

Krankenkasse bzw. Kostenträger		
Name, Vorname		geb. am
Kostenträgerkennung	Versichertenr.	Status
Betriebsstättennr.	Arztnr.	Datum
Arztstempel		

Versichertenstatus:

Gesetzlich:

- stationär  
 § 116 b

Privat:

- ambulant  
 stationär  
 Wahlleistung



Institut für Humangenetik

Direktorin  
Prof. Dr. med. Nataliya Di Donato

OE 6300  
Carl-Neuberg-Str. 1  
30625 Hannover  
<https://www.mhh.de/humangenetik>



## Untersuchungsauftrag genetische Diagnostik hämatologischer Neoplasien

**Ansprechpartner:** PD Dr. med. Tim Ripperger, PhD Tel. 0511 – 532 3114, Fax 0511 – 532 4521

**Materialannahme:** Montag bis Freitag (8 bis 16 Uhr), Samstag (8 bis 12 Uhr),

**Untersuchungsmaterial:** Chromosomenanalyse: Heparin-Knochenmark, Heparin-Blut  
Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung: Heparin-Knochenmark, Heparin-Blut, ggf. ungefärbte Knochenmark- und Blutausstriche  
Mutationsanalysen, PCR: EDTA-Knochenmark, EDTA-Blut

**Versand:** möglichst mittels GO! Express bei Raumtemperatur innerhalb von 24h (Tel. Nr. 0511 – 515 184 100; Kundennummer: 176036)

**Material** (Achtung: Unbeschriftetes Material muss verworfen werden!):

- Heparin-Knochenmark       EDTA-Knochenmark       Knochenmark-Ausstriche x \_\_\_\_\_       anderes: \_\_\_\_\_  
 Heparin-Blut       EDTA-Blut       Blut-Ausstriche x \_\_\_\_\_

Datum der Materialentnahme: \_\_\_\_\_

**Untersuchung:**

- Chromosomenanalyse       FISH       Molekulargenetik  
 und/oder (Stufen-) Diagnostik nach Leitlinien / Empfehlungen der Fachgesellschaften

**Bemerkungen (z. B. Diagnose/Verdachtsdiagnose, Fragestellung):** Ergebnisse/Befunde von Voruntersuchungen (ggf. bitte in Kopie beilegen)

Studie: \_\_\_\_\_  
Studien-Nr.: \_\_\_\_\_

**Für Rückfragen/Befundmitteilungen bitte Ihre Telefonnummer hier eintragen:** \_\_\_\_\_, **ggf. Fax-Nr.:** \_\_\_\_\_

**Klinische Daten und Diagnose:**

- |   |   |  |   |
|---|---|--|---|
| <input type="checkbox"/> Verdacht auf             | <input type="checkbox"/> gesichert            | <b>Myeloisch:</b>                      | <b>Lymphatisch:</b>                       |
| <input type="checkbox"/> Erstdiagnose             |   | <input type="checkbox"/> AML           | <input type="checkbox"/> B-ALL            |
| <input type="checkbox"/> Verlauf                  | <input type="checkbox"/> Rezidiv              | <input type="checkbox"/> MDS           | <input type="checkbox"/> T-ALL            |
| <input type="checkbox"/> Vorbefund: _____         |   | <input type="checkbox"/> CMML          | <input type="checkbox"/> CLL              |
| <input type="checkbox"/> laufende Therapie: _____ |   | <input type="checkbox"/> CML           | <input type="checkbox"/> Lymphom          |
| <input type="checkbox"/> Transplantation          | <input type="checkbox"/> geschlechtsdifferent | <input type="checkbox"/> PV / ET / PMF | <input type="checkbox"/> MM / Plasmozytom |
|   |   | <input type="checkbox"/> andere: _____ | <input type="checkbox"/> andere: _____    |

**Differential-Blutbild:**

Leukozyten: _____/µl	Myeloblasten: _____%	Blasten: _____%	Monozyten: _____%
Hämoglobin: _____g/dl	Promyelozyten: _____%	Eosinophile: _____%	Basophile: _____%
Thrombozyten: _____/µl	Myelozyten: _____%	Stabkernige: _____%	
	Lymphozyten: _____%	Segmentkernige: _____%	

## Einverständniserklärung

**Einverständnis des Patienten/der Patientin/der gesetzlichen Vertretung** zur Aufbewahrung überschüssigen Untersuchungsmaterials sowie zur Verwendung seiner/ihrer Daten und Proben für Forschungszwecke:

Mit meiner Unterschrift bestätige ich unter Kenntnis meines Widerrufsrechtes\* mein Einverständnis mit

- der Aufbewahrung der relevanten Daten/Untersuchungsergebnisse über den gesetzlich vorgesehenen Zeitraum von 10 Jahren hinaus.
- der Aufbewahrung und Verwendung von überschüssigem Probenmaterial nach Abschluss der Untersuchungen zur Ergebniskontrolle, Qualitätssicherung, ggf. für neue Diagnostikmöglichkeiten, zur Lehre und zu wissenschaftlichen Zwecken.
- der Aufbewahrung von überschüssigem Probenmaterial und dessen Bestandteilen in der Biobank der MHH.
- der Datenweitergabe (ggf. zusammen mit wissenschaftlichen Kooperationspartnern) in verschlüsselter Form sowie der Publikation von Ergebnissen in anonymisierter Form im Rahmen von Forschungsprojekten.
- der Anforderung meiner Krankenunterlagen/Tumorgewebe durch Mitarbeitende der MHH bzw. des Ambulanzentrums der MHH GmbH (MVZ).
- Ich möchte klinisch relevante Forschungsergebnisse, die aus weiterführenden Analysen ggf. resultieren, mitgeteilt bekommen.

<b>X</b>		<b>X</b>
<b>Datum, Ort</b>	<b>Unterschrift Patient/in / ggf. gesetzliche Vertretung</b>	

<b>X</b>	<b>X</b>	<b>X</b>
<b>Datum, Ort</b>	<b>Name in Druckschrift</b>	<b>Unterschrift der/s verantwortlichen Ärztin/Arztes</b>

\* Die rechtliche Grundlage für die Datenverarbeitung findet sich in der Datenschutz-Grundordnung (DSGVO) in Artikel 15 bis 18 sowie 20 bis 21. Sie können im Rahmen der gesetzlichen Vorgaben Auskunft über die von Ihnen gespeicherten Daten verlangen. Ebenso können Sie eine Berichtigung falscher Daten, eine Übertragung der von Ihnen zur Verfügung gestellten Daten sowie eine Löschung der Daten oder Einschränkung ihrer Verarbeitung verlangen. Für die Ausübung dieser Rechte können Sie sich schriftlich an die folgende datenerhebende Stelle wenden: Prof. Dr. med. Nataliya Di Donato (Datenverantwortliche), Institut für Humangenetik, Medizinische Hochschule Hannover, Carl-Neuberg-Straße 1, 30625 Hannover.

Bei Anliegen zur Datenverarbeitung und zur Einhaltung des Datenschutzes können Sie sich auch schriftlich an den/die Datenschutzbeauftragte/n der MHH wenden: Datenschutzbeauftragte/r, Medizinische Hochschule Hannover, OE 0007, Carl-Neuberg-Straße 1, 30625 Hannover.

Weiterhin haben Sie das Recht, sich bei der Aufsichtsbehörde zu beschweren, wenn Sie der Ansicht sind, dass die Verarbeitung Ihrer personenbezogenen Daten nicht rechtmäßig erfolgt. Die Anschrift der für die MHH zuständigen Aufsichtsbehörde lautet: Der/Die Landesbeauftragte für den Datenschutz Niedersachsen, Prinzenstraße 5, 30159 Hannover.

Hinweis für Privatpatienten: Ich erteile hiermit die jederzeit widerrufliche Einwilligung, dass durch die MHH Behandlungsdaten und -unterlagen, auch soweit es sich hierbei um besondere personenbezogene Daten i. S. d. § 46 Nr. 13 Bundesdatenschutzgesetz (BDSG) bzw. Art. 4 Nr. 15 Datenschutzgrundverordnung (DSGVO) handelt, der damit beauftragten Abrechnungsstelle (unimed, Abrechnungsservice für Kliniken und Chefärzte GmbH, Michael-Uwer-Str. 17-19, 66687 Noswendel) ausschließlich zum Zwecke der Rechnungsstellung und des Inkassos zur Verfügung gestellt werden. Insoweit entbinde ich die MHH ausdrücklich von Ihrer Pflicht zur Verschwiegenheit.

**Untersuchungsauftrag zytogenetische/molekulargenetische Analysen für myeloische Neoplasien:**

<b>Akute myeloische Leukämie (AML)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (AML Panel nach ELN 2022 (Döhner et al., Blood, 2022)): <i>ANKRD26, ASXL1, BCOR, BCORL1, BRAF, CBL, CEBPA, CSF3R, DDX41, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PPM1D, PTPN11, RAD21, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2</i> <input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch (RNA-Panel-Sequenzierung)	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH <input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch (PCR) <input type="checkbox"/> <i>AML1-ETO</i> t(8;21) (qualitativ) <input type="checkbox"/> <i>PML-RARA</i> t(15;17) (qualitativ) <input type="checkbox"/> <i>CBFB-MYH11</i> inv(16) (qualitativ)
<b>Myelodysplastisches Syndrom (MDS)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (IPSS-M Panel angepasst an Bernard et al., NEJM Evidence, 2022; <a href="https://mds-risk-model.com/">https://mds-risk-model.com/</a> ): <i>ASXL1, BCOR, BCORL1, CBL, CEBPA, DNMT3A, DDX41, ETNK1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA2, GNB1, IDH1, IDH2, KMT2A, KRAS, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PPM1D, PRPF8, PTPN11, RUNX1, SETB1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Kindliche/s AML/MDS</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ANKRD26, ASXL1, ASXL2, BCOR, BCORL1, BRAF, CBL, CDKN2A, CEBPA, CUX1, DDX41, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, GNAS, IDH1, IDH2, IKZF1, JAK2, KIT, KRAS, NF1, NFE2, NPM1, NRAS, PHF6, PIGA, PRPF8, PTEN, PTPN11, RAD21, RUNX1, SAMD9, SAMD9L, SETBP1, SF3B1, SMC1A, SMC3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Aplastische Anämie (AA)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ASXL1, BCOR, BCORL1, DNMT3A, PIGA</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Chronisch myelomonozytäre Leukämie (CMML)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (Prognosepanel und Nachweis charakteristischer Klonalitätsmarker angepasst an Patnaik et al., AJH, 2022 und WHO 2022): <i>ASXL1, BCOR, CBL, DNMT3A, EZH2, FLT3, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KRAS, NF1, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, TET2, TP53, U2AF1, ZRSR2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Chronisch myeloische Leukämie (CML)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>BCR::ABL1</i> -Mutation bei TKI-Resistenz	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH <input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch <input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL1</i> t(9;22) (quantitativ; bei Erstdiagnose auch qualitativ)
<b>Polyzythämie vera (PV)/ Essentielle Thrombozythämie (ET)/ Primäre Myelofibrose (PMF)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>JAK2</i> V617F <input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>CALR, JAK2, MPL</i> <input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (Prognose-Panel angepasst an Tefferi et al., AJH, 2020): <i>ASXL1, CALR, CBL, EZH2, HRAS, IDH1, IDH2, JAK2, KRAS, MPL, NRAS, RUNX1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, TET2, TP53, U2AF1</i> <input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (Triple-negativ Panel ( <i>JAK2, CALR, MPL</i> negativ): Prognose-Panel und Nachweis charakteristischer Klonalitätsmarker): <i>ASXL1, BCOR, BCORL1, CBL, CEBPA, DNMT3A, EZH2, HRAS, IDH1, IDH2, IKZF1, KIT, KRAS, NRAS, RUNX1, SF3B1, SH2B3, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, ZRSR2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH <input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch: <i>BCR::ABL1</i> t(9;22); z.A.
<b>MDS/MPN mit Neutrophilie (früher: atypische CML)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ASXL1, CBL, CSF3R, ETNK1, SETBP1</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Chronische Neutrophilenleukämie (CNL)</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ASXL1, CALR, CBL, CSF3R, JAK2, NRAS, SETBP1, SRSF2, TET2, U2AF1</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH <input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch: <i>BCR-ABL1</i> t(9;22); z.A.
<b>Myeloische und lymphastische Neoplasie mit Eosinophilie</b>	
<input type="checkbox"/> Nachweis von Fusionsgenen molekulargenetisch (RNA-Panel-Sequenzierung): u.a. <i>PDGFRA, PDGFRB, FGFR1, JAK2, ETV6</i> <input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ASXL1, DNMT3A, JAK2, KIT, SRSF2, STAT5B, TET2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
<b>Mastozytose</b>	
<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse (Diagnostisches Panel nach Muñoz-Gonzalez et al., Blood, 2019 und Schwaab et al., Blood, 2014): <i>ASXL1, CBL, DNMT3A, EZH2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, NRAS, RUNX1, SF3B1, SRSF2, TET2, U2AF1</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse

**Untersuchungsauftrag zytogenetische/molekulargenetische Analysen für lymphatische Neoplasien:**

**Akute lymphatische Leukämie (ALL), B-Zell-Reihe**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <input type="checkbox"/> <i>ABL1</i> -Kinasedomäne bei TKI-Resistenz (BCR-ABL1 pos ALL) <input type="checkbox"/> <i>FLT3, IKZF1, I17R, JAK1, JAK2, KRAS, NF1, NRAS, NSD2, PAX5, PTPN11, RB1, TP53</i> <input type="checkbox"/> molekulargenetischer Nachweis von bekannten Fusionsgenen <input type="checkbox"/> <i>BCR-ABL1</i> t(9;22) (qualitativ und quantitativ) <input type="checkbox"/> <i>ETV6-RUNX1</i> t(12;21) (qualitativ) <input type="checkbox"/> <i>KMT2A-AF4</i> t(4;11) (qualitativ) <input type="checkbox"/> Detektion von Fusionstranskripten mittels RNA-Panel-Sequenzierung	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH <input type="checkbox"/> genetische Referenzdiagnostik AIEOP-BFM-ALL (Erstdiagnose) <input type="checkbox"/> genetische Referenzdiagnostik ALLTogether1-Studie (Erstdiagnose)
--	--

**Akute lymphatische Leukämie (ALL), T-Zell-Reihe**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>DNM2, DNMT3A, EED, EZH2, FBXW7, FLT3, H3F3A, IDH1, IDH2, IL7R, JAK1, KDM6A, KRAS, NOTCH1, NRAS, PHF6, PTEN, PTPN11, RUNX1, SETD2, SUZ12, TET2</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
--	--

**Chronische lymphatische Leukämie (B-CLL)**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <input type="checkbox"/> <i>BCL2, BTK, PLCG2</i> bei Ibrutinib-Resistenz <input type="checkbox"/> <i>ATM, BIRC3, BRAF, CHD2, DDX3X, EGR2, FBXW7, IGLL5, IKZF3, KRAS, MYD88, NOTCH1, POT1, RPS15, SF3B1, TP53, XPO1</i> <input type="checkbox"/> IgVH-Mutationsstatus	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH
--	--

**Non-Hodgkin-Lymphom (NHL), B-Zell-Reihe**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <input type="checkbox"/> Follikuläres Lymphom (FL): <i>ARID1A, BCL2, BTK, CREBBP, CARD11, EP300, EZH2, FOXO1, KMT2D, MEF2B, NOTCH1, NOTCH2, STAT6, TNFRSF14, TP53</i> <input type="checkbox"/> Mantelzell Lymphom (MCL): <i>ATM, BIRC3, CARD11, CCND1, CDKN2A, KMT2D, NOTCH1, NOTCH2, NSD2, SMARCA4, TP53, UBR5</i> <input type="checkbox"/> Marginalzonenlymphom (MZL): <i>BIRC3, CARD11, KLF2, KMT2D, MYD88, NOTCH2, TET2, TNFAIP3, TNFRSF14, TP53, TRAF3</i> <input type="checkbox"/> Diffus-großzelliges B-Zell-Lymphom (DLBCL): <i>B2M, CARD11, CD58, CD79A, CD79B, CREBBP, EZH2, FOXO1, GNA13, KMT2D, MEF2B, MYD88, PRDM1, PTPN1, SGK1, SOCS1, STAT6, TNFRSF14, TP53</i> <input type="checkbox"/> Burkitt Lymphom (BL): <i>ARID1A, CCND3, ID3, MYC, RHOA, SMARCA4, TCF3, TP53</i>	<input type="checkbox"/> FISH an Ausstrichpräparaten bei (V.a.) Knochenmarkinfiltration durch ein <input type="checkbox"/> Follikuläres Lymphom (FL) <input type="checkbox"/> Mantelzell Lymphom (MCL) <input type="checkbox"/> Marginalzonenlymphom (MZL) <input type="checkbox"/> Diffus-großzelliges B-Zell-Lymphom (DLBCL) <input type="checkbox"/> Burkitt Lymphom (BL)  <input type="checkbox"/> Sonstiges: _____  Wenn möglich bitte (molekular)pathologische Befunde des Lymphknotens mitsenden
---	--

**Non-Hodgkin-Lymphom (NHL), T-Zell Reihe**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ATM, BCOR, EZH2, FLT3, FOXP1, IL2RG, JAK1, JAK3, SAMHD1, STAT3, STAT5B, TET2, TNFAIP3</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse und FISH  <input type="checkbox"/> Sonstiges: _____
--	---

**Multiplres Myelom (MM) / Plasmozytom / Morbus Waldenström**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>ARID1A, BRAF, CD79B, CXCR4, DIS3, FAM46C, IRF4, KMT2D, KRAS, MYD88, NRAS, PRDM1, RB1, STAT3, TP53, TRAF3</i>	<input type="checkbox"/> FISH an CD138-positiven Zellen <input type="checkbox"/> IgM <input type="checkbox"/> IgA <input type="checkbox"/> IgG <input type="checkbox"/> Sonstiges: _____
---	--

**Haarzelleukämie**

<input type="checkbox"/> Mutationsanalyse: <i>BRAF, KLF2, MAP2K1</i>	<input type="checkbox"/> Chromosomenanalyse
---	---