

### Laboratorio Biología Aplicada a la Salud

**Datos paciente: NHC:** 00022 **Nº biopsia:** 22B00022-A2 **Fecha:** 24-mar-2023 1 de 3

### Tipo de cáncer de la muestra: Carcinoma pulmonar no microcítico

#### Resultados del informe

- 1 Biomarcadores relevantes
- 1 Tratamientos disponibles
- 5 Ensayos clínicos

### **Biomarcadores relevantes**

Nivel	Alteración genómica	Tratamientos relevantes (En este tipo de cáncer)	Tratamientos relevantes (En otro tipo de cáncer)	Ensayos clínicos
IIC	KRAS p.(G12V) c.35G>T	Ninguno	bevacizumab + chemotherapy	5
	KRAS proto-oncogene, GTPase			
	Frecuencia de alelo: 66.50%			

Fuentes de datos públicos incluidas en tratamientos pertinentes: FDA1, NCCN, EMA2, ESMO

### **Detalles de la variante**

Variantes de secuencia de ADN								
Cambio de aminoácidos	Codificación	Exón	Frecuencia de alelo	Locus	Transcripto	ID de la variante	Efecto de la variante	ClinVar <sup>1</sup>
p.(G12V)	c.35G>T	2	66.50%	chr12:25398284	NM_033360.3	COSM520	missense	Pathogeni Like ly pathogeni
p.(I1461V)	c.4381A>G	29	99.70%	chr2:29416572	NM_004304.4		missense	Benign
p.(P136L)	c.407C>T	4	62.29%	chr5:176517797	NM_213647.2		missense	
p.(N375S)	c.1124A>G	2	55.91%	chr7:116340262	NM_001127500.2		missense	Benign
	Cambio de aminoácidos p.(G12V) p.(I1461V) p.(P136L)	Cambio de aminoácidos Codificación p.(G12V) c.35G>T  p.(I1461V) c.4381A>G p.(P136L) c.407C>T	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón           p.(G12V)         c.35G>T         2           p.(I1461V)         c.4381A>G         29           p.(P136L)         c.407C>T         4	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón de alelo           p.(G12V)         c.35G>T         2         66.50%           p.(I1461V)         c.4381A>G         29         99.70%           p.(P136L)         c.407C>T         4         62.29%	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón de alelo de al	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón de alelo de al	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón de alelo de alelo Locus         Transcripto         ID de la variante l	Cambio de aminoácidos         Codificación         Exón de alelo de alelo Locus         Transcripto         ID de la variante variante           p.(G12V)         c.35G>T         2         66.50% chr12:25398284         NM_033360.3         COSM520 missense           p.(I1461V)         c.4381A>G         29         99.70% chr2:29416572         NM_004304.4         .         missense           p.(P136L)         c.407C>T         4         62.29% chr5:176517797         NM_213647.2         .         missense

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> Basado en la versión ClinVar 20180225

# Resumen del tratamiento correspondiente

KRAS p.(G12V) c.35G>T					
Tratamiento correspondiente	FDA	NCCN	EMA	ESMO	Ensayos clínicos*
bevacizumab + CAPOX	×	×	×	0	×
bevacizumab + FOLFIRI	×	×	×	0	×

<sup>\*</sup> Se muestra la fase más avanzada (IV, III, II/III, II, I/II, I) y puede haber varios ensayos clínicos disponibles.

Fdo. Dra. Smith Peterson, Palm (Bióloga Molecular) / Dr. García García, Juan (Jefe de Servicio)



### Laboratorio Biología Aplicada a la Salud

**Datos paciente: NHC:** 00022 **Nº biopsia:** 22B00022-A2 **Fecha:** 24-mar-2023 2 de 3

# Resumen del tratamiento correspondiente (continuación)

■ En este tipo de cáncerO En otro tipo de cáncerO En este tipo de cáncer y en otros tipos de cáncer※ Sin pruebas (sin indicios)

FDA	NCCN	EMA	ESMO	Ensayos clínicos*
×	×	×	0	×
×	×	×	0	×
×	×	×	×	<b>(III)</b>
×	×	×	×	<b>(II)</b>
×	×	×	×	<b>(</b> I/II)
×	×	×	×	<b>(</b>  /  )
×	×	×	×	<b>(</b> l)
	FDA  X  X  X  X  X	FDA NCCN  X  X  X  X  X  X  X  X  X  X  X  X  X	FDA NCCN EMA  X X X  X X  X X  X X  X X  X X  X X	FDA         NCCN         EMA         ESMO           X         X         X         O           X         X         X         X           X         X         X         X           X         X         X         X           X         X         X         X           X         X         X         X           X         X         X         X

<sup>\*</sup> Se muestra la fase más avanzada (IV, III, II/III, II, I/II, I) y puede haber varios ensayos clínicos disponibles.

# Resumen de los ensayos clínicos

ID NCT	Título	Fase
NCT04620330	A Phase II Study of VS-6766 (Dual RAF/MEK Inhibitor) as a Single Agent and In Combination With Defactinib (FAK Inhibitor) in Recurrent KRAS-Mutant (KRAS-MT) and BRAF-Mutant (BRAF-MT) Non-Small Cell Lung Cancer (NSCLC) (RAMP 202)	II
NCT05226598	A Randomized, Double-Blind, Phase III Study of MK-7684A Plus Chemotherapy Versus Pembrolizumab Plus Chemotherapy as First Line Treatment for Participants With Metastatic Non-Small Cell Lung Cancer	III
NCT04418661	A Phase I/II, Open-label, Multicenter, Dose Escalation and Dose Expansion Study of SAR442720 in Combination With Pembrolizumab in Patients With Advanced Malignancies	1/11
NCT04526691	Phase Ib, Multicenter, Open-label Study of Datopotamab Deruxtecan (Dato-DXd) in Combination With Pembrolizumab With or Without Platinum Chemotherapy in Subjects With Advanced or Metastatic Non-Small Cell Lung Cancer (TROPION-Lung02)	I
NCT03520075	A Phase I/II Study of the Safety, Pharmacokinetics, and Activity of ASTX029 in Subjects With Advanced Solid Tumors	1/11

Fdo. Dra. Smith Peterson, Palm (Bióloga Molecular) / Dr. García García, Juan (Jefe de Servicio)





Datos paciente: NHC: 00022 Nº biopsia: 22B00022-A2 Fecha: 24-mar-2023 3 de 3

#### Genes analizados

# Genes Assayed for the Detection of DNA Sequence Variants

AKT1, ALK, AR, BRAF, CDK4, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FGFR2, FGFR3, GNA11, GNAQ, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, RET, ROS1, SMO

### Genes Assayed for the Detection of Copy Number Variations

ALK, AR, BRAF, CCND1, CDK4, CDK6, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, KIT, KRAS, MET, MYC, MYCN, PDGFRA, PIK3CA

### Genes Assayed for the Detection of Fusions

ALK, RET, ROS1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, BRAF, RAF1, ERG, ETV1, ETV4, ETV5, ABL1, AKT3, AXL, EGFR, ERBB2, PDGFRA, PPARG

El software Ion Torrent Oncomine Reporter de Thermo Fisher Scientific se utilizó en la generación de este informe. El software fue desarrollado y diseñado internamente por Thermo Fisher Scientific. El análisis se basó en Oncomine Reporter (5.6.0 versión de datos 2023.02(005)). Los datos aquí presentados proceden de una base de conocimientos seleccionada con información de acceso público, pero puede que no sean exhaustivos. La información de FDA se obtuvo en www.fda.gov con fecha de 2023-01-18. La información de NCCN se obtuvo en www.nccn.org con fecha de 2023-01-03. La información de EMA se obtuvo en www.ema.europa.eu/ema con fecha de 2023-01-18. La información de ESMO se obtuvo en www.esmo.org con fecha de 2023-01-03. La información de los ensayos clínicos tiene fecha de 2023-01-03. Para obtener información más actualizada sobre un ensayo específico, busque en www.clinicaltrials.gov por ID NCT o busque en el sitio web de referencia de ensayos clínicos segun identificador local en "Otros identificadores". Las variantes se indican de acuerdo con la nomenclatura HGVS y se clasifican según las directrices AMP/ASCO/CA (Li et al. 2017). Basándose en las fuentes de datos seleccionadas, las variantes, las terapias y los ensayos que se mencionan en este informe se enumeran en orden de posible relevancia clínica pero no en orden de eficacia prevista de las terapias.

Fdo. Dra. Smith Peterson, Palm (Bióloga Molecular) / Dr. García García, Juan (Jefe de Servicio)