



**GENÉTICA:
ÁREA DE ENFERMEDADES
ONCOLÓGICAS
(TUMORES SÓLIDOS)**

FECHA DE OBTENCIÓN

CÓDIGO MUESTRA

NÚMERO BIOPSIA

A RELLENAR POR EL PETICIONARIO

FECHA DE RECEPCIÓN

ID PACIENTE

NÚMERO DE PETICIÓN

A RELLENAR POR CIMA LAB DIAGNOSTICS

SOLICITUD DE ANÁLISIS GENÉTICO

DATOS DEL PACIENTE

APELLIDOS:	<input type="text"/>	ETIQUETA OPCIONAL
NOMBRE:	<input type="text"/>	
FECHA DE NACIMIENTO:	SEXO: <input type="checkbox"/> HOMBRE <input type="checkbox"/> MUJER	
Nº REFERENCIA EXTERNO:	<input type="text"/>	

DATOS DEL PETICIONARIO

HOSPITAL:	<input type="text"/>
DR./DRA.:	<input type="text"/>
UNIDAD/SERVICIO:	<input type="text"/>
EMAIL:	<input type="text"/>
DIRECCIÓN:	<input type="text"/>
CIUDAD:	<input type="text"/>
TELÉFONO:	CIF: <input type="text"/>

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS RELEVANTES PARA EL ESTUDIO (datos clínicos, posible diagnóstico, etc.)

DATOS DE LA MUESTRA: TUMORES SÓLIDOS

TIPO DE MUESTRA: TEJIDO TUMORAL PARAFINADO TEJIDO TUMORAL FRESCO EXTENSIÓN
 OTROS (especificar)

OBSERVACIONES SOBRE LA MUESTRA:

DATOS DEL ESTUDIO GENÉTICO SOLICITADO (cartera de pruebas en el reverso)

ESTUDIO SOLICITADO:

MUTACIÓN FAMILIAR (SI PROCEDE):

DECLARACIÓN DE EXISTENCIA DEL CONSENTIMIENTO INFORMADO

Declaro que el paciente identificado en esta solicitud conoce los datos incluidos en la misma y ha firmado el consentimiento informado para la realización de este estudio genético y que éste ha sido incluido en su historia clínica.

Firma del facultativo:

Fecha:

DECLARACIÓN DE BIOBANCO

Se adjunta hoja de consentimiento para la donación de datos y muestras para su uso en investigación:

SÍ NO

(Enviar sólo la tercera página del consentimiento informado de donación de datos y muestras)

Todos los datos de carácter personal que aparecen en este formulario, así como los resultados de los análisis, quedarán archivados en un fichero bajo la responsabilidad de CIMA LAB Diagnostics. De conformidad con la legislación vigente, todas las personas reseñadas en este documento podrán ejercer su derecho de oposición, acceso, rectificación y cancelación, mediante correo electrónico a la siguiente dirección: cimalabdiagnostics@unav.es

CONTACTO:

Dra. Ana Patiño García

apatigar@unav.es

T. +34 948 255 400

Ext. 82 4257

Dr. Gorka Alkorta-Aranburu

galkorta@unav.es

T. +34 948 194 700

Ext. 80 3974

ENVIAR A:

CIMA LAB Diagnostics - Unidad de Genómica (Laboratorio 1.05)

EDIFICIO CIMA, Centro de Investigación Médica Aplicada

Avda. Pío XII, 55 / E-31008, Pamplona-Navarra (España)

cimalabdiagnostics@unav.es / www.cimalabdiagnostics.es

GENÉTICA: ÁREA DE TUMORES SÓLIDOS

CATÁLOGO DE PRUEBAS: Curso 2018-2019 / PLAZO DE ENTREGA: días hábiles

Biomarcadores en Biopsia Sólida. Genética Molecular (tejido incluido en parafina, tejido fresco, citología)	Técnica	Plazo
<p>1 Panel de NGS para la identificación de biomarcadores con validez clínica en tumores sólidos. Mutaciones, cambio de copias y reordenamientos en 161 genes con valor clínico:</p> <ul style="list-style-type: none"> Mutaciones puntuales en hotspots: <i>AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, ARAF, AXL, BRAF, BTK, CBL, CCND1, CDK4, CDK6, CHEK2, CSF1R, CTNNA1, DDR2, EGFR, ERBB3, ERBB2, ERBB4, ERCC2, ESR1, EZH2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, FOXL2, GATA2, GNA11, GNAQ, GNAS, H3F3A, HIST1H3B, HNF1A, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KDR, KIT, KNSTRN, KRAS, MAGOH, MAP2K1, MAP2K2, MAP2K4, MAPK1, MAX, MDM4, MED12, MET, MTOR, MYC, MYCN, MYD88, NFE2L2, NRAS, NTRK1, NTRK2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3CB, PPP2R1A, PTPN11, RAC1, RAF1, RET, RHEB, RHOA, ROS1, SF3B1, SMAD4, SMO, SPOP, SRC, STAT3, TERT, TOP1, U2AF1 y XPO1.</i> Estudio de la secuencia codificante completa de: <i>ARID1A, ATM, ATR, ATRX, BAP1, BRCA1, BRCA2, CDK12, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CHEK1, CREBBP, FANCA, FANCD2, FANCI, FBXW7, MLH1, MRE11A, MSH2, MSH6, NBN, NF1, NF2, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, PALB2, PIK3R1, PMS2, POLE, PTCH1, PTEN, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RB1, RNF43, SETD2, SLX4, SMARCA4, SMARCB1, STK11, TP53, TSC1 y TSC2.</i> Cambios de copias (CNVs) en los siguientes genes: <i>AKT1, AKT2, AKT3, ALK, AR, AXL, BRAF, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CDK2, CDK4, CDK6, CDKN2A, CDKN2B, EGFR, ERBB2, ESR1, FGF19, FGF3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, IGF1R, KIT, KRAS, MDM2, MDM4, MET, MYC, MYCL, MYCN, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3CB, PPARG, RICTOR, TERT, TSC1 y TSC2.</i> Reordenamientos (traslocaciones/fusiones) en los siguientes genes: <i>ALK, AXL, BRAF, EGFR, ERBB2, ERG, ETV1, ETV4, ETV5, FGFR1, FGFR2, FGFR3, NTRK1, NTRK3, PDGFRA, PPARG, RAF1, RET, ROS1, AKT2, AR, BRCA1, BRCA2, CDKN2A, ERBB4, ESR1, FGR, FLT3, JAK2, KRAS, MDM4, MET, MYB, MYBL1, NF1, NOTCH1, NOTCH4, NRG1, NTRK2, NUTM1, PDGFRB, PIK3CA, PRKACA, PRKACB, PTEN, RAD51B, RB1, RELA, RSPO2, RSPO3 y TERT.</i> 	Next Generation Sequencing	15 días
<p>2 Panel de NGS para la identificación de biomarcadores con validez clínica en tumores pediátricos, sarcomas y neoplasias hematológicas. Mutaciones, cambio de copias y reordenamientos en 202 genes con valor clínico:</p> <ul style="list-style-type: none"> Mutaciones puntuales en hotspots: <i>ABL1, ABL2, ALK, ACVR1, AKT1, ASXL1, ASXL2, BRAF, CALR, CBL, CCND3, CCR5, CDK4, CIC, CREBBP, CRLF2, CSF1R, CSF3R, CTNNA1, DAXX, DNMT3A, EGFR, EP300, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, EZH2, FASLG, FBXW7, FGFR2, FGFR3, FLT3, GATA2, GNAQ, H3F3A, HDAC9, HIST1H3B, HRAS, IDH1, IDH2, IL7R, JAK1, JAK2, JAK3, KDM4C, KDR, KIT, KRAS, MAP2K1, MET, MPL, MSH6, MTOR, NCOR2, NOTCH1, NPM1, NRAS, NT5C2, PAX5, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3R1, PPM1D, PTPN11, RAF1, RET, RHOA, SETBP1, SETD2, SH2B3, SH2D1A, SMO, STAT3, STAT5B, TERT, TPMT, USP7 y ZMYM3.</i> Estudio de la secuencia codificante completa de: <i>APC, ARID1A, ARID1B, ATRX, CDKN2A, CDKN2B, CEBPA, CHD7, CRLF1, DDX3X, DICER1, EBF1, EED, FAS, GATA1, GATA3, GNA13, ID3, IKZF1, KDM6A, KMT2D, MYOD1, NF1, NF2, PHF6, PRPS1, PTCH1, PTEN, RB1, RUNX1, SMARCA4, SMARCB1, SOCS2, SUFU, SUZ12, TCF3, TET2, TP53, TSC1, TSC2, WHSC1, WT1 y XIAP.</i> Cambios de copias (CNVs) en los siguientes genes: <i>ALK, BRAF, CCND1, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, ERBB3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, GLI1, GLI2, IGF1R, KIT, KRAS, MDM2, MDM4, MET, MYC, MYCN, PDGFRA y PIK3CA.</i> Reordenamientos (traslocaciones/fusiones) en los siguientes genes: <i>ABL1, ABL2, ALK, BCL11B, BCOR, BCR, BRAF, CAMTA1, CCND1, CIC, CREBBP, CRLF2, CSF1R, DUSP22, EGFR, ETV6, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLT3, FOSB, FUS, GLI1, GLIS2, HMG2, JAK2, KAT6A, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, LMO2, MAML2, MAN2B1, MECOM, MEF2B, MET, MKL1, MLLT10, MN1, MYB, MYBL1, MYH11, MYH9, NCOA2, NCOR1, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH4, NPM1, NR4A3, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUP214, NUP98, NUTM1, NUTM2B, PAX3, PAX5, PAX7, PDGFB, PDGFRA, PDGFRB, PLAG1, RAF1, RANBP17, RECK, RELA, RET, ROS1, RUNX1, SS18, SSBP2, STAG2, STAT6, TAL1, TCF3, TFE3, TP63, TSLP, TSPAN4, UBTX, USP6, WHSC1, YAP1, ZMYND11 y ZNF384.</i> Cambios en la expresión de los siguientes genes: <i>BCL2, BCL6, FGFR1, FGFR4, IGF1R, MET, MYCN, MYC y TOP2A.</i> 	Next Generation Sequencing	15 días

CONTACTO:

Dra. Ana Patiño García
apatigar@unav.es
 T. +34 948 255 400
 Ext. 82 4257

Dr. Gorka Alkorta-Aranburu
galkorta@unav.es
 T. +34 948 194 700
 Ext. 80 3974

CIMA LAB Diagnostics - Unidad de Genómica (Laboratorio 1.05)
EDIFICIO CIMA, Centro de Investigación Médica Aplicada
 Avda. Pío XII, 55 / E-31008, Pamplona-Navarra (España)
cimalabdiagnostics@unav.es / www.cimalabdiagnostics.es



GENÉTICA: ÁREA DE TUMORES SÓLIDOS

Biomarcadores en Biopsia Sólida. Genética Molecular (tejido incluido en parafina, tejido fresco, citología)	Técnica	Plazo
3 Panel de NGS para la detección de mutaciones en <i>BRAF</i> (codón 600), <i>KRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146), <i>NRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146) y <i>EGFR</i> (exones 18, 19, 20 y 21)	Next Generation Sequencing	15 días
4 Panel de NGS Tumor Mutational Burden (TMB) para la detección de mutaciones somáticas en 1.7 Mb de ADN, proporcionando información de la carga mutacional del tumor	Next Generation Sequencing	15 días
5 Panel de NGS para la detección de mutaciones y CNVs en región codificante completa de <i>BRCA1</i> y <i>BRCA2</i>: sensibilidad a inhibidores de PARP	Next Generation Sequencing	15 días
6 Panel de NGS para la detección de mutaciones y CNVs en región codificante completa de 20 genes de la vía Sonic Hedgehog (SHH): <i>ABCB1, ABCG2, BCL2, CCND1, CDK4, CDK6, CDKN2A, DHH, GLI1, GLI2, GLI3, GSK3B, HHIP, IHH, PIK3CA, PTCH1, PTCH2, SHH, SMO, SNAI1, SNAI2, SUFU</i> y <i>TP53</i> . (Consultar tipo de muestra requerida con el laboratorio)	Next Generation Sequencing	15 días
7 Mutaciones <i>BRAF</i> (codón 600)	PCR tiempo real	5 días
8 Mutaciones <i>KRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146)	PCR tiempo real	5 días
9 Mutaciones <i>NRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146)	PCR tiempo real	5 días
10 Mutaciones <i>EGFR</i> (exones 18, 19, 20 y 21)	PCR tiempo real	5 días
11 Mutaciones <i>c-KIT</i> (exones 9, 11, 13 y 17)	Next Generation Sequencing	15 días
12 Mutaciones <i>IDH1</i> e <i>IDH2</i> (exón 4)	Next Generation Sequencing	15 días
13 Mutaciones <i>PDGFRA</i> (exones 10, 12, 14 y 18)	Next Generation Sequencing	15 días
14 Mutaciones <i>PIK3CA</i> (exones 9 y 20)	Next Generation Sequencing	15 días
15 Mutación Histona 3 (mutación gen <i>H3F3A</i> p.K27, p.G34) e Histona 1 (mutación gen <i>HIST1H3B</i> p.K27)	Next Generation Sequencing	15 días
16 Metilación del promotor de <i>MGMT</i>	Pirosecuenciación	10 días
17 Metilación del promotor de <i>MLH1</i>	Pirosecuenciación	10 días
18 Inestabilidad de microsatélites (MSI), panel de Bethesda para Síndrome de Lynch/CCHNP	Análisis de fragmentos	10 días
19 LOH 10q23 (región <i>PTEN</i>)	Análisis de fragmentos	10 días
20 LOH 1p y 19q	Análisis de fragmentos	10 días

Biomarcadores en Biopsia Líquida (10 ml de sangre periférica en EDTA)	Técnica	Plazo
21 Panel de NGS para la identificación de biomarcadores con validez clínica en biopsia líquida. Mutaciones, amplificaciones y reordenamientos en 52 genes con valor clínico: <ul style="list-style-type: none"> • Mutaciones puntuales en hotspots: <i>AKT1, ALK, AR, ARAF, BRAF, CHEK2, CTNNA1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ESRI, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FLT3, GNA11, GNAQ, GNAS, HRAS, IDH1, IDH2, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, NTRK1, NTRK3, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1, SF3B1, SMAD4</i> y <i>SMO</i>. • Cambios de copias/amplificación (CNVs) en los siguientes genes: <i>CCND1, CCND2, CCND3, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET</i> y <i>MYC</i>. • Reordenamientos (traslocaciones/fusiones) en los siguientes genes: <i>ALK, BRAF, ERG, ETV1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, NTRK1, NTRK3, RET</i> y <i>ROS1</i>. • MET exón 14 skipping • Genes supresores de tumores: <i>APC, FBXW7, PTEN</i> y <i>TP53</i>. 	Next Generation Sequencing	15 días
22 Panel de NGS para la detección de mutaciones en <i>BRAF</i> (codón 600), <i>KRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146), <i>NRAS</i> (codones 12, 13, 59, 61, 117 y 146) y <i>EGFR</i> (exones 18, 19, 20 y 21)	Next Generation Sequencing	15 días
23 Mutación p.V600E del gen <i>BRAF</i> en ADN circulante	ddPCR (Digital droplet PCR)	10 días
24 Mutación p.T790M del gen <i>EGFR</i> en ADN circulante	ddPCR (Digital droplet PCR)	10 días
25 Mutación p.L858R del gen <i>EGFR</i> en ADN circulante	ddPCR (Digital droplet PCR)	10 días

CONTACTO:

Dra. Ana Patiño García
apatigar@unav.es
T. +34 948 255 400
Ext. 82 4257

Dr. Gorka Alkorta-Aranburu
galkorta@unav.es
T. +34 948 194 700
Ext. 80 3974

CIMA LAB Diagnostics - Unidad de Genómica (Laboratorio 1.05)
EDIFICIO CIMA, Centro de Investigación Médica Aplicada
Avda. Pío XII, 55 / E-31008, Pamplona-Navarra (España)
cimalabdiagnostics@unav.es / www.cimalabdiagnostics.es