

Indicación y alcance

Estudio de secuenciación masiva (NGS-Oncomine Focus), validado para muestras FFPE.

Este caso ha sido seleccionado por el Comité Molecular de Tumores del HUBU, siendo **responsable de la propuesta e integración de la información obtenida el facultativo solicitante**, quien informa al paciente sobre las limitaciones y objetivos del estudio para obtener su consentimiento informado.

Los datos presentados sólo deben interpretarse por profesionales cualificados y deben valorarse en el contexto clínico del paciente.

Tipo de cáncer de la muestra: Otros tumores sólidos

- Diagnóstico: CANCER DE PULMON
- % células tumorales: 50 / Sexo: FEM
- Tipo de muestra: ADN y ARN obtenidos de BAG
- CALIDAD DE LA MUESTRA /LIMITACIONES PARA SU ANÁLISIS: ADECUADA

Resultados del informe

0 Biomarcadores relevantes

0 Tratamientos disponibles

0 Ensayos clínicos

Biomarcadores relevantes

No se encontraron.*Considerar las variantes PATOGÉNICAS o PROBABLEMENTE PATOGÉNICAS detectadas en la secuencia de ADN, así como CNVs para el manejo clínico futuro, ya que en el día de emisión del informe no tienen utilidad clínica terapéutica establecida.

Detalles de la variante

Variantes de secuencia de ADN

Gen	Cambio de aminoácidos	Codificación	Frecuencia		Cobertura	Locus	ClinVar ¹	Transcripto	Efecto de la variante
			Exón	de alelo					
ALK	p.(I1461V)	c.4381A>G	29	99.90%	2000	chr2:29416572	Benign	NM_004304.5	missense
ALK	p.(T680I)	c.2039C>T	11	44.86%	1567	chr2:29497967	Benign/Likely benign	NM_004304.5	missense
FGFR4	p.(P136L)	c.407C>T	4	99.05%	2000	chr5:176517797	Likely benign	NM_213647.3	missense

¹ Basado en la versión ClinVar 20220709

Variaciones del número de copias

Gen	Locus	Número de copia
MYC	chr8:128748885	29.43

Comentarios adicionales sobre las variantes

En el día de emisión del informe, se revisan las variantes que no se destacan como "Biomarcadores relevantes", ni aparecen clasificadas por ClinVar en "Detalles de la variante: variantes de secuencia de ADN", DESTACANDO que:

Solicitante: DR.A

Fdo. Dra. Saiz López (Bióloga Molecular)
Dr. García Toro (Jefe de Servicio)

Declaración: Los datos aquí presentados proceden de una base de conocimientos seleccionada con información de acceso público, pero puede que no sean exhaustivos. La versión de datos es 2024.02(006). El contenido de este informe no ha sido evaluado ni aprobado por la FDA ni por otras autoridades de registro sanitario.

- NO HAY MÁS EVIDENCIA DE PATOGENICIDAD

Genes analizados

Genes analizados para la detección de variantes en la secuencia de ADN

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 analizados para la detección de variaciones en el número de copias

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

Genes analizados para la detección de fusiones

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

Método analítico

Secuenciación masiva en paralelo (NGS) con tecnología Ion Torrent. Muestras de DNA y RNA extraídas de forma manual mediante el kit RecoverAll Total Nucleic Acid Isolation para FFPE (Invitrogen). Librerías generadas a partir de 10 ng de DNA o RNA, con el kit Oncomine Focus Library Assay Chef Ready (Thermofisher). Cargadas en Chip 520 para secuenciador S5 Prime. Generación de datos de secuenciación con el software Torrent Suite 5.18.1. Análisis bioinformático realizado con los softwares Ion Reporter™ 5.20.2.0 y Oncomine Reporter. Para la generación del informe se acotan los ensayos clínicos a España. Cobertura media >1000 x

- Técnico de Anatomía Patológica: TECNICO 1

Limitaciones

El límite de detección (LOD: sensibilidad analítica), conforme a las especificaciones comerciales (<https://www.thermofisher.com/es/es/home/clinical/preclinical-companion-diagnostic-development/oncomineoncology/oncomine-focus-assay.html>), es:

- LOD SNV 100% con frecuencias alélicas ≥5%
- LOD indel 100% con frecuencias alélicas ≥5%
- LOD CNV 100% con número de copias ≥4.5
- LOD fusiones de RNA 100% con ≥255 copias de fusión

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 (5.8.2 versión de datos 2024.02(006)). 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 2024-01-17. La información de NCCN se obtuvo en www.nccn.org con fecha de 2024-01-02. La información de EMA se obtuvo en www.ema.europa.eu/ema con fecha de 2024-01-17. La información de ESMO se obtuvo en www.esmo.org con fecha de 2024-01-02. La información de los ensayos clínicos tiene fecha de 2024-01-02. 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 según 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.

Solicitante: DR.A

Fdo. Dra. Saiz López (Bióloga Molecular)
Dr. García Toro (Jefe de Servicio)

Declaración: Los datos aquí presentados proceden de una base de conocimientos seleccionada con información de acceso público, pero puede que no sean exhaustivos. La versión de datos es 2024.02(006).