



Patientendaten ggf. -Aufkleber

Name _____
 Vorname _____ Geb.-Datum _____
 Straße _____
 PLZ/Ort _____
 Kostenträger _____
 Geschlecht weiblich männlich
 Infektiös
 Ethnizität /Herkunft _____

Anforderungsschein für Laborleistungen

Befund an **verantwortliche ärztliche Person** (gemäß GenDG)
 Adresse _____
 Tel. _____ Fax _____

Fragestellung diagnostisch prädiktiv vorgeburtlich

Material _____ Entnahmedatum _____

Indikation - Diagnose/Verdachtsdiagnose:

Indexfall in der Familie bekannt? Ja Nein

Molekulargenetische Vorbefunde _____

Bitte unbedingt ankreuzen!

- KV (Ü-Schein Nr. 10 erforderlich, EBM) Selbstzahler (GOÄ)
 Rechnung an Einsender (GOÄ) §116b (EBM)

Diese Untersuchungen werden bei gesetzlich Versicherten nach Ziffern aus dem Kapitel 11 des EBM abgerechnet. Diese belasten das Laborbudget nicht. Bitte beachten Sie die Angabe der Ausnahmekennziffer auf dem Ü-Schein Nr. 10.

Kostenübernahmeerklärung bei privater Versicherung

Bitte klären Sie mit Ihrem Versicherer die Kostenübernahme für die molekulargenetischen Analysen. Ohne Klärung der Kostenübernahme kann nicht mit der Untersuchung begonnen werden.

Arrhythmogene Erkrankungen

Material: (5)-10 ml EDTA-Blut (geringere Mengen, DNA nach Rücksprache), Transport bei Raumtemperatur

Indikation/Auftrag zur Untersuchung (bitte ankreuzen), weitere Angaben gemäß KBV empfohlen (s. Rückseite).

Bei privat versicherten Personen sollte eine Kostenzusage der Krankenkasse vorliegen. Hierfür erstellen wir gerne einen Kostenvoranschlag.

- | | |
|--|--|
| <p><input type="checkbox"/> Long-QT-Syndrom (LQTS)
 <i>KCNQ1, KCNH2, SCN5A, KCNE1, KCNJ2, CACNA1C, CALM1, CALM2, CALM3, TRDN</i></p> <p>MLPA Deletions- / Duplikationsdiagnostik
 <i>KCNQ1, KCNH2, KCNE1, KCNE2, CLCN1, KCNJ2</i></p> <p><input type="checkbox"/> Brugada-Syndrom (BrS) / J-Wave Syndrom
 <i>SCN5A, CACNA1C, CACNB2</i></p> <p>MLPA Deletions- / Duplikationsdiagnostik
 <i>SCN5A</i></p> <p><input type="checkbox"/> Catecholaminerge polymorphe ventrikuläre Tachykardie (CPVT)
 <i>CALM1, CALM2, CALM3, RYR2, CASQ2, KCNJ2, TRDN, TECRL</i></p> <p>MLPA Deletions- / Duplikationsdiagnostik
 <i>RYR2</i></p> <p><input type="checkbox"/> Short-QT-Syndrom (SQTS)
 <i>CACNA1C, CACNA2D1, CACNB2, KCNH2, KCNJ2, KCNQ1</i></p> <p><input type="checkbox"/> Andersen-Tawil-Syndrom (ATS)
 <i>KCNJ2</i></p> <p><input type="checkbox"/> Morbus Fabry
 <i>GLA</i></p> <p><input type="checkbox"/> Plötzlicher Herztod (Untersuchung nach Rücksprache)</p> <p><input type="checkbox"/> Befundauswertung <small>Powered by</small> healthincode</p> | <p><input type="checkbox"/> Arrhythmogene rechtsventrikuläre Kardiomyopathie (ARVC)
 <i>PKP2, DSC2, DSP, DSG2, JUP, SCN5A</i></p> <p>MLPA Deletions- / Duplikationsdiagnostik
 <i>PKP2, DSG2, DSC2, JUP, DSP, TGFβ3, RYR2</i></p> <p><input type="checkbox"/> Arrhythmogene Kardiomyopathie (ACM/AVC)
 <i>DSP, LMNA, PLN, RBM20, DES, SCN5A, TMEM43</i></p> <p><input type="checkbox"/> Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM/HOCM)
 <i>MYH7, MYBPC3, TNNT2, TNNI3, ACTC1, ACTN2, ANKRD1, CSRP3, GLA, FLNC, FXN, JPH2, LAMP2, MYL2, MYL3, PLN, PRKAG2, PTPN11, SLC25A4, TCAP, TNNC1, TPM1, TTR</i></p> <p><input type="checkbox"/> Dilatative Kardiomyopathie (DCM)
 <i>LMNA, MYH7, MYBPC3, TNNT2, TNNI3, SCN5A, ACTC1, BAG3, DES, DSP, FLNC, JPH2, NEXN, PLN, RBM20, TNNC1, TPM1, TTN, VCL</i></p> <p><input type="checkbox"/> Non-Compaction Kardiomyopathie (NCCM)
 <i>ACTC1, CASQ2, DSP, HCN4, LDB3, LMNA, MYBPC3, MYH7, MYL2, PRDM16, RBM20, TAZ, TBX20, TNNI3, TNNT2, TPM1, TTN</i></p> <p><input type="checkbox"/> Restriktive Kardiomyopathie (RCM)
 <i>ACTC1, DES, FHL1, FLNC, GLA, MYBPC3, MYH7, MYL2, TNNI3, TNNT2, TPM1, TTR</i></p> <p><input type="checkbox"/> Target-Diagnostik
 bei bereits bekannter Sequenzvariante in der Familie
 Gen und Variante: _____</p> |
|--|--|

Die Einwilligungserklärung des o. g. Patienten nach Gendiagnostikgesetz zur angeforderten genetischen Untersuchung liegt mir vor.
(Bitte Kopie beilegen)

Ort, Datum _____ Stempel und Unterschrift des Arztes _____

Klinische Informationen / Laborwerte / molekulargenetische Vorbefunde

(Angaben bei Anforderung von Diagnostik empfohlen)

Bitte molekulargenetische Vorbefunde in Bezug zur Fragestellung und Arztbriefe in Kopie beifügen:

Zur Plausibilitätskontrolle ist eine möglichst gute Beschreibung des klinischen Bildes notwendig.

Alle detektierten genetischen Varianten werden nach dem aktuellen Kenntnisstand entsprechend bewertet. Die Indikation sowie klinischen Angaben zum Patienten und ggf. vorhandene Vorbefunde sind hierfür sehr wichtig. Eine Indikation muss daher angegeben sein, damit eine entsprechende indikationsbezogene Wertung vorgenommen werden kann.

Kardiale Symptomatik:

- Synkopen
- überlebter plötzlicher Herzstillstand
- auffällige Familienanamnese

Kardiomyopathie:

- Hypertrophe Kardiomyopathie.
Ventrikuläre Septumdicke:.....mm
- Dilatative Kardiomyopathie.
LV-EF.....%
- Arrhythmogene rechtsventrikuläre Kardiomyopathie
- Arrhythmogene (links- oder biventrikuläre) Kardiomyopathie
- Non-Compaction-Kardiomyopathie

EKG Auffälligkeiten (bitte Kopie beilegen)

- QTc-Intervall-Verlängerung: _____ms
- Torsades de Pointes-Tachykardie
- Brugada Typ1-EKG
- Stress-induzierte polymorphe VT
- T-Wellen-Negativierungen in den
Ableitungen.....
- Epsilonpotential
- Rechtsschenkelblock
- Linksschenkelblock
- gehäufte ventrikuläre Extrasystolen:
 monomorph polymorph
- AV-Block, bitte ggf. Angabe des Grads

Stammbaum mit klinischen Angaben: Indexfall in der Familie bekannt?

Möglicherweise liegen bereits Untersuchungsergebnisse von betroffenen Familienangehörigen vor. Durch Kenntnis in der Familie bekannter Sequenzvarianten reduzieren sich Untersuchungsaufwand und Kosten. **Bitte Befunde beifügen.**

Methoden:

NGS, PCR, Sanger-Sequenzierung, MLPA Deletions- / Duplikationsdiagnostik