

## Painel para Tumores Sólidos



### Fornecendo conhecimento para vencer o câncer

O câncer é uma doença genética em que mutações herdadas (linhagem germinativa) ou novas (somáticas) acarretam o crescimento descontrolado de células tumorais no corpo. Mutações somáticas são modificações genéticas adquiridas únicas de um indivíduo que podem afetar qualquer tipo de célula no corpo, exceto as células germinativas. Em geral, as mutações somáticas também consistem em “mutações condutoras” conhecidas, que, em alguns casos, podem ser combatidas com fármacos altamente específicos e eficientes. Conhecer essas mutações acionáveis em células tumorais pode, portanto, viabilizar outras opções de tratamento.

Desenvolvemos um teste de sequenciamento que abrange esses alvos terapêuticos em tumores sólidos. Nosso Painel para Tumores Sólidos fornece sequenciamento completo de 106 genes selecionados que são associados a câncer, bem como análise de hotspot de regiões relevantes para câncer em 43 genes. Ele detecta mais de 5 mil variantes oncogênicas validadas e inclui as variantes baseadas em evidências mais recentes que são associadas a decisões sobre tratamento de tumores sólidos. O painel abrange mais de 25 variantes genéticas com terapias direcionadas que seguem as diretrizes da Food and Drug Administration (FDA) e da National Comprehensive Cancer Network (NCCN), bem como muitas outras que estão sendo testadas atualmente em estudos clínicos.<sup>1</sup> Além disso, variantes somáticas com impacto sobre o prognóstico do tumor individual ou a eficácia da terapia padrão antitumoral são identificadas e reportadas.

Nosso Painel para Tumores Sólidos pode fornecer uma compreensão melhor do comportamento dos tumores, bem como de sua probabilidade de responder a um tratamento, contribuindo com o cuidado médico personalizado do paciente e, com frequência, viabilizando um resultado melhor ou efeitos adversos reduzidos.

<sup>1</sup>doi: <https://doi.org/10.1101/140475>

### Quem deve considerar nosso Painel para Tumores Sólidos?

Médicos realizando a identificação genética de variantes oncogênicas em tumores sólidos de seus pacientes, bem como pesquisando novas opções terapêuticas:

- Com formas de cânceres agressivos, avançados ou em metástase
- Quando o tratamento primário tiver fracassado
- Com opções de tratamento limitadas ou efeitos colaterais relevantes no tratamento padrão

### Quais cânceres são investigados pelo nosso Painel para Tumores Sólidos?

O Painel para Tumores Sólidos investiga mais de 100 tipos diferentes de cânceres somáticos, incluindo:

- Adrenal
- Do trato biliar
- De medula
- De mama
- Do sistema nervoso central
- De cólon
- Endometrial
- Esofágico
- Estromal gastrointestinal
- Glioma
- Hepático
- Pulmonar
- Linfoma
- Ovariano
- Pancreático
- De próstata
- Renal
- De pele
- Testicular
- De tireoide

### Quais são as vantagens do nosso Painel para Tumores Sólidos?

- Identificar variante(s) oncogênica(s) por meio do sequenciamento detalhado dos principais genes associados a câncer
- Detectar variantes clinicamente acionáveis que estão relacionadas a novas opções de tratamento
- Direcionar a melhor estratégia terapêutica para cada paciente, a melhor eficácia e o mínimo de efeitos adversos
- Economizar um tempo valioso ao analisar um grande volume de genes potencialmente relevantes em paralelo

## Principais características do Painel

CATEGORIA	CARACTERÍSTICAS
COBERTURA	> 97% das regiões-alvo abrangidas em $\geq 200x$
ESPECIFICIDADE	> 99,9% de todas as variantes reportadas
MÉTODO	Enriquecimento de alvos para captura NGS
SENSIBILIDADE	Detecção de variantes de nucleotídeo único (single nucleotide variants, SNVs) até 5% da frequência do alelo
EMISSÃO DE RELATÓRIOS	As variantes patogênicas e provavelmente patogênicas são reportadas de acordo com as recomendações das diretrizes de classificação do American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) Além disso, essas variantes são reportadas de acordo com sua acionalidade em Nível 1 (significância clínica relevante) ou Nível 2 (possível significância clínica), seguindo as recomendações da Association for Molecular Pathology (AMP) <sup>2</sup>
MATERIAL SOLICITADO	Tecido fixado em formalina e embebido em parafina (Formalin-Fixed Paraffin-Embedded, FFPE) (bloco ou seções) <sup>3</sup> ou tecido fresco de tumor
TEMPO DE RESPOSTA	10 dias úteis

<sup>2</sup> <https://doi.org/10.1016/j.jmoldx.2016.10.002>

<sup>3</sup> Bloco fixado em formalina e embebido em parafina (Formalin-Fixed Paraffin Embedded, FFPE) ou  $\geq 10$  seções de 10  $\mu$ m de espessura com lâmina de controle

## Genes incluídos

Cobertura de regiões de codificação completas para:

ABL1, AKT1, AKT2, AKT3, APC, AR, ARID1A, ASXL1, ATM, ATR, ATRX, BAP1, BRAF, BRCA1, BRCA2, CDH1, CDK12, CDK4, CDKN1B, CDKN2A, CDKN2B, CHEK1, CHEK2, CREBBP, CSF1R, CTNNA1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, EZH2, FANCA, FANCD2, FANCI, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, GNA11, GNAQ, GNAS, HNF1A, HRAS, IDH1, IDH2, KDR, KEAP1, KIT, KMT2A, KMT2C, KMT2D, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MEN1, MET, MLH1, MPL, MRE11, MSH2, MSH6, MTOR, NBN, NF1, NF2, NFE2L2, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, NRAS, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PIK3CA, PIK3R1, PMS2, POLE, PTCH1, PTEN, PTPN11, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RB1, RBM10, RET, RIT1, RNF43, SETD2, SLX4, SMAD4, SMARCA4, SMARCB1, SMO, SPOP, SRC, STK11, TP53, TSC1, TSC2, TSHR, VHL com regiões intrônicas flanqueadas de +/- 2bp

Análise de hotspot identificando regiões relevantes associadas a câncer para os seguintes genes:

ALK, ARAF, AXL, BTK, CBL, CCND1, CDK6, ERCC2, ESR1, FLT3, FOXL2, GATA2, H3-3A, H3C2, JAK1, JAK2, JAK3, KNSTRN, MAGOH, MAP2K4, MAPK1, MAX, MDM4, MED12, MYC, MYCN, MYD88, NTRK1, NTRK2, PDGFRB, PIK3CB, PPP2R1A, RAC1, RAF1, RHEB, RHOA, ROS1, SF3B1, STAT3, TERT, TOP1, U2AF1, XPO1

### CONTATO E ATENDIMENTO AO CLIENTE

Tel: +49 (0) 381 80 113-416  
Fax: +49 (0) 381 80 113-401

E-mail: [customer.support@centogene.com](mailto:customer.support@centogene.com)  
[www.centogene.com](http://www.centogene.com)

CLIA #99D2049715

