

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 x, 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: Carcinoma pulmonar no microcítico

- Diagnóstico: ADENOCARCINOMA DE PULMON
- % células tumorales: 40 / Sexo: FEM
- Tipo de muestra: ADN y ARN obtenidos de BIOPSIA BRONQUIAL
- CALIDAD DE LA MUESTRA /LIMITACIONES PARA SU ANÁLISIS: ADECUADA






Resultados del informe

2 Biomarcadores relevantes
15 Tratamientos disponibles
13 Ensayos clínicos

Biomarcadores relevantes

Nivel	Alteración genómica	Tratamientos relevantes (En este tipo de cáncer)	Tratamientos relevantes (En otro tipo de cáncer)	Ensayos clínicos
IA	EGFR p.(L858R) c.2573T>G epidermal growth factor receptor Frecuencia de alelo: 8.37%	afatinib ^{1,2} bevacizumab* + erlotinib ² dacomitinib ^{1,2} erlotinib ^{1,2} erlotinib + ramucirumab ^{1,2} gefitinib ^{1,2} osimertinib ^{1,2} osimertinib + chemotherapy ¹ amivantamab + chemotherapy atezolizumab + bevacizumab + chemotherapy gefitinib + chemotherapy	Ninguno	13
IIC	KRAS p.(G12D) c.35G>A KRAS proto-oncogene, GTPase Frecuencia de alelo: 16.50%	Ninguno	bevacizumab + chemotherapy	0

Fuentes de datos públicos incluidas en tratamientos pertinentes: FDA¹, NCCN, EMA², ESMO
* Incluye biosimilares/genéricos

 Alertas notificadas por fuentes de datos públicos:  Contraindicado,  Resistencia,  Breakthrough,  Fast Track

EGFR p.(L858R) c.2573T>G  patritumab deruxtecan¹

Fuentes de datos públicos incluidos en alertas: FDA¹, NCCN, EMA², ESMO

Otras variantes

Solicitante: Dra. xxx

Fdo. Dra. x(Bióloga Molecular)
Dr. xx (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 2024.04(005). El contenido de este informe no ha sido evaluado ni aprobado por la FDA ni por otras autoridades de registro sanitario.

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 las variantes: variantes de secuencia de ADN" (ver tabla posterior), DESTACANDO que:

- NO HAY MÁS EVIDENCIA DE PATOGENICIDAD.

La variante MYC N26S ha sido revisada en las bases de datos: ClinVar, Varsomey OncoKB; concluyendo que se considera de significado incierto (VUS) en función del conocimiento actual, y por tanto, no se puede tener en cuenta en el manejo clínico actual del paciente. La aparición de nueva información científica podría cambiar en el futuro esta interpretación

INTERPRETACIÓN BIOLÓGICA de biomarcadores

- La mutación Leu858Arg del exón 21 de EGFR se produce en el dominio tirosina quinasa de EGFR. Esta mutación activa constitutivamente la cascada de señalización de EGFR, y puede ser bloqueada con inhibidores TKI de diferentes generaciones.
- El protooncogen KRAS codifica una GTPasa que funciona en la transducción de señales y es miembro de la superfamilia RAS que también incluye a NRAS y HRAS. Las proteínas RAS median la transmisión de señales de crecimiento de la superficie celular al núcleo a través de las vías PI3K/AKT/MTOR y RAS/RAF/MEK/ERK, que regulan la división, diferenciación y supervivencia celular.

Detalles de las variantes

Variantes de secuencia de ADN									
Gen	Cambio de aminoácidos	Codificación	Exón	Frecuencia de alelo	Cobertura	Locus	ClinVar1	Transcripto	Efecto de la variante
EGFR	p.(L858R)	c.2573T>G	21	8.37%	1769	chr7:55259515	drug response	NM_005228.5	missense
KRAS	p.(G12D)	c.35G>A	2	16.50%	1424	chr12:25398284	Pathogenic	NM_033360.4	missense
MYC	p.(N26S)	c.77A>G	2	50.65%	841	chr8:128750540	Uncertain significance	NM_002467.6	missense

1 Basado en la versión ClinVar 20220709

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: x

Solicitante: Dra. xxx

Fdo. Dra. x (Bióloga Molecular)
Dr. xx (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 2024.04(005).

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

El software Ion Torrent OncoPrint 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 OncoPrint Reporter (5.8.2 versión de datos 2024.04(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 2024-03-13. La información de NCCN se obtuvo en www.nccn.org con fecha de 2024-03-01. La información de EMA se obtuvo en www.ema.europa.eu/ema con fecha de 2024-03-13. La información de ESMO se obtuvo en www.esmo.org con fecha de 2024-03-01. La información de los ensayos clínicos tiene fecha de 2024-03-01. 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: Dra. xxx

Fdo. Dra. x (Bióloga Molecular)
Dr. xx (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 2024.04(005).