



**Patient / Ratsuchender**

Name: \_\_\_\_\_

Vorname: \_\_\_\_\_

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

Geschlecht:  männlich  weiblich

Externe ID: \_\_\_\_\_

**Einsender / Klinik**

Name, Vorname: \_\_\_\_\_

Einrichtung: \_\_\_\_\_

Straße: \_\_\_\_\_

PLZ/Stadt: \_\_\_\_\_

Telefon: \_\_\_\_\_

E-Mail: \_\_\_\_\_

**Einwilligungserklärung**

Mit dieser Unterschrift bestätige ich nach erfolgter Aufklärung gemäß GenDG und unter Kenntnis meines Widerrufsrechts meine Einwilligung mit der/den genetischen Analyse(n) und der dafür erforderlichen Probenentnahme.

Ich wurde darüber aufgeklärt und stimme zu, dass meine personenbezogenen Daten und die in der Analyse erhobenen Daten unter Beachtung des Datenschutzes und der ärztlichen Schweigepflicht aufgezeichnet, ausgewertet und ggf. in pseudonymisierter Form in wissenschaftlichen Datenbanken gespeichert und der Untersuchungsauftrag oder Teile davon, falls erforderlich, an ein spezialisiertes Kooperationslabor weitergeleitet werden.

Ich willige hiermit ein, dass alle erhobenen Daten vom Zentrum für Humangenetik elektronisch gespeichert, verarbeitet, genutzt und übermittelt werden. Nähere Informationen zum Datenschutz und Ihren diesbezüglichen Rechten unter [www.humangenetik-tuebingen.de/datenschutz](http://www.humangenetik-tuebingen.de/datenschutz)

**Hinweis**

Wir aktualisieren unsere Panels in regelmäßigen Abständen gemäß des aktuellen Stands der Wissenschaft. Wir weisen daher darauf hin, dass sich die auf diesem Einsendeformular angegebene Zusammenstellung von Genen eines Gen-Sets zum Zeitpunkt der Laboranalyse geringfügig geändert haben könnte (Hinzunahme / Wegnahme von Genen). Mit der Unterschrift des Arztes auf dem Einsendeformular erklärt sich dieser auch mit einer ggf. geänderten Zusammensetzung des angeforderten Gen-Sets einverstanden.

Wir behalten uns vor, über die zum Einsatz kommende Sequenzier-Technologie (Sanger/NGS) individuell zu entscheiden. Wir weisen darauf hin, dass bei Anforderung von NGS-Panel-Diagnostik aus technischen Gründen mehr als die angeforderten Gene sequenziert werden.

**Ich erteile meine Einwilligung zur Anforderung von Befunden und Tumormaterials.**

**Diese Einwilligungserklärung kann ich jederzeit ohne Angabe von Gründen widerrufen. Ich hatte die notwendige Bedenkzeit.**

Als behandelnder Arzt/behandelnde Ärztin bestätige ich, dass ich qualifiziert bin die genetische Diagnostik des o.g. Patienten zu beauftragen.

**Sofern der Patient das Einsendeformular nicht unterschrieben hat:** Als behandelnder Arzt/behandelnde Ärztin bestätige ich, den Patienten gem. GenDG über die genetische Untersuchung aufgeklärt zu haben und dass mir die Einwilligung des Patienten schriftlich vorliegt.

**Minderjährige:** Zur genetischen Untersuchung Minderjähriger ist die Einwilligung beider Sorgeberechtigter erforderlich. Mit Ihrer Unterschrift als nach GenDG verantwortliche ärztliche Person erklären Sie, dass Ihnen die Einwilligung aller Sorgeberechtigten vorliegt.

**Rechnung**

an Patient (KVA-Nr.: \_\_\_\_\_)

an Einsender / Klinik  an Einsender / Klinik gemäß §116b

GKV (bitte Überweisungsschein Muster 10 beifügen)

Name: \_\_\_\_\_

Vorname: \_\_\_\_\_

Straße: \_\_\_\_\_

PLZ/Stadt: \_\_\_\_\_

Land: \_\_\_\_\_

E-Mail: \_\_\_\_\_

**Im Folgenden wird ein Nichtankreuzen wie „Nein“ gewertet.**

Mit der Aufbewahrung von Probenmaterial zum Zweck der Nachprüfbarkeit, der Qualitätssicherung bzw. für ergänzende Untersuchungen (für max. 10 Jahre) bin ich einverstanden.  Ja  Nein

Die Untersuchungsergebnisse sollen über die gesetzliche Frist von 10 Jahren hinaus aufbewahrt werden.  Ja  Nein

Mit der Aufbewahrung und Verwendung von Untersuchungsmaterial und/oder Befunden für wissenschaftliche Zwecke inkl. Publikationen in pseudonymisierter Form bin ich einverstanden.  Ja  Nein

**Über Zusatzbefunde möchte ich:**

informiert werden  NICHT informiert werden

In seltenen Fällen können genetische Veränderungen nachgewiesen werden, die nicht im Zusammenhang mit dem Untersuchungsauftrag stehen (sog. Zusatzbefunde). Das Berichten solcher Zusatzbefunde beschränkt sich auf pathogene Veränderungen (ACMG Klassen 4 und 5) in ausgewählten Genen, für die eine Behandlungskonsequenz für den Patient/die Patientin oder die Familie besteht (orientiert an den aktuell gültigen Richtlinien des American College of Medical Genetics and Genomics; Details zu den Genen und assoziierten Erkrankungen sind auf unserer Homepage gelistet: [www.humangenetik-tuebingen.de/acmg-gene/](http://www.humangenetik-tuebingen.de/acmg-gene/)). Ein Anspruch auf eine vollständige Analyse dieser Gene besteht nicht. Sollten keine Zusatzbefunde erhoben werden, bedeutet dies keinen Ausschluss entsprechender Risiken.

**Nach deutschem GenDG wird der Befund der genetischen Untersuchung dem aufklärenden Arzt übermittelt. Bitte geben Sie hier die E-Mail-Adresse des aufklärenden Arztes an:**

E-Mail: \_\_\_\_\_

**Arztstempel / Klinik ggf. Barcode**

\_\_\_\_\_  
**Patient / Vertreter**  
(Druckbuchstaben)

X \_\_\_\_\_  
**Patient / Vertreter**  
(Datum, Unterschrift)

\_\_\_\_\_  
**Arzt**  
(Druckbuchstaben)

X \_\_\_\_\_  
**Arzt**  
(Datum, Unterschrift)





**Für die gezielte und effektive Bearbeitung füllen Sie bitte das Formular so detailliert wie möglich aus und legen eine Kopie der relevanten medizinischen Berichte bei.**

**Indikation / Verdachtsdiagnose / Krankheitsverlauf / Stammbaum**

Indexpatient

nicht betroffen

betroffen

Überträger

verstorben

Elternpaar

Verwandtenehe

Schwangerschaft

Abort, Totgeburt

Geschlecht unbekannt

Eineiige Zwillinge

Zweieiige Zwillinge

Arztbrief beigelegt

Befund der Pathologie/Zytologie/Zytogenetik/Durchflußzytometrie

**Transplantationen (Knochenmark, Gewebe, Stammzellen)**  Nein  Ja, (bitte spezifizieren) \_\_\_\_\_

**Untersuchungsmaterial Tumor** (mindestens 20% Tumorgehalt)

FFPE (Formalin-Fixed, Paraffin-Embedded)

Blocknummer (bei FFPE): \_\_\_\_\_

Objektträger (mindestens 10 Slides)

Tumorprobe von \_\_\_\_\_

anfordern bei: \_\_\_\_\_

Zustimmung des/der Patienten(in) erteilt (Sonderblatt)

DNA \_\_\_\_ µg (> 200 ng DNA)

bei MSI-Anforderung auch DNA aus Normalgewebe

H&E-Schnitt (bei MSI-Anforderung bitte Tumor- und Normalareale eindeutig markieren)

**Angaben zum eingesendeten Tumorgewebe**

Beim eingesendeten Tumormaterial handelt es sich um:

Primärtumor

Metastase; Angaben zum Primärtumor: \_\_\_\_\_

Gewebe: \_\_\_\_\_

Tumorstadium/Zytogenetik: \_\_\_\_\_

Datum Tumorresektion: \_\_\_\_\_

Tumorgehalt: \_\_\_\_\_ %

Anmerkungen:

**Untersuchungsmaterial Normalgewebe zusätzlich zu Tumorgewebe für MSI-Analyse**

Blut \_\_\_\_ ml (min. 1-2 ml EDTA-Blut)

DNA \_\_\_\_ µg (> 2 µg DNA): \_\_\_\_\_

FFPE Block mit Normalgewebe (Formalin-Fixed, Paraffin-Embedded)

FFPE Block Nummer: \_\_\_\_\_

FFPE Tumorblock mit normalem Gewebereich (inkl. H&E-gefärbter Objektträger mit deutlich markiertem Tumor und normalem Gewebereich)

FFPE Blocknummer: \_\_\_\_\_

**Für Rückfragen und Beratung stehen wir Ihnen gern jederzeit zur Verfügung.**

**Bitte wenden Sie sich an unser Diagnostik-Support Team.**

**[www.humangenetik-tuebingen.de/diagnostic-support](http://www.humangenetik-tuebingen.de/diagnostic-support)  
[diagnostic-support@humangenetik-tuebingen.de](mailto:diagnostic-support@humangenetik-tuebingen.de)**

**Telefon 07071 565 44 00**



**Untersuchungsauftrag**

**Melanome (PAT01)**

- Melanome**  
BRAF, CDKN2A, GNA11, GNAQ, KIT, NRAS, TP53 (7 Gene)

**Kolorektale Karzinome (PAT02)**

- Kolorektale Karzinome**  
AKT1, BRAF, CTNNB1, EGFR, ERBB2, FBXW7, KRAS, MLH1, MSH2, MSH6, NRAS, PIK3CA, PMS2, PTEN, SMAD4, TP53 (16 Gene)

**Lungenkarzinome (PAT03)**

- Lungenkarzinome**  
AKT1, ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, KRAS, MAP2K1, MET, NOTCH1, NRAS, PIK3CA, PTEN, RET, ROS1, TP53, ALK Translokation, RET Translokation, ROS1 Translokation (19 Gene und 3 Translokationen)

**Gastrointestinale Stromatumore (GIST) (PAT04)**

- Gastrointestinale Stromatumore (GIST)**  
BRAF, KIT, PDGFRA, TP53 (4 Gene)

**Gliome (PAT05)**

- Gliome**  
BRAF, EGFR, H3-3A, H3C2, IDH1, IDH2, PIK3CA, PTEN, TERT, TP53 (10 Gene)

**Brust- und Ovarialkarzinome (PAT06)**

- Brust- und Ovarialkarzinome**  
AKT1, ATM, BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CHEK2, ERBB2, ESR1, PALB2, PIK3CA, PTEN, RAD51C, RAD51D, TP53 (15 Gene)

**Schilddrüsenkarzinome (PAT07)**

- Schilddrüsenkarzinome**  
BRAF, HRAS, KRAS, NRAS, PIK3CA, RET, TP53 (7 Gene)

**Cholangiozelluläre Karzinome (PAT09)**

- Cholangiozelluläre Karzinome**  
IDH1, IDH2, KRAS, PIK3CA, TP53 (5 Gene)

**Individuelle Auswahl**

- Bitte tragen Sie die von Ihnen ausgewählten Gene ein (beliebige Kombinationen aus allen Gen-Sets auf diesem Formular)  
**Verfügbare Gene:** AKT1, ALK, ATM, BARD1, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDK12, CDKN2A, CHEK1, CHEK2, CTNNB1, EGFR, ERBB2, ERBB4, ESR1, FANCL, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, GNA11, GNAQ, H3-3A, H3C2, HRAS, IDH1, IDH2, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, MLH1, MSH2, MSH6, NOTCH1, NRAS, NTRK1, PALB2, PDGFRA, PIK3CA, PMS2, PTEN, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD54L, RET, ROS1, SMAD4, SPOB, TERT, TP53

\_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_,  
 \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_,  
 \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_, \_\_\_\_\_

**Pankreaskarzinome (PAT10)**

- Pankreaskarzinome**  
BRCA1, BRCA2, CDKN2A, CHEK2, ERBB4, KRAS, SMAD4, TP53 (8 Gene)

**BRCA1 und BRCA2 (PAT11)**

- BRCA1 und BRCA2 Analyse in Tumorgewebe (2 Gene)**  
*Hinweis: Für die Analyse der Gene BRCA1 und BRCA2 in der Keimbahn, verwenden Sie bitte das CAN-Einsendeformular ([www.humangenetik-tuebingen.de/CAN](http://www.humangenetik-tuebingen.de/CAN))*

**Prostatakarzinome (PAT12)**

- Prostatakarzinome**  
ATM, BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDK12, CHEK1, CHEK2, FANCL, MLH1, MSH2, MSH6, PALB2, PMS2, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD54L, SPOB, TP53 (20 Gene)

**Magenkarzinome (PAT13)**

- Magenkarzinome**  
AKT1, ATM, BRAF, BRCA1, BRCA2, CHEK2, CTNNB1, ERBB2, KRAS, MLH1, MSH2, MSH6, NRAS, PIK3CA, PMS2, PTEN, SMAD4, TP53 (18 Gene)

**MMR-Panel (PAT14)**

- MMR-Panel**  
MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 (4 Gene)

**Mikrosatelliteninstabilitätsanalyse (MSI) via PCR**

- Mikrosatelliteninstabilitätsanalyse (MSI) via PCR**  
(Marker: BAT25, BAT26, NR21, NR22, NR27)

**Weitere Untersuchungen (es fallen zusätzliche Kosten an):**

Bitte beachten: Die Untersuchung erfordert zusätzliche FFPE Schnitte. Dies ist nicht notwendig, wenn ein FFPE Block eingesandt wurde.

- PD-L1**  
IHC Färbung für: PD-L1 (1 zusätzlicher FFPE Schnitt)
- Methylierung des MGMT-Promotors** (3-5 zusätzliche FFPE Schnitte)
- MLH1-Methylierungsanalyse**  
Im Tumorgewebe (3-5 zusätzliche FFPE Schnitte)

**Für Rückfragen und Beratung stehen wir Ihnen gern jederzeit zur Verfügung. Bitte wenden Sie sich an unser Diagnostik-Support Team.**

**[www.humangenetik-tuebingen.de/diagnostic-support](http://www.humangenetik-tuebingen.de/diagnostic-support) • [diagnostic-support@humangenetik-tuebingen.de](mailto:diagnostic-support@humangenetik-tuebingen.de)**  
**Telefon 07071 565 44 00**