

Hämatologische Molekulare Diagnostik UKH-HZL/ CGL
Inselspital, Freiburgstrasse 18, CH-3010 Bern

Leitung: Dr. sc. nat. Naomi Porret
PD Dr. pharm. Elisabeth Oppliger Leibundgut

Auskunft: Tel. 031 632 03 09, Fax 031 632 03 10
<http://www.hzl.insel.ch/de/unser-angebot/haematologische-labore/haematologische-molekulare-diagnostik-und-zytogenetik/>
e-mail: naomi.porret@insel.ch
e-mail: haematologie.cgl@insel.ch

Patient: Name, Vorname, Geburtsdatum, Geschlecht, Adresse

Absender (bitte genaue Anschrift)	Rechnungsadresse	Kopie an (bitte genaue Anschrift):
Spital: Abteilung: Ärztin/Arzt: Tel./Sucher: Fax:	<input type="checkbox"/> Patient <input type="checkbox"/> zuweisender Arzt / Spital <input type="checkbox"/> andere:	

Entnahmedatum, zwingend	Untersuchungsmaterial	Aktuelles Blutbild (Datum) oder Kopie Laborbefund beilegen
Entnahmedatum	<input type="checkbox"/> EDTA Blut <input type="checkbox"/> Knochenmark (EDTA / Heparin) <input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/> PAXgene <input type="checkbox"/> PAXgene
Entnahmezeit		Leukozyten x 10 ⁹ /l Thrombozyten x 10 ⁹ /l Lymphozyten x 10 ⁹ /l Blasten %

Klinische Angaben / Diagnose		
<input type="checkbox"/> AML <input type="checkbox"/> ALL <input type="checkbox"/> CML <input type="checkbox"/> CLL <input type="checkbox"/> MDS <input type="checkbox"/> MPN <input type="checkbox"/> PV <input type="checkbox"/> ET <input type="checkbox"/> PMF <input type="checkbox"/> HES <input type="checkbox"/> Mantelzell-Lymphom <input type="checkbox"/> Follikuläres Lymphom <input type="checkbox"/> DLBCL	<input type="checkbox"/> Diagnose <input type="checkbox"/> Verlauf <input type="checkbox"/> Rezidiv	<input type="checkbox"/> Therapie <input type="checkbox"/> Nachbestellung
Klinische Angaben:		

ALLGEMEINE HINWEISE	
Probenannahme	Montag bis Freitag 8.00-17.00.
Probenmaterial	Peripheres Blut (EDTA) oder Knochenmark (EDTA oder Heparin). Bei AML vorzugsweise Knochenmark. Knochenmarksentnahme: Probe sofort mit dem Antikoagulans mischen.
Probenentnahme	Nur Montag bis Donnerstag. Bitte das Auftragsformular vollständig ausfüllen.
Versand	Proben für Leukämien sofort nach Entnahme ungekühlt per Express (Mondexpress Swiss Post oder Cityexpress 0800 88 88 88) oder Kurier (Kuriere werktags an: Murtenstr. 31, Pathologie Annahme) senden. Wichtig: Die Proben müssen innerhalb von 24 Stunden im Labor eintreffen (Qualität der RNA). Versand übrige Proben: z.T. per A-Post möglich, gemäss spezifischer Angabe bei Anforderung.
Antwortzeit	Analysendauer: 2-5 Tage. Antwortzeit: 5-10 Tage, komplexe Analysen bis 20 Tage.
Leukämien am Freitag und Wochenende	Bei Verdacht auf Leukämie am Freitag und Wochenende: Bitte die Proben in zwei PAXgene (Stabilisierung der RNA) und ein EDTA Röhrchen (für DNA) entnehmen. PAXgene Röhrchen für Blut und Knochenmark sind im Labor erhältlich.
Liquid Biopsy	Für Liquid Biopsy werden spezielle Röhrchen (<i>cell-free DNA Collection Tubes</i>) zur Stabilisierung der zellfreien DNA benötigt, welche auf Anfrage im Labor bezogen werden können (031 632 03 09 oder e-mail).
Notfallanalyse	PML-RARA wird als Notfalluntersuchung sofort durchgeführt (bitte Voranmeldung 031 632 03 09).
Qualität	Aufträge mit unvollständig beschrifteten Röhrchen oder unvollständig ausgefülltem Auftragsformular können aus Sicherheitsgründen nicht angenommen werden (Qualitätssicherung nach ISO 17025). Ebenfalls können aufgrund des Kontaminationsrisikos nur ungeöffnete Probengefässe akzeptiert werden.

ANALYSENANGEBOT AUF DEN FOLGENDEN SEITEN

vom Labor auszufüllen:

Eingetroffen am Nr.

Zeit Vis.

Sie finden die jeweils neueste Version dieses Auftragsformulars auf <http://www.hzl.insel.ch/de/unser-angebot/haematologische-labore/haematologische-molekulare-diagnostik-und-zytogenetik/>

ANFORDERUNG

Patient: Name, Vorname, Geburtsdatum, Geschlecht, Adresse

AML, Diagnose <i>Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>	AML, Verlauf <i>Material: 20 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>
<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Mutationen & Rearrangements) ^A <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> AML1-ETO (RUNX1-RUNX1T1) quantitativ <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Mutationen) ^A <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> CBFβ-MYH11 quantitativ <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Rearrangements) ^A <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> NPM1 quantitativ <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> CEBPA <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> PML-RARA quantitativ <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> FLT3 (ITD & TKD Mutationen) <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> FLT3 (ITD & TKD Mutationen) <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> PML-RARA <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> IDH1 <input type="checkbox"/> R132C <input type="checkbox"/> R132H <i>A-Post</i>
<input type="checkbox"/> IDH1/2: 4 häufigste Mutationen (HOVON-Studie, qualitativ) <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> IDH2 <input type="checkbox"/> R140Q <input type="checkbox"/> R172K <i>A-Post</i>
<input type="checkbox"/> Weitere Analysen <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> weitere Mutationen, Verlauf <i>A-Post</i>
	<input type="checkbox"/> weitere Rearrangements, Verlauf <i>Express 1)</i>

MYELOPROLIFERATIVE NEOPLASIEEN <i>Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>	
<input type="checkbox"/> JAK2 V617F (PV) <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Mutationen & Rearrangements) ^A <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> JAK2 V617F → CALR → MPL (ET, PMF), Algorithmus <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Mutationen) ^A <i>A-Post</i>
<input type="checkbox"/> CALR (ET, PMF) <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Rearrangements) ^A <i>Express 1)</i>
<input type="checkbox"/> MPL W515 (ET, PMF) <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Mastozytose Panel: ASXL1, KIT, RUNX1, SRSF2 <i>A-Post</i>
<input type="checkbox"/> JAK2 Exon 12 (PV,IE) <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> KIT (D816V) <i>A-Post</i>
	<input type="checkbox"/> FIP1L1-PDGFRα (HES, CEL) <i>Express 1)</i>
	<input type="checkbox"/> Rearrangements bei Eosinophilie, NGS mit folgenden Genen: PDGFRα, PDGFRβ, FGFR1, PCM1-JAK2 <i>Express 1)</i>

CML, Diagnose <i>Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>	CML, Verlauf <i>Material: 20 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>
<input type="checkbox"/> BCR-ABL1 <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> BCR-ABL1 quantitativ <i>Express 1)</i>
	<input type="checkbox"/> BCR-ABL1 Mutationen (TKI-Resistenz, ab 0.1% IS) <i>Express 1)</i> Transkript.....

MDS, CMML <i>Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)</i>	
<input type="checkbox"/> Myeloisches NGS Panel (Mutationen) ^A <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> CMML Panel (11 Gene) ^B <i>A-Post</i>
<input type="checkbox"/> MDS prognostisches Panel: ASXL1, EZH2, RUNX1, TP53 <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> SF3B1 (insbesondere auch bei Ringsideroblasten) <i>A-Post</i>

THROMBOSERISIKOFAKTOREN <i>Material: 2 ml EDTA Blut</i>	
<input type="checkbox"/> Faktor V Leiden R506Q * <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Faktor II (Prothrombin 20210G>A) * <i>A-Post</i>

WEITERE ANALYSEN	
<input type="checkbox"/> Asservieren <i>Express 1)</i>	<input type="checkbox"/> Asservieren für NGS nach Plasmazellseparation ^D <i>Express 2)</i>
<input type="checkbox"/> Weitere Analysen (Anfrage 031 632 03 09)	

Express 1) Freitag und Wochenende: Versand in 2 PAXgene Röhrchen (beim Myeloischen NGS Panel zusätzlich ein EDTA Röhrchen).

^A Myeloisches NGS Panel	Mutationen: 65 vollständige Gene: ASXL1, ASXL2, ATRX, BCOR, BCORL1, BRAF, CALR, CBL, CDKN2A, CEBPA, CREBBP, CSF3R, CSNK1A1, CTCF, CTNNA1, CUX1, DDX41, DNMT3A, EP300, ETV6, EZH2, FBXW7, FLT3, GATA1, GATA2, GNAS, HRAS, IDH1, IDH2, IKZF1, JAK2, KDM5A, KDM6A, KIT, KMT2D, KMT2C, KRAS, MLL, MPL, MYC, MYD88, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PPM1D, PTEN, PTPN11, RAD21, RB1, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SH2B3, SMC1A, SMC3, SRSF2, STAG2, SUZ12, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZBTB7A, ZRSR2 Rearrangements (325 Rearrangements mit folgenden Genen): ABL1, ALK, BCL2, BRAF, CCND1, CREBBP, EGFR, ETV6, FGFR1, FGFR2, FUS, HMGA2, JAK2, KMT2A (MLL), MECOM, MET, MLLT10, MLLT3, MYBL1, MYH11, NTRK3, NUP214, PDGFRα, PDGFRβ, RARA, RBM15, RUNX1, TCF3, TFE3
^B CMML NGS Panel	ASXL1, CBL, EZH2, JAK2, KRAS, NRAS, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, TET2

ANFORDERUNG

Patient: Name, Vorname, Geburtsdatum, Geschlecht, Adresse

ALL, Diagnose Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)	ALL, Verlauf Material: 20 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)
<input type="checkbox"/> B-ALL-Panel: BCR-ABL1, MLL-AF4 (KMT2A-AFF1), E2A-PBX1 <i>Express 1)</i> <input type="checkbox"/> T-ALL NGS Panel: FBXW7, KRAS, NOTCH1, NRAS, PTEN <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> TEL-AML1 (ETV6-RUNX1) <i>Express 1)</i> <input type="checkbox"/> B-ALL: IGH Klonalität <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> T-ALL: TRG Klonalität <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> BCR-ABL1 quantitativ <i>Express 1)</i> <input type="checkbox"/> weitere Mutationen, Verlauf <i>A-Post</i>

CLL / B-ZELL-NEOPLASIE Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)	
<input type="checkbox"/> CLL NGS Panel ^c <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> TP53 (CLL und andere) <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> IGVH Mutationsstatus (CLL) (<i>nur EDTA-Blut</i>) <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> CLLU1 Expression (CLL vs. Mantelzell-Lymphom) <i>Express 1)</i> <input type="checkbox"/> IGH-CCND1 / t(11;14) (Mantelzell-Lymphom) <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> IGH-BCL2 / t(14;18) (Follikuläres Lymphom) <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> BRAF V600E (Haarzelleukämie) <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> MYD88 L265P (Morbus Waldenström) <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> Waldenström NGS Panel: CXCR4, TP53, MYD88 L265P <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> IGH Rearrangement (Klonalität) <i>A-Post</i>

MULTIPLES MYELOM Material: 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)	
<input type="checkbox"/> Multiples Myelom NGS Panel ^d <i>Express 2)</i> Zellseparation innerhalb 24h: Probe bitte anmelden (031 632 03 09 oder e-mail)	<input type="checkbox"/> Asservieren für NGS nach Plasmazellseparation ^d <i>Express 2)</i>

CAR-T: Kopienzahl/µg DNA Material: 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)	
<input type="checkbox"/> CAR-T Kymriah <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> CAR-T Yescarta <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> CAR-T Tecartus <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> CAR-T JCAR017A <i>A-Post</i> <input type="checkbox"/> CAR-T andere <i>A-Post</i>

T-Zell-Neoplasien Material: 10 ml EDTA Blut oder 5 ml Knochenmark (EDTA oder Heparin)	
<input type="checkbox"/> T-LGL NGS-Panel: STAT3, STAT5B, TNFAIP3, KMT2D <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> TRG Rearrangement (Klonalität) <i>A-Post</i>

Liquid Biopsy Material: 3x cell-free DNA Collection Tube (bestellen im Labor: 031 632 03 09 oder e-mail)	
<input type="checkbox"/> MYD88 L265P <i>A-Post</i>	<input type="checkbox"/> Asservieren <i>A-Post</i>

FISH Material: CLL: 10 ml Heparin Blut / 5 ml Knochenmark	
Siehe separates Auftragsformular «Hämatologische Tumorzytogenetik», für FISH-Analysen wird ein separates Probenröhrchen benötigt.	

Autoinflammatorische Syndrome Material: 2 ml EDTA Blut	
<input type="checkbox"/> VEXAS* UBA1 Aminosäure 41 Mutationen <i>A-Post</i>	

Express 1) Freitag und Wochenende: Versand in 2 PAXgene Röhrchen (beim Myeloischen NGS Panel und Asservieren zusätzlich ein EDTA Röhrchen).
Express 2) Proben für das Multiple Myelom NGS Panel müssen bis spätestens Freitagmittag im Originalröhrchen im Labor eintreffen.

^d Die Analyse von konstitutionellen Mutationen unterliegt dem Gengesetz. Der zuweisende Arzt verpflichtet sich, das Einverständnis des Patienten eingeholt zu haben.
 Vorliegendes Material wird anonymisiert für allfällige Zusatzuntersuchungen, zur internen Q-Kontrolle oder zu Forschungszwecken im Zusammenhang mit der Erkrankung des Patienten verwendet und bis zu mehreren Jahren aufbewahrt. Der zuweisende Arzt ist verpflichtet, den Patienten zu informieren und sein Einverständnis dafür einzuholen.

^d Multiples Myelom NGS Panel	BRAF (Exone 11 und 15), CCND1, DIS3, EGR1, FGFR3, IDH1 (Exon 4), IDH2 (Exon 4), IRF4 (Exon 3), KRAS (Exone 2,3), MYD88 (L265P Mut), NRAS (Exone 2,3), PRDM1, TENT5C (FAM46C), TP53, TRAF3
^c CLL NGS Panel	ATM, BIRC3, BRAF, KRAS, NOTCH1, NRAS, SF3B1, TP53, PLCG2, BTK

ANFORDERUNG

Patient: Name, Vorname, Geburtsdatum, Geschlecht, Adresse

HEREDITÄRE ERKRANKUNGEN

Die Analyse von konstitutionellen Mutationen unterliegt dem Gengesetz. Der zuweisende Arzt verpflichtet sich, das Einverständnis des Patienten eingeholt zu haben. Bei Anforderung eines der folgenden Genpanels bitte die Einverständniserklärung und einen medizinischen Bericht oder detaillierte klinische Angaben beilegen.

Vorliegendes Material wird anonymisiert für allfällige Zusatzuntersuchungen, zur internen Q-Kontrolle oder zu Forschungszwecken im Zusammenhang mit der Erkrankung des Patienten verwendet und bis zu mehreren Jahren aufbewahrt. Der zuweisende Arzt ist verpflichtet, den Patienten zu informieren und sein Einverständnis dafür einzuholen.

Einverständniserklärung auf 5. Seite.

Die Zusammensetzung der Genpanels ist am Schluss der Seite aufgelistet.

Familiäre Neoplasien und zusätzliche Gene <i>Material: 10 ml EDTA Blut</i>					
<input type="checkbox"/>	Germline Panel myeloische Neoplasien	A-Post	<input type="checkbox"/>	Germline Panel hereditäre ALL/andere lymphatische Neoplasien	A-Post
<input type="checkbox"/>	PNH (PIGA)	A-Post	<input type="checkbox"/>	ALPS und assoziierte Gene	A-Post

Hämostase/Thrombozytopathien <i>Material: 10 ml EDTA Blut</i>					
<input type="checkbox"/>	Gerinnung und Fibrinolyse	A-Post	<input type="checkbox"/>	Thrombozytopenie/Thrombozytopathie	A-Post
<input type="checkbox"/>	Thrombophilien	A-Post	Thrombozytenzahl	<input type="checkbox"/> normal range: _____	
<input type="checkbox"/>	Thrombotische Mikroangiopathien (TMA)	A-Post		<input type="checkbox"/> vermindert range: _____	
			Thrombozytengrösse	<input type="checkbox"/> klein range: _____	
				<input type="checkbox"/> normal range: _____	
				<input type="checkbox"/> gross range: _____	
			Funktionelle Abklärung	<input type="checkbox"/> ohne Defekt	
				<input type="checkbox"/> mit Defekt: _____	

Hereditäre Zytopenien und Bone Marrow Failure <i>Material: 10 ml EDTA Blut</i>					
<input type="checkbox"/>	Fanconi Anämie	A-Post	<input type="checkbox"/>	Hereditäre Anämien	A-Post
<input type="checkbox"/>	Diamond-Blackfan Anämie	A-Post	<input type="checkbox"/>	Hereditäre Neutropenien	A-Post
<input type="checkbox"/>	MLPA für Diamond-Blackfan Anämie	A-Post	<input type="checkbox"/>	Telomerase Störungen (BMF)	A-Post

Erythrozytäre Störungen <i>Material: 10 ml EDTA Blut</i>					
<input type="checkbox"/>	Hämoglobinopathie	A-Post	<input type="checkbox"/>	Hereditäre Sphärozytose	A-Post
<input type="checkbox"/>	Porphyrie	A-Post	<input type="checkbox"/>	Hereditäre Polyglobulie	A-Post

Genpanels

Germline Panel myeloische Neoplasien	ANKRD26, CEBPA, DDX41, ETV6, GATA2, KRAS, MPL, PRF1, RUNX1, SAMD9, SAMD9L, SRP72, TP53
Germline Panel hereditäre ALL/andere lymphatische Neoplasien	ETV6, IKZF1, SH2B3, PAX5, TP53, FAS, FASLG, PRF1, UNC13D
ALPS und assoziierte Gene	CASP10, CASP8, CTLA4, CTSP1, CXCR4, FADD, FAS, FASLG, LRBA, NFKB1, PIK3CA, PIK3CD, PIK3R1, STAT3
Thrombozytopenie/Thrombozytopathie	ACTN1, ANKRD26, ANO6, AP3B1, BLOC1S3, CYCS, DTNBP1, ETV6, FERMT3, FLI1, FLNA, GATA1, GF11B, GGCX, GNE, GP1BA, GP1BB, GP6, GP9, HOXA11, HPS1, HPS3, HPS4, HPS5, HPS6, ITGA2, ITGA2B, ITGB3, LYST, MPL, MYH9, NBEA, NBEAL2, ORAI1, P2RY12, PLA2G4A, PLAU, RASGRP2, RBM8A, RUNX1, STIM1, STXBP2, TBXA2R, TBXAS1, THPO, TUBB1, VIPAS39, VPS33B
Gerinnung und Fibrinolyse	F10, F11, F12, F13A1, F13B, F2, F3, F5, F7, FGA, FGB, FGG, GGCX, HRG, LMAN1, MCFD2, SERPINE1, SERPINF2, VKORC1, VWF
Thrombophilien	PLAT, PLG, PROC, PROS1, SERPINC1, SERPIND1
Thrombotische Mikroangiopathien (TMA)	ADAMTS13, C3, CD46, CFB, CFH, CFHR1, CFHR2, CFHR3, CFHR5, CFI, DGKE, THBD
Fanconi Anämie	BRCA1, BRCA2, BRIP1, DDX11, ERCC4, ERCC6L2, ESCO2, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, LIG4, MAD2L2, NBN, NHEJ1, PALB2, RAD51, RAD51C, RFW3, SLX4, UBE2T, XRCC2
Diamond-Blackfan Anämie	ADA2, GATA1, RPL5, RPL11, RPL15, RPL26, RPL27, RPL35A, RPL36, RPS4X, RPS7, RPS10, RPS15, RPS17, RPS19, RPS24, RPS26, RPS27A
Telomerase Störungen (BMF)	ACD, CTC1, DKC1, NAF1, NHP2, NOP10, PARN, RTEL1, SRP72, TEP1, TERC, TERT, TIN2, USB1, WRAP53
Hereditäre Anämien	AMN, ATRX, CDAN1, CUBN, G6PD, GATA1, GPI, KCNA4, PGK1, PIEZO1, PKLR, SBDS, SEC23B, SLC11A2, SLC25A38, TCN2, TMPRSS6, TPI1
Hereditäre Neutropenien	AK2, CSF3R, CXCR4, ELANE/ELA2, G6PC3, GATA2, GF11, HAX1, JAGN1, LAMTOR2/MAPBPIP (p14), SAMD9, SAMD9L, SRP54, SRP72, VPS45, WAS
Hämoglobinopathie	HBA1, HBA2, HBB, HBD, HBG1, HBG2, HBQ1, HBZ
Porphyrie	ALAS2, FECH, HMBS, UROS
Hereditäre Sphärozytose	ANK1, EPB42, SLC4A1, SPTA1, SPTB
Hereditäre Polyglobulie	BHLHE41, BPGM, EGLN1, EGLN2, EGLN3, EPAS1, EPO, EPOR, GF11B, HBA1, HBA2, HBB, HIF1A, HIF1AN, HIF3A, JAK2, KDM6A, MPL, OS9, SH2B3, SLC30A10, VHL, ZNF197

Einverständniserklärung für genetische Untersuchungen

Hämatologische Molekulare Diagnostik UKH-HZL

Name: _____ Vorname: _____

Geburtsdatum: _____

Ich bestätige, dass ich im Rahmen einer genetischen Beratung über die verschiedenen Aspekte der genetischen Untersuchungsmethoden aufgeklärt wurde.

Ich gebe mein Einverständnis für die Durchführung folgender Analyse:

NGS Panel _____

Ihre Probe und die erhobenen Daten können auch für wissenschaftliche Zwecke verwendet werden.

Wenn Sie grundsätzlich mit der Teilnahme an einer wissenschaftlichen Studie einverstanden sind, können Sie dies hier kundtun. Wir werden Sie dann gegebenenfalls für die genaueren Angaben kontaktieren. Dieses grundsätzliche Interesse beinhaltet noch kein Einverständnis für die Teilnahme an einer konkreten wissenschaftlichen Studie.

Prinzipiell bin ich damit einverstanden, dass mein Untersuchungsmaterial und die erhobenen Daten anonymisiert für wissenschaftliche Zwecke verwendet werden können.

Ja Nein

Unterschrift: _____ Ort und Datum: _____

(Eltern / rechtlicher Vertreter wo nötig)

Aufklärender Arzt

Ich bestätige, die oben genannte(n) Person(en) gemäß dem geltenden Gendiagnostikgesetz (GUMG) über die genannte(n) genetische(n) Analyse(n) inklusive deren Einschränkungen aufgeklärt zu haben und die mir gestellten Fragen beantwortet zu haben.

Name: _____ Vorname: _____

Ort und Datum: _____ Stempel: