  
[www.mh-hannover.de/humangenetik.html](http://www.mh-hannover.de/humangenetik.html)



## Untersuchungsauftrag molekulargenetische Diagnostik bei erblichen Erkrankungen

### Untersuchungsmaterial:

- EDTA-Blut (mind. 2 ml)       Mundschleimhautabstrich       genomische DNA isoliert aus:

Entnahmedatum: \_\_\_\_\_ **Achtung: nicht eindeutig beschriftetes Material müssen wir verwerfen!**

- Eilige Diagnostik, Befund muss vorliegen bis zum: \_\_\_\_\_ (Bearbeitungsdauer **mind. 20 Werktage**)

### Klinische Informationen – Indikation & Leitsymptome (bitte aussagekräftige Arztbriefe/Befunde beilegen):

Insbesondere bei Multigenanalysen werden eine Vielzahl von Varianten gefunden. Nur mit entsprechenden Informationen zur Klinik Ihres Patienten kann eine gezielte Varianteninterpretation erfolgen und die Diagnoserate deutlich gesteigert werden.

Klinische (Verdachts-) Diagnose mit **ICD-10 Code**: \_\_\_\_\_

Symptome/ Dysmorphiezeichen:

1. \_\_\_\_\_
2. \_\_\_\_\_
3. \_\_\_\_\_
4. \_\_\_\_\_
5. \_\_\_\_\_

Hat eine Knochenmark-/Stammzelltransplantation stattgefunden?  Ja  Nein

Ethnische Herkunft: \_\_\_\_\_

Blutsverwandtschaft?  Ja  Nein **Ggf. Verwandtschaftsverhältnis angeben (z. B. Cousin / Cousine 1. Grades):**

Weitere Betroffene in der Familie: \_\_\_\_\_

### A) Prädiktive Analyse auf eine bereits in der Familie bekannte pathogene Variante (ein

Indexpatient ist in der Familie bekannt):

- Welche familiäre pathogene Variante liegt in der Familie vor (obligat **bitte Kopie des Befundes beilegen**)?

Gen: \_\_\_\_\_ Pathogene Variante des Indexpatienten in der Familie \_\_\_\_\_

- Des Indexpatienten in der Familie
- Verwandtschaftsverhältnis des Indexpatienten zu Ihrem Patienten (z. B. Mutter?)

Patientenname: \_\_\_\_\_ Geburtsdatum: \_\_\_\_\_

## B) Multigen- und Einzel-Genanalysen (wenn verfügbar inkl. MLPA-Diagnostik auf größere Deletionen/Duplikationen)

<b>Anämien, erblich bedingte</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Blackfan-Diamond Anämie (D61.0): <i>RPL5, RPL11, RPL35A, RPS10, RPS17, RPS19, RPS24, RPS26</i>	AN01_00
<input type="checkbox"/> IRIDA, Iron refractory, iron deficiency anemia (D64.9): <i>TMPRSS6</i>	AN02_00
<input type="checkbox"/> TRMA, Thiamin-responsive megaloblastäre Anämie (D64.9): <i>SLC19A2</i>	AN03_00
<input type="checkbox"/> BENTA-Erkrankung, "B cell expansion with NF-κB and T cell anergy" (D64.9): <i>CARD11</i>	AN04_00
<input type="checkbox"/> CSA, Kongenitale Sideroblastische Anämie (D64.0): <i>ABCB7, ALAS2, GLRX5, PUS1, SLC19A2, SLC25A38</i>	AN05_00
<input type="checkbox"/> Shwachman-Diamond-Syndrom (D61.0): <i>DNAJC21, EFL1, SBDS, SRP54</i>	AN06_00

<b>Bindegewebserkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Ehlers-Danlos-Syndrom, klassischer Typ (Q79.6): <i>COL1A1, COL5A1, COL5A2</i>	BG01_00
<input type="checkbox"/> Ehlers-Danlos-Syndrom, vaskulärer Typ (Q79.6): <i>COL3A1</i>	BG02_00
<input type="checkbox"/> Loeys-Dietz Syndrom (Q87.4): <i>SMAD3, TGFB2, TGFB1, TGFB2</i>	BG03_00
<input type="checkbox"/> Marfan-Syndrom (Q87.4): <i>FBN1, TGFB1, TGFB2</i>	BG04_00

<b>Dermatologische Erkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Ichthyose, kongenitale autosomal rezessive (Q80.9): <i>ABCA12, ALOX12B, ALOXE3, CASP14, CERS3, CYP4F22, LIPN, NIPAL4, PNPLA1, SDR9C7, SLC27A4, TGM1</i>	DE01_00

<b>Herz- und Gefäßerkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Arrhythmogene rechtsventrikuläre Kardiomyopathie (ARVC) (I42.80): <i>DSC2, DSG2, DSP, JUP, PKP2, TMEM43</i>	HE01_00
<input type="checkbox"/> Arterial tortuosity syndrome (ATS) (I77.9): <i>SLC2A10</i>	HE02_00
<input type="checkbox"/> Bikuspidale Aortenklappe (BAV) (Q23.1): <i>NOTCH1, SMAD6</i>	HE03_00
<input type="checkbox"/> Brugada Syndrom (I45.8): <i>CACNA1C, CACNB2, GPD1L, KCNE3, SCN1B, SCN3B, SCN5A, SCN10A</i>	HE04_00
<input type="checkbox"/> Danon-Erkrankung (E74.0): <i>LAMP2</i>	HE05_00
<input type="checkbox"/> Dilatative Kardiomyopathie (DCM)(I42.0): <i>BAG3, LMNA, MYBPC3, MYH7, PLN, RBM20, SCN5A, SGCD, TAZ, TNNT3, TNNT2, TMP1,</i>	HE06_00
<input type="checkbox"/> Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM) (I42.2): <i>ACTC1, MYBPC3, MYH7, MYL2, MYL3, TNNC1, TNNT3, TNNT2, TPM1</i>	HE07_00
<input type="checkbox"/> Jervell- und Lange-Nielsen Syndrom (I45.8): <i>KCNE1, KCNQ1</i>	HE08_00
<input type="checkbox"/> Katecholaminerge polymorphe ventrikuläre Tachykardie, CPVT (I47.9): <i>CALM1, CALM2, CASQ2, RYR2, TRDN</i>	HE09_00
<input type="checkbox"/> Linksventrikuläre non-compaction Kardiomyopathie (I42.9): <i>ACTC1, MYBPC3, MYH7, TAZ, TNNT2, TPM1</i>	HE10_00
<input type="checkbox"/> Loeys-Dietz Syndrom (Q87.4): <i>SMAD3, TGFB2, TGFB1, TGFB2</i>	HE11_00
<input type="checkbox"/> Long-QT-Syndrom (I45.8): <i>ANK2, KCNE1, KCNH2, KCNQ1, KCNE2, SCN5A</i>	HE12_00
<input type="checkbox"/> Marfan-Syndrom (Q87.4): <i>FBN1, TGFB1, TGFB2</i>	HE13_00
<input type="checkbox"/> Restriktive Kardiomyopathie (RCM) (I42.5): <i>ACTC1, MYH7, MYPN, TNNT3, TNNT2</i>	HE14_00
<input type="checkbox"/> Short-QT-Syndrom (I49.8): <i>KCNH2, KCNJ2, KCNQ1</i>	HE15_00
<input type="checkbox"/> Thorakales Aortenaneurysma mit/ohne Dissektion, TAAD (I71.2): <i>ACTA2, COL3A1, FBN1, MFAP5, MYH11, MYLK, PRKG1, SLC2A10, SMAD3, TGFB2, TGFB3, TGFB1, TGFB2</i>	HE16_00

<b>Immunologische Erkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Autoinflammatorische Erkrankungen (intermittierende Fiebererkrankungen) (D89.9): <i>IL1RN, IL36RN, LPIN2, MEFV, MVK, NLR4, NLRP12, NLRP3, NOD2, PLCG2, PSMB8, PSTPIP1, TNFRSF1A</i>	IM01_00
<input type="checkbox"/> Candida-Infektionen, zellulärer Immundefekt für rezidivierende (B37.9): <i>AIRE, CARD9, DOCK8, IL12RB1, IL17F, IL17RA, IL2RA (=CD25), STAT1, STAT3, TYK2</i>	IM02_00
<input type="checkbox"/> Immundefektsyndrom, variables (CVID) (D83.8): <i>CD19, CR2, CTLA4, ICOS, IKZF1, IRF2BP2, LRBA, NFKB1, NFKB2, PIK3CD, TNFRSF13B, TNFRSF13C</i>	IM03_00
<input type="checkbox"/> Epidermodysplasia verruciformis (EVER1/2-assoziiert) und DD (B07.8): <i>CXCR4, DOCK8, GATA2, MST1, SPINK5, STK4, TMC6, TMC8</i>	IM04_00

<b>Krebserkrankungen, erblich bedingte/ Tumordispositionssyndrome</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<b>Brust-/Eierstockkrebs:</b> für die Untersuchung von <i>BRCA1/BRCA2</i> bzw. weiteren mit Brust- und Eierstockkrebs assoziierten Genen verwenden Sie bitte den gesonderten „Auftrag zur molekulargenetischen Untersuchung bei V. a. hereditäres Mamma- und/oder Ovarialkarzinom (HBOC)“	
<b>Lynch-Syndrom:</b> für die Untersuchung von <i>MSH2/MSH6</i> bzw. <i>MLH1/PMS2</i> verwenden Sie bitte den gesonderten „Auftrag zur molekulargenetischen Untersuchung bei V. a. hereditäres, nicht polyposes kolorektales Karzinom (HNPCC, Lynch-Syndrom)“	
<input type="checkbox"/> Birt-Hogg-Dubé-Syndrom (D21.9): <i>FLCN</i>	TU01_00
<input type="checkbox"/> Cowden-Syndrom (Q89.9): <i>PTEN</i>	TU02_00
<input type="checkbox"/> Dyskeratosis congenita (Q82.8): <i>ACD, CTC1, DKC1, NHP2, NOP10, PARN, RTEL1, TERC, TERT, TINF2, WRAP53</i>	SY04_00
<input type="checkbox"/> Leukämie, familiäre (C94): <i>ANKRD26, CEBPA, ETV6, GATA2, RUNX1</i> (weitere Gene ggf. nach Rücksprache)	TU03_00
<input type="checkbox"/> Li-Fraumeni-Syndrom (D48.9): <i>TP53</i>	TU04_00
<input type="checkbox"/> Magenkarzinom, diffuses; assoziiert mit lobulärem Brustkrebs (C16.9): <i>CDH1</i> (kodiert für E-Cadherin)	TU05_00
<input type="checkbox"/> Multiple Endokrine Neoplasie Typ 1 (D44.8): <i>CDKN1B, MEN1</i>	TU06_00
<input type="checkbox"/> Multiple Endokrine Neoplasie Typ 2 (D44.8): <i>RET</i>	TU07_00
<input type="checkbox"/> Pankreaskarzinom, familiäres (C25.9): <i>ATM, BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2,</i>	TU08_00
<input type="checkbox"/> Paragangliom / Phäochromozytom (C75.9): <i>MAX, RET, SDHAF2, SDHA, SDHB, SDHC, SDHD, TMEM127, VHL</i>	TU09_00
<input type="checkbox"/> Peutz-Jeghers-Syndrom (Q85.8): <i>STK11</i>	TU10_00
<input type="checkbox"/> Polyposis, juvenil (D12.6): <i>SMAD4, BMPR1A</i>	TU11_00
<input type="checkbox"/> Polyposis, adenomatöse (Stufendiagnostik) (D12.6): <i>APC, MUTYH</i> , ggf. <i>BUB1B, MSH3, NTHL1, POLD1, POLE</i>	TU12_00
<input type="checkbox"/> Von Hippel-Lindau-Syndrom (Q85.8): <i>VHL</i>	TU13_00

<b>Lebererkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Cholestase mit niedriger bzw. normaler GGT; PFIC Typ 1, 2, 4, 5; kongenitale Gallensäuresynthesedefekte Typ 1-5; Claudindefizienz; Citrindefizienz; MVID; Crigler-Najar-Syndrom; Dubin-Johnson-Syndrom (K76.9)*: <i>ABCB11, ABCD3, AKR1D1, AMACR, ATP8B1, BAAT, CLDN1, CYP7B1, HSD3B7, MYO5B, NR1H4, SLC25A13, TJP2,</i>	LE01_00
<input type="checkbox"/> Cholestase mit hoher GGT; PFIC Typ 3 bzw. Alagille-Syndrom (Q44.7)*: <i>ABCB4, JAG1, NOTCH2</i>	LE02_00
<input type="checkbox"/> Leberversagen, akut, mit V. a. lysosomale Speichererkrankungen bzw. mitochondriale DNA-Depletions-Syndrome mit beschriebener hepato-cerebraler Symptomatik sowie Wilson Syndrom (K72.0)*: <i>ATP7B, BCS1L, DGUOK, GFM1, MPV17, NPC1, NPC2, POLG, TRMU, TWNK</i>	LE03_00
<input type="checkbox"/> Transaminasenerhöhung/ Hepatopathie ohne primär führende Cholestase (R74.0)*: <i>ATP7B, FBP1, G6PC, GBE1, GYS2, PHKA2, PHKB, PHKG2, PYGL, SLC37A4, SLC2A2</i>	LE04_00
<input type="checkbox"/> Wilson-Syndrom (E83.0): <i>ATP7B</i>	LE05_00
<input type="checkbox"/> Dubin-Johnson-Syndrom (E80.6)*: <i>ABCC2</i>	LE06_00
<input type="checkbox"/> Crigler-Najjar-Syndrom (E80.5)*: <i>UGT1A1</i>	LE07_00

\*Bitte beachten Sie folgenden Hinweis: in Anbetracht der komplexen Fragestellungen, die mit der genetischen Diagnostik bei Hepatopathien einhergehen, haben wir uns an der Medizinischen Hochschule Hannover dazu entschieden, alle Befunde im Rahmen einer interdisziplinären Fallkonferenz zu bewerten. Teilnehmer der Konferenz sind auf genetische Lebererkrankungen spezialisierte Pädiater (Prof. Baumann, OÄ Dr. Pfister), Ärzte des Instituts für Humangenetik und gegebenenfalls weitere Fachärzte der MHH. Mit der Einsendung einer Probe erklären Sie sich damit einverstanden, dass diesem Expertengremium an der MHH die zur Bewertung nötigen Daten mitgeteilt werden.

<b>Lungenerkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<b>Cystische Fibrose / CBAVD / Mukoviszidose (E84.9):</b> <input type="checkbox"/> <i>CFTR</i> -Stufendiagnostik: 1. häufigste pathogene Varianten 2. Komplettssequenzierung <input type="checkbox"/> häufigste pathogene Varianten im <i>CFTR</i> -Gen <input type="checkbox"/> <i>CFTR</i> -Komplettssequenzierung	LU01_00
<input type="checkbox"/> Primäre ziliäre Dyskinesie (PCD) (Q34.9): <i>ARMC4, CCDC39, CCDC103, DNAH5, DNAI1, DNAI2, RSPH1, RSPH4A</i>	LU02_00
<input type="checkbox"/> Pulmonale arterielle Hypertonie (D59.3): <i>ACVRL1, BMPR1B, BMPR2, CAV1, EIF2AK4, ENG, GDF2, KCNA5, KCNK3, SMAD4, SMAD9</i>	LU03_00
<input type="checkbox"/> interstitielle und diffus parenchymatöse Lungenerkrankung im Kindesalter (J84.9): <i>ABCA3, CSF2RB, FLNA, FOXF1, NKX2-1, SFTPB, SFTPC</i>	LU04_00

<b>Muskuläre Erkrankungen / Neuromuskuläre Erkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Myopathie, kongenitale mit Fasertyp (G71.2): <i>ACTA1, MYH7, RYR1, SEPN1, TPM2, TPM3</i>	MN01_00
<input type="checkbox"/> Hereditäre motorisch-sensible Neuropathie Typ 1, HMSN1, CMT1A/HNPP (G60.0): <i>PMP22</i> (Duplikation/ Deletion)	MN02_00
<input type="checkbox"/> Neuropathie, motorisch sensibel (G60.0): <i>BSCL2, DYNC1H1, GDAP1, GJB1, HSPB1, IGHMBP2, MFN2, MPZ</i>	MN03_00

<b>Neurologische Erkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> CADASIL/CARASIL (cerebral autosomal dominant/recessive arteriopathy with subcortical infarcts and leukoencephalopathy) (I67.850): <i>HTRA1, NOTCH3</i>	NE02_01
<input type="checkbox"/> Enzephalopathien, frühkindliche epileptische (G40.4): <i>CACNA1A, CDKL5, FOXG1, KCNQ2, PCDH19, SCN1A, SCN2A, STXBP1</i>	NE01_00

<b>Nierenerkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Nierenerkrankung, polyzystische (Q61.2): <i>PKD1, PKD2</i>	NI01_00
<input type="checkbox"/> Alport- bzw. Alport-like-Syndrom (Q87.8): <i>COL4A3, COL4A4, COL4A5, MYH9</i>	NI02_00

<b>Stoffwechselerkrankungen</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Diabetes, MODY-Typ (E11.0): <i>APPL1, BLK, CEL, GCK, HNF1A, HNF1B (=TCF2), HNF4A, INS, KCNJ11, KLF11, NEUROD1, PAX4, PDX1</i>	ST01_00
<input type="checkbox"/> Diabetes, neonatal (E11.0): <i>ABCC8, EIF2AK3, FOXP3, GATA4, GATA6, GCK, GLIS3, HNF1B, IER3IP1, INS, KCNJ11, MNX1, NEUROD1, NEUROG3, NKX2-2, PDX1, PLAGL1, PTF1A, RFX6, SLC19A2, SLC2A2, STAT3, WFS1, ZFP57, BSCL2, IL2RA, INSR, LRBA</i>	ST02_00
<b>Hämochromatose, adulte (E83.1):</b> <input type="checkbox"/> C282Y & H63D <input type="checkbox"/> HFE-Komplettsequenzierung	ST03_00
<b>Hämochromatose, juvenile (E83.1):</b> <input type="checkbox"/> <i>HJV</i> <input type="checkbox"/> <i>HAMP</i>	ST04_00
<b>Hypercholesterinämie (E78.0):</b> <input type="checkbox"/> <i>LDLR</i> <input type="checkbox"/> <i>APOB</i> (häufigste Variante p.Arg3527Gln/Trp), <i>LDLR, PCSK9</i>	ST05_00
<input type="checkbox"/> Hyperinsulinismus, kongenitaler familiärer (E16.1): <i>ABCC8, GCK, GLUD1, HADH, HNF4A, KCNJ11, UCP2</i>	ST06_00
<b>Pankreatitis (K86.1):</b> <input type="checkbox"/> <i>SPINK1, PRSS1</i> <input type="checkbox"/> <i>CFTR</i> häufigste pathogene Varianten	ST07_00
<input type="checkbox"/> Shwachman-Diamond-Syndrom (D61.0): <i>DNAJC21, EFL1, SBDS, SRP54</i>	AN06_00

<b>Schwerhörigkeit</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> Schwerhörigkeit, nicht-syndromal (Stufendiagnostik) (H91.9): <i>GJB2</i> [(DFNB1, DFNA3) Connexin-26], <i>GJB6</i> [(DFNB1, DFNA3) Connexin-30], <i>PRPS1, TMC1, TMPRSS3, ILDR1, WFS1, OTOF,TECTA</i>	TA01_00
<input type="checkbox"/> Jervell- und Lange-Nielsen-Syndrom (I45.8): <i>KCNQ1, KCNE1</i>	TA02_00
<input type="checkbox"/> Pendred-Syndrom (E07.1): <i>SLC26A4, KCNJ10, FOXI1</i>	TA03_00
<input type="checkbox"/> Usher-Syndrom I (H35.5): <i>CDH23, MYO7A, USH1G, PCDH15, CIB2</i>	TA04_00
<input type="checkbox"/> Usher-Syndrom II (H35.5): <i>ADGRV1, WHRN, USH2A</i>	TA05_00
<input type="checkbox"/> Stickler-Syndrom (Q87.0): <i>COL2A1, COL11A1, COL11A2, COL9A1, COL9A2</i>	TA06_00
<input type="checkbox"/> Waardenburg-Syndrom (E70.3): <i>EDN3, EDNRB, MITF, PAX3, SNAI2, SOX10</i>	TA07_00

<b>Erkrankungen, diverse</b> (ICD-10 Code in Klammern)	
<input type="checkbox"/> CHARGE-Syndrom (Q87.8): <i>CHD7</i>	SY01_00
<input type="checkbox"/> Osler-Syndrom, HHT (I78.0): <i>ACVRL1, ENG, SMAD4</i>	SY02_00
<input type="checkbox"/> Tuberoöse Sklerose (Q85.1): <i>TSC1, TSC2</i>	SY03_00
<input type="checkbox"/> Dyskeratosis congenita (Q82.8): <i>ACD, CTC1, DKC1, NHP2, NOP10, PARN, RTEL1, TERC, TERT, TINF2, WRAP53</i>	SY04_00

X

X

X

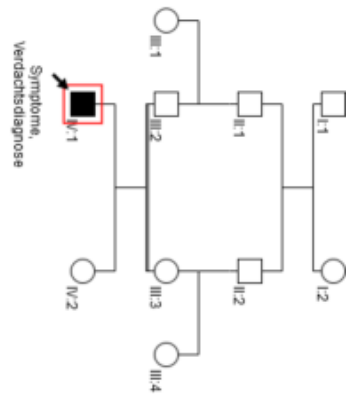
Datum, Ort

Name in Druckschrift

Unterschrift der/s verantwortlichen Ärztin/Arztes

Patientenname: \_\_\_\_\_ Geburtsdatum: \_\_\_\_\_

### Stammbaum (insbes. weitere erkrankte Verwandte)



Frau



Mann



erkrankt, Indexpatientin



Überträgerin



Geschlecht unbekannt



verstorben

Patientenname: \_\_\_\_\_ Geburtsdatum: \_\_\_\_\_

## Einwilligungserklärung nach Gendiagnostikgesetz\*

Gesetz über genetische Untersuchungen bei Menschen (Gendiagnostikgesetz - GenDG) vom 31. Juli 2009 (BGBl. I S. 2529, 3672)

**Mit der Durchführung genetischer Untersuchungen wie umseitig angegeben erkläre ich mich einverstanden<sup>1</sup>.**

Ich erkläre mich einverstanden mit der	Ja	Nein
<b>Anforderung meiner Krankenunterlagen/Tumorgewebe</b> und ggf. weitere <b>Untersuchungen/ Zweitbefundungen</b> durch Mitarbeiter der MHH bzw. der Ambulanzzentrum der MHH GmbH (MVZ)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Weiterleitung des Untersuchungsauftrages an ein spezialisiertes medizinisches Kooperationslabor</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Aufbewahrung relevanter Daten/Untersuchungsergebnisse</b> über die vorgeschriebene Frist von 10 Jahren hinaus, damit sie ggf. meinen Angehörigen für spätere Untersuchungen zur Verfügung stehen	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Aufbewahrung und Verwendung</b> von überschüssigem Probenmaterial nach Abschluss der Untersuchungen zur Ergebniskontrolle, Qualitätssicherung und ggf. für neue <b>Diagnostikmöglichkeiten</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Aufbewahrung und Verwendung</b> von überschüssigem Probenmaterial, Datenweitergabe (auch Asservierung von DNA/Plasma aus einer EDTA-Blutprobe bzw. Serum aus einer Serum-Blutprobe von mir in der Biobank der MHH) sowie Publikation von Ergebnissen in verschlüsselter (pseudonymisierter) Form im Rahmen von <b>Forschungsprojekten</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Übermittlung</b> meines Befunds an einen in gleicher Weise kompetenten <b>Vertreter der verantwortlichen ärztlichen Person</b> durch das beauftragte Labor - in <b>Ausnahmefällen</b> – sowie Befundmitteilung an mich durch diesen Vertreter	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Mitteilung von klinisch relevanten Zufallsbefunden</b> im Rahmen der Untersuchung, unabhängig von der aktuellen Fragestellung	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Mitteilung von klinisch relevanten Forschungsergebnissen</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Weiterleitung der Daten für Abrechnungszwecke</b> an eine ärztliche Verrechnungsstelle (ohne Bekanntgabe des Untersuchungsergebnisses).	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<b>Weitergabe von Untersuchungsergebnissen an <u>alle</u> Familienangehörige / nur an <u>folgende</u> Familienangehörige:</b> _____ _____	<input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
<b>Weitergabe von Untersuchungsergebnissen an mitbehandelnde Ärzte</b> der MHH/der Ambulanzzentrum der MHH GmbH (MVZ) und an die folgenden Ärzte: _____	<input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>

<sup>1</sup> Hiermit erkläre ich, dass ich ausreichend über Zweck, Art, Umfang und Aussagekraft sowie mögliche Risiken und psychosoziale Auswirkungen der Untersuchungen aufgeklärt worden bin. Ich wurde darauf hingewiesen, dass ich meine Einwilligung jederzeit ohne Angabe von Gründen ganz oder teilweise zurückziehen kann, ohne dass mir daraus Nachteile entstehen und dass ich das Recht habe, Untersuchungsergebnisse nicht zu erfahren (Recht auf Nichtwissen). (Nur bei zugesandten Proben: Mir wurde eine genetische Beratung angeboten, diese möchte ich zunächst nicht wahrnehmen. Mir ist bekannt, dass ich jederzeit einen Beratungstermin in Anspruch nehmen kann). Mit einem für die Bearbeitung erforderlichen Austausch personenbezogener und medizinischer Daten zwischen dem Ambulanzzentrum der MHH GmbH und der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) bin ich einverstanden.

Das Gendiagnostikgesetz (GenDG) fordert für alle genetische Analysen eine ausführliche Aufklärung und eine schriftliche Einwilligung sowie vor prädiktiven (vorhersagenden) Analysen eine genetische Beratung. Die Deutsche Gesellschaft für Humangenetik (GfH) und der Berufsverband Deutscher Humangenetiker (BVDH) empfehlen darüber hinaus, die o. g. Sachverhalte im Rahmen der Einwilligung zu klären.

**Eine Kopie dieses Dokuments habe ich erhalten.**

**X**

---

Ort/Datum
Unterschrift Patient/in / gesetzlicher Vertreter

**X** \_\_\_\_\_ **X** \_\_\_\_\_  
**Datum, Ort** **Unterschrift Patient/in / ggf. gesetzlicher Vertreter**

**X** \_\_\_\_\_ **X** \_\_\_\_\_ **X** \_\_\_\_\_  
**Datum, Ort** **Name in Druckschrift** **Unterschrift der/s verantwortlichen Ärztin/Arztes**