

UNIWERSYTECKIE CENTRUM KLINICZNE
LABORATORIUM GENETYKI KLINICZNEJ

ul. Dębinki 7, 80-952 Gdańsk

tel.: 58 349 37 70

cennik zewnętrzny - obowiązuje od 1 grudnia 2023 roku

UWAGA: Jeżeli badanie nie jest z zakresu opieki medycznej, służącej profilaktyce, zachowaniu, ratowaniu, przywracaniu i poprawie zdrowia, to cena badania będzie powiększona o należny podatek VAT w wysokości 23%.

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	*Kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
		badania cytogenetyczne		badania molekularne		
	LGK_1_2_1	[NFZ] Kariotyp - Krew płodowa	Analiza kariotypu limfocytów krwi płodowej.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi płodowej z zastosowaniem metody prątkowej GTW.	350	-----
	LGK_1_2_2	[NFZ] Kariotyp - amniocyty	Analiza kariotypu amniocytów. program NFZ	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> amniocytów z zastosowaniem metody prątkowej GTW.	750	-----
	LGK_1_2_3	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej. program NFZ	Badanie uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi płodowej lub amniocytów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	-----
	LGK_1_4_1	MCC (matka)	Analiza profilu DNA matki. program NFZ	Analiza profilu DNA matki wymagana w celu oznaczenia kontaminacji DNA płodowego materiałem matczynym (MCC - <i>maternal cell contamination</i>) zgodnie z procedurą LGK_1_4_2 (zestaw PowerPlex 16 HS System).	370*	LGK_14_1
	LGK_1_4_2	MCC (płód)	Analiza zanieczyszczenia DNA płodowego materiałem matczynym (MCC). program NFZ	Oznaczenie kontaminacji DNA płodowego materiałem matczynym (MCC - <i>maternal cell contamination</i>) zgodnie z procedurą LGK_1_4_2 (zestaw PowerPlex 16 HS System). Analiza chimerizmu wykonywana na podstawie analizy wyników uzyskanych w procedurze LGK_1_4_1 oraz LGK_1_4_2.	450*	LGK_14_7

Rodzaj badania		Nazwa badania - ClinNet		Nazwa badania		Opis badania		Cena z uwzględnieniem (z) od 1 grudnia 2023		Izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTYTUCYJNA						GENETYKA KONSTYTUCYJNA					
zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna						zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna					
LGK_2_2_1	[NFZ] kariotyp - limfocyty	Analiza kariotypu limfocytów krwi obwodowej.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej z zastosowaniem metody praktykowej GTW.	350	-----						
LGK_2_2_2	[NFZ] kariotyp - fibroblasty	Analiza kariotypu fibroblastów.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> fibroblastów z zastosowaniem metody praktykowej GTW.	690	-----						
LGK_2_2_3	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	-----						
LGK_2_2_6	[NFZ] Mikromacierze CGH (180K)	Analiza kariotypu limfocytów krwi obwodowej - badanie aCGH.	Analiza kariotypu z zastosowaniem techniki aCGH (porównawcza hybrydyzacja genomowa do mikromacierzy), rozdzielczość: 180K.	1750*	LGK_14_1						
LGK_2_2_1	[NFZ] Achondroplazja (FGFR3)	Achondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku wariantu c.1138C>A (p.Gly380A>R) genu <i>FGFR3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1						
LGK_2_2_2	[NFZ] Zespół Angelmana (MS-MLPA)	Zespół Angelmana (OMIM #105830).	Test MS-MLPA w regionie 15q11-q13 (ME028, MRC-Holland). Analiza liczby kopii DNA oraz wzoru metylacji wysp CpG w regionie 15q11-q13.	400*	LGK_14_1						
LGK_2_2_3	[NFZ] Hipochondroplazja (FGFR3)	Hipochondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>FGFR3</i> (p.Ile538; p.Asn540; p.Lys650) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1						
LGK_2_2_4	[MZ] Stwardnienie guzowate (TSC1, TSC2)	Stwardnienie guzowate (OMIM *605284, *191092). program lekowy - Evorolimus	Analiza sekwencji kodującej Genów TSC1 i TSC2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera wraz z analizą liczby kopii DNA metodą MLPA (P124 i P046, MRC-Holland).	4500*	LGK_14_1						
LGK_2_2_5	[NFZ] Zespół familiwego chromosomu X (powtórzenia CGG)	Zespół familiwego chromosomu X (FXS) (OMIM #300624).	Analiza regionu zawierającego powiększenia CGG w genie <i>FMR1</i> pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw AmpliX FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1						
LGK_2_2_7	[NFZ] Zespół Noonan (PTPN11)	Zespół Noonan (OMIM *176876).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>PTPN11</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1300*	LGK_14_1						
LGK_2_2_8	[NFZ] Zespół Pradera-Williego (MS-MLPA)	Zespół Pradera-Williego (OMIM #176270).	Test MS-MLPA w regionie 15q11-q13 (ME028, MRC-Holland). Analiza liczby kopii DNA oraz wzoru metylacji wysp CpG w regionie 15q11-q13.	400*	LGK_14_1						
LGK_2_2_9	[NFZ] Zespół Retta (MECP2)	Zespół Retta (OMIM *300005).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MECP2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1						

Nazwa badania - Glinivet		Nazwa badania		Opis badania		(zł) od 1 grudnia 2023		procedury izolacji kwasów	
GENETYKA KONSTITUCYJNA									
zaburzenia metaboliczmu		zaburzenia płodności				zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna			
LGK_5_4	[NFZ] Deficyt LCHAD (HADHA)	Deficyt dehydrogenazy długociętych kwasów tłuszczowych - LCHAD (OMIM *600890).	Analiza w kierunku wariantu p.Glu510Gln genu HADHA przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1				
LGK_5_3	[NFZ] Deficyt MCAD (ACADM)	Deficyt dehydrogenazy acylo-CoA średniołańcuchowych kwasów tłuszczowych - MCAD (OMIM *607008).	Analiza w kierunku wariantu p.Tyr304Glu genu ACDAM przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1				
LGK_5_2	[NFZ] Deficyt alfa1-antytirypsyny (SERPINA1)	Deficyt alfa1-antytirypsyny (OMIM *107400).	Analiza w kierunku wariantów p.Glu366Lys (allel Z) oraz p.Glu288Val (allel S) genu SERPINA1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1				
LGK_5_1	[NFZ] Amyloidozą transzetyrynową (TTR)	Amyloidozą transzetyrynową (OMIM *176300).	Analiza sekwencji kodującej genu TTR przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1				
LGK_3_2_3	[NFZ] zespół BPES (FOXL2)	Zespół BPES (OMIM *605597).	Analiza sekwencji kodującej genu FOXL2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1				
LGK_3_2_2	[NFZ] Przedwczesne wygasanie czynności jajników (powiększenia CGG)	Przedwczesne wygasanie czynności jajników (FXPOF) (OMIM #311360).	Analiza regionu zawierającego powiększenia CGG w genie FMR1 pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw AmpliDex FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1				
LGK_3_1_2	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	-----				
LGK_3_1_1	[NFZ] Kariotyp - limfocyty	Analiza kariotypu limfocytów krwi obwodowej.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej z zastosowaniem metody prątkowej GTW.	350	-----				
LGK_2_2_14	[NFZ] SMA (SMN1/2)	Rdzeniowy zanik mięśni, SMA (OMIM *600354).	Analiza liczby kopii eksonu 7 genu SMN1 oraz genu SMN2 zestawem AmpliDex SMA Plus Kit (CE-IVD).	400*	LGK_14_1				
LGK_2_2_13	[NFZ] DMD (MLPA)	Dystrofia Duchena/Beckera (OMIM *300377).	Analiza liczby kopii genu DMD testem MLPA (P034 oraz P035, MIRC-Holland).	600*	LGK_14_1				
LGK_2_2_12	[NFZ] Miotonia Thomsena, Beckera (CLCN1)	Miotonia wrodzona, AD, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu CLCN1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1450*	LGK_14_1				
LGK_2_2_11	[NFZ] Głuchota wrodzona DFNB1, AR (GJB2)	Głuchota wrodzona, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu GJB2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1				
LGK_2_2_10	[NFZ] Zespół Retta, congenital variant (FOXP1)	Zespół Retta, congenital variant (OMIM *164874).	Analiza sekwencji kodującej genu FOXP1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1				

GENETYKA KONSTITUCYJNA

zaburzenia metabolizmu		niezdiagnozowane zespoły związane z nowotworami			
LGK_5_5	[NFZ] Gorączka śródziemnomorska (MEFV)	Gorączka śródziemnomorska (OMIM *608107).	Analiza sekwencji kodującej genu MEFV przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	950*	LGK_14_1_1
LGK_5_6	[NFZ] MODY (NGS)	Cukrzyca monogenowa.	Analiza sekwencji kodującej genów BCC6, GCK, HNF1A, HNF1B, HNF1C, INS oraz KCNJ11 techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS (Agilent)). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	2600*	LGK_14_1_1
LGK_5_7	[NFZ] fenyloketonuria (PAH).	Fenyloketonuria (OMIM *612349).	Analiza sekwencji kodującej genu PAH przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1250*	LGK_14_1_1
LGK_5_8	[NFZ] Zespół Gilberta (UGT1A1)	Zespół Gilberta (OMIM #143500).	Analiza regionu promotora genu UGT1A1 w celu identyfikacji allelu prawidłowego zawierającego 6 powtórzeń TA oraz wariantu patologicznego zawierającego 7 powtórzeń TA, tzw. ATTA/GTAA oraz ATTA/TTAA (zestaw gD GENETIC Gilbert, CE-IVD).	200*	LGK_14_1_1
LGK_5_9	[NFZ] Zespół Legius (SPRED1)	Zespół Legiusa (OMIM *609291).	Analiza sekwencji kodującej genu SPRED1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	850*	LGK_14_1_1
LGK_5_9	[NFZ] Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (BRCA1)	Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu BRCA1 w polskiej populacji techniką HRM i weryfikowanie sekwencjonowaniem bezpośrednim metodą Sangera. Badany region obejmuje pięć wzbitych wariantów, najczęstszych w polskiej populacji, w eksonach 2, 5, 11 i 20 genu BRCA1 (c.68_69delAG, c.181T>G, c.3700_3704delGTAA, c.4035delA, c.5266dupC).	230*	LGK_14_1_1
LGK_5_9	[NFZ] Zespół Peutza Jeghersa (STK11)	Zespół Peutza Jeghersa (OMIM #175200).	Analiza sekwencji kodującej genu STK11 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1_1
LGK_5_9	[NFZ] Zespół polipowatości młodzienczej (BMP1A, SMAD4)	Zespół polipowatości młodzienczej (OMIM #174900).	Analiza sekwencji kodującej genów BMP1A, SMAD4 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1700*	LGK_14_1_1
LGK_5_10	[NFZ] Zespół von Hippel-Lindau (VHL)	Zespół von Hippel-Lindau (OMIM #133300).	Analiza sekwencji kodującej genu VHL przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1_1
LGK_5_10	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHB)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *185470).	Analiza sekwencji kodującej genu SDHB przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	850*	LGK_14_1_1
LGK_5_10	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHD)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *602690).	Analiza sekwencji kodującej genu SDHD przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1_1
LGK_5_10	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHC)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *602413).	Analiza sekwencji kodującej genu SDHC przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	700*	LGK_14_1_1
LGK_5_10	[NFZ] Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (MEN1)	Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (OMIM #131100).	Analiza sekwencji kodującej genu MEN1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1_1

nazwa badania		nazwa badania - Clinivet		nazwa badania		opis badania		(z) od 1 grudnia 2023		procesury izolacji kwasów	
GENETYKA KONSTYTUCYJNA											
nowotwory rodzinne i zespoły związane z nowotworami											
LGK_14_19	[NFZ] Zespół Cowden (PTEN)	Zespół Cowden (OMIM *601728).	Analiza sekwencji kodującej genu PTEN przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger'a.	950*	LGK_14_1						
LGK_14_20	[NFZ] Zespół Niimgen (NBS)	Zespół Niimgen (OMIM *602667).	Analiza sekwencji eksonu 6 w kierunku wariantu c.657_661del p.(Y5219AsnS*16) genu NBS przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger'a.	350*	LGK_14_1						
LGK_14_21	[NFZ] Zespół Li-Fraumeni (TP53, NGS)	Zespół Li-Fraumeni (OMIM *191170).	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_LF_v1)	2600*	LGK_14_1						
LGK_14_22	[NFZ] FAP (APC, MUTYH)	Zespół gruczolakowaty polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456).	Analiza sekwencji genów APC, MUTYH - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-I_FAP_v1)	2600*	LGK_14_1						
LGK_14_23	[NFZ] HNPCC (MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM)	Dziedziczny rak jelita grubego niezwiązany z polipowatością (HNPCC) (OMIM #609310, #120435, #614350, #614337, #613244).	Analiza sekwencji genów MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, 3'UTR EPCAM - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-I_HNPCC_v1).	2600*	LGK_14_1						
LGK_14_24	[NFZ] Mnoża gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 2 (RET)	Zespół mnogiej gruczolakowatości wewnątrzwydzielniczej typu 2 (MEN2) (OMIM *164761).	Analiza sekwencji kodującej genu RET przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_TH_v1).	2600*	LGK_14_1						
LGK_14_25	[NFZ] Rodzinne występujący rak trzustki (CORE) (NGS)	Rodzinne występujący rak trzustki (OMIM #614320, #613347, #606719, #613348, #175200, #151623).	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2, STK11, TP53 - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_FPC_core_v1).	2700*	LGK_14_1						
LGK_14_26	[NFZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (CHEK2, PALB2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genów CHEK2 oraz PALB2 w polskiej populacji techniką HRM i/lub ASA-PCR oraz weryfikowaną sekwencjonowaniem bezpośrednim metodą Sanger'a. Badany region obejmuje trzy wybrane warianty genu CHEK2: c.444+1G>A, c.1100delC, c.470T>C, delekcje eksonów 9 i 10 (del5395) oraz dwa wybrane warianty genu PALB2: c.172_175delTTGT, c.509_S10delGA.	350*	LGK_14_1						
LGK_14_27	[NFZ] HBOC, NGS (BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza sekwencji kodującej genów BRCA1, BRCA2, CHEK2 oraz PALB2 techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-I_v2).	2650*	LGK_14_1						
LGK_14_28	[NFZ] HBOC, MLPA (BRCA1, BRCA2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza liczby kopii genów BRCA1 oraz BRCA2 testem MLPA (P002 oraz P045, MRC-Holland).	550*	LGK_14_1						
LGK_14_29	[NFZ] HBOC, MLPA (CHEK2, PALB2, RAD50, RAD51C, RAD51D)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza liczby kopii genów CHEK2, PALB2, RAD50*, RAD51C oraz RAD51D testem MLPA (P190 oraz P260, MRC-Holland).	550*	LGK_14_1						
LGK_14_30	[NFZ] FAP, MLPA (APC, MUTYH)	Zespół gruczolakowaty polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456).	Analiza liczby kopii genów APC, MUTYH, GREM1* oraz SCGS* testem MLPA (P043 oraz P378, MRC-Holland).	550*	LGK_14_1						

Nazwa badania - Clininet		Nazwa badania		Opis badania		(z) od 1 grudnia 2023		procedury izolacji kwasów	
GENETYKA KONSTYTUCYJNA									
neurogenetyka									
LGK_7_1	[NFZ] Dystrofia obrotowo - koniczynowa (CAPN3)	Dystrofia obrotowo - koniczynowa, LGM2A (OMIM *14240).	Analiza sekwencji eksonu 4, m.in. w kierunku wariantu c.550delA (p.Thr184Argfs) oraz c.598_612del p.(Phe200_Leu204del) genu CAPN3 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1				
LGK_7_2	[NFZ] Łagodna płąsawica rodzinna (MKX2-1)	Łagodna płąsawica rodzinna (OMIM *600635).	Analiza sekwencji kodującej genu MKX2-1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1				
LGK_7_3	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 4 (SPAST)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *604277).	Analiza sekwencji eksonów 1, 6-7, 8, 10-12 genu SPAST przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1				
LGK_7_4	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 17 (BSC12)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *606158).	Analiza sekwencji eksonu 3 genu BSC12 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1				
LGK_7_5	[NFZ] Choroba Wilsona (ATP7B)	Choroba Wilsona (OMIM *606882).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu ATP7B w polskiej populacji przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region obejmuje trzy wybrane warianty, w eksonach 14, 15 i 20 genu ATP7B : c.3207C>A p.(His1069Gln), c.3402delC p.(Ala1135Glnfs*13) oraz c.4051C>T p.(Gln1351*).	500*	LGK_14_1				
LGK_7_6	[NFZ] Stwardnienie zanikowe boczne (SOD1)	Stwardnienie zanikowe boczne (SLA) (OMIM *147450).	Analiza sekwencji kodującej genu SOD1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1				
LGK_7_7	[NFZ] Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (powtórzenia CGG)	Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (FXRAS) (OMIM #300623).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie FMR1 pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw Amplicon FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1				
LGK_7_8	[NFZ] Zespół CADASIL (NOTCH3)	Zespół CADASIL (OMIM *600276).	Analiza sekwencji eksonów 2-6 genu NOTCH3 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1				
LGK_7_9	[NFZ] Zespół McCune-Albright (GNAS)	Zespół McCune-Albright (OMIM *139320).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu GNAS (p.Arg201, p.Gln227) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1				
LGK_7_10	[NFZ] Choroba Huntingtona (powtórzenia CAG)	Choroba Huntingtona (HD) (OMIM #143100).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CAG w genie HTT (zestaw Amplicon PCR/CE HTT).	500*	LGK_14_1				
LGK_9_1	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (LDLR, APOB)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890).	Analiza dużych rearanżacji techniką MLPA (zestaw POS2, MRC-Holland) i analiza sekwencji eksonów 4 i 12 genu LDLR oraz fragmentu eksonu 26 (NM_000384.2; c.10436_10798) genu APOB przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1				
LGK_9_3	[NFZ] Hiperlipidemia typu III (APOE)	Hiperlipidemia typu III (OMIM *107741).	Analiza sekwencji kodującej genu APOE przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1				

Nazwa badania - ClinNet		Nazwa badania		Opis badania		(zł) od 1 grudnia 2023		procedury izolacji kwasów	
GENETYKA KONSTITUCYJNA									
kardiologia									
LGK_9_5	[NFZ] Pierwotne zaburzenia czynności elektrycznej serca (KCWZ)	Zespół skróconego QT, wydłużonego QT, Andersena (OMIM *600681)	Analiza sekwencji kodującej genu <i>KCNJ2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1				
LGK_9_6	[NFZ] Kardiomiopatia (LMNA)	Kardiomiopatia związana z wariantami genu <i>LMNA</i> (OMIM *150390).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>LMNA</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	950*	LGK_14_1				
LGK_9_7	[NFZ] HTG (LPL)	Hiperlipoproteinemia typu I (OMIM # 238600).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>LPL</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1000*	LGK_14_1				
LGK_9_8	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (NGS)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890, OMIM #603813).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>LDLR</i> , <i>PCSK9</i> , <i>APOE</i> , <i>LDLRAP1</i> oraz fragmentu eksonu 26 genu <i>APOB</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).	2650*	LGK_14_1				
LGK_9_9	[NFZ] Hiperlipidemia (NGS)	Hiperlipidemia.	Analiza sekwencji kodującej genów <i>ABCA1</i> , <i>ABCG5</i> , <i>ABCG8</i> , <i>APOA1</i> , <i>APOB</i> , <i>APOC3</i> , <i>APOE</i> , <i>CYP27A1</i> , <i>LDLR</i> , <i>LDLRAP1</i> oraz <i>PCSK9</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HTG_core_v1).	2850*	LGK_14_1				
LGK_9_10	[NFZ] HTG (NGS)	Hipertroficjcydemia.	Analiza sekwencji kodującej genów <i>APOA5</i> , <i>APOC2</i> , <i>APOE</i> , <i>CREB3L3</i> , <i>GPD1</i> , <i>GRHBP1</i> , <i>LMF1</i> oraz <i>LPL</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HTG_core_v1).	2850*	LGK_14_1				
LGK_9_11	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna, MLPA (LDLR)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM *606945).	Analiza liczby kopii genu <i>LDLR</i> testem MLPA (P218, MRC-Holland).	300*	LGK_14_1				
LGK_9_12	[NFZ] HTG, MLPA (LPL)	Hipertroficjcydemia (OMIM *609708).	Analiza liczby kopii genu <i>LPL</i> testem MLPA (P218, MRC-Holland).	300*	LGK_14_1				
nefrologia									
LGK_10_1	[NFZ] Steroidooporny zespół nercycowy o późnym początku (NFZ, <i>LMX1B</i>)	Steroidooporny zespół nercycowy o późnym początku (OMIM #613237).	Analiza sekwencji eksonów 2-4 genu <i>INZF</i> oraz eksonu 4 genu <i>LMX1B</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1				
LGK_10_2	[NFZ] Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (WT1)	Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (OMIM *607102).	Analiza sekwencji eksonów 8 i 9 genu <i>WT1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1				
LGK_10_3	[NFZ] Zespół nercycowy (NPH52, <i>WT1</i>)	Zespół nercycowy (OMIM #600995, #256370).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>NPH52</i> oraz eksonów 8 i 9 genu <i>WT1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1000*	LGK_14_1				
ortopedia									
LGK_11_1	[NFZ] Zespół Hajdu-Cheney (<i>NOTCH2</i>)	Zespół Hajdu-Cheney (OMIM *600275).	Analiza sekwencji eksonu 34 genu <i>NOTCH2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1				
LGK_11_2	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu I (<i>EXT1</i>).	Mnogie wyrośla kostne typu I (OMIM #133700).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>EXT1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1150*	LGK_14_1				

Nazwa badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	(zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów	GENETYKA KONSTITUCYJNA	
							ortopedia	farmakogenetyka
	LGK_11_3	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu I [EXTZ].	Mnogie wyrośla kostne typu II (OMIM #133701).	Analiza sekwencji kodującej genu EXTZ przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1250*	LGK_14_1		
	LGK_11_4	[NFZ] Zespół paznokciowo-rzępkowy (LNX1B).	Zespół paznokciowo-rzępkowy (OMIM #62575).	Analiza sekwencji kodującej genu LNX1B przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	750*	LGK_14_1		
	LGK_12_1	[NFZ] CYP2C9 (*2, *3)	Farmakogenetyka: CYP2C9*2, CYP2C9*3.	Analiza wariantu CYP2C9*2 (c.430C>T, rs1799853) oraz CYP2C9*3 (c.1075A>C, rs1057910) metodą qPCR (zestaw gb PHARM Warfarin, CE-IVD).	300*	LGK_14_1	*kod procedury izolacji kwasów	
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	*kod procedury izolacji kwasów	GENETYKA MOLEKULARNA	
							izolacja kwasów nukleinowych	
	LGK_14_1	Izolacja DNA (krew, szpik)	Izolacja DNA z krwi obwodowej lub szpiku.	Izolacja DNA z krwi obwodowej lub szpiku (ChemagC-350).	120	-----		
	LGK_14_6	Izolacja DNA (FFPE)	Izolacja DNA z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	Izolacja DNA z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	120	-----		
	LGK_14_7	Izolacja DNA (gamiocyty)	Izolacja DNA z komórek pynu owodniowego lub komórek po hodowli <i>in vitro</i> .	Izolacja DNA z komórek pynu owodniowego lub komórek po hodowli <i>in vitro</i> . Procedura nie obejmuje analizy kontaminacji uzyskanego DNA materiałem matczynym.	100	-----		
	LGK_14_8	Izolacja cDNA (krew)	Izolacja cDNA z krwi obwodowej.	Izolacja krążącego DNA (cell free circulating DNA) z krwi obwodowej.	300	-----		
	LGK_14_9	Izolacja DNA (wymazówka)	Izolacja DNA z komórek nabłonka policzka.	Izolacja DNA z komórek nabłonka policzka.	100	-----		
	LGK_14_10	Izolacja DNA i RNA (FFPE)	Izolacja DNA i RNA z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	Izolacja DNA i RNA (TNA) z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	180	-----		
	LGK_14_12	Izolacja DNA (tkanka, komórki po hodowli <i>in vitro</i>)	Izolacja DNA z tkanki nieutrwalonej lub z komórek po hodowli <i>in vitro</i> .	Izolacja DNA z tkanki nieutrwalonej lub komórek po hodowli <i>in vitro</i> (np. fibroblastów).	100	-----		
	LGK_14_13	Izolacja DNA, mała objętość (krew, szpik)	Izolacja DNA z krwi obwodowej lub szpiku.	Izolacja DNA z krwi obwodowej lub szpiku metodą kolumnkową.	100	-----		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinihNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA MOLEKULARNA	analiza w kierunku określonego wariantu typu SNV lub CNV	LGK_14_3 [NFZ] Wariant (Sanger) Analiza wariantu punktowego występującego w rodzinie.	Analiza kosegregacji wariantu genetycznego występującego w rodzinie przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badanie dotyczy wyłącznie procedur będących w ofercie.	300*	LGK_14_1	
	LGK_14_4 [NFZ] Wariant (MLPA)	Analiza dużej delecji/duplikacji występującej w rodzinie.	Analiza kosegregacji wariantu genetycznego występującego w rodzinie przy użyciu techniki MLPA. Badanie dotyczy wyłącznie procedur będących w ofercie.	550*	LGK_14_1	
	LGK_14_5 [NFZ] Wariant (po uzgodnieniu)	Analiza sekwencji wybranych loci przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	Badanie wykonywane wyłącznie, gdy na skierowaniu dokładnie określono wybrane loci lub podano precyzyjny zapis wariantu (zapis na poziomie DNA i białka wraz z podaną sekwencją referencyjną) lub kopia wyniku referencyjną lub kopia wyniku probanta.	600*	LGK_14_1	
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinihNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA MOLEKULARNA	analiza bioinformatyczna	LGK_15_1_1 [NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów LDLR, PCSK9, APOE, LDLRAP1 oraz fragmentu eksonu 26 genu APOB techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).	500	-----
	LGK_15_1_2 [NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_HL_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_HL_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów APOA5, APOC4, APOE, CREB3L3, GPD1, GPIIbP1, LMF1 oraz LPL techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HTG_v1).	500	-----	
	LGK_15_1_3 [NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_HTG_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_HTG_v1).	Analiza sekwencji kodującej genu TFS3 przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_LE_v1).	500	-----	
	LGK_15_3_1 [NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_LE_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_LE_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów BRCA1 i BRCA2 techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_M-1_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germlinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.****	500	-----	
	LGK_15_3_2 [NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-1_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZCHN_M-1_v1).				-----

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - KliniNet	Nazwa badania	Opis badania	(zł) od 1 grudnia 2023	Izolacji kwasów												
GENETYKA MOLEKULARNA	analiza bioinformatyczna	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów												
							LGK_15_3_3	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-II_FAP_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZCHN_M-II_FAP_v1).	Analiza sekwencji genów APC, MUTYH - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-II_FAP_v1).	500	-----						
							LGK_15_3_4	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-II_HNPCC_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZCHN_M-II_HNPCC_v1).	Analiza sekwencji genów MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, 3'UTR EPCAM - Sureselect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-II_HNPCC_v1).	500	-----						
							LGK_15_3_5	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_TH_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_TH_v1).	Analiza sekwencji kodującej genu RET przy użyciu sekwencjonowania NGS, Sureselect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_TH_v1).	500	-----						
							LGK_15_3_6	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_FPC_core_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_FPC_core_v1).	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2, STK11, TP53 - Sureselect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_FPC_core_v1).	500	-----						
							LGK_15_3_7	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-I_v2)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZCHN_M-I_v2).	Analiza sekwencji kodującej genów BRCA1, BRCA2, CHEK2 oraz PALB2 techniką sekwencjonowania NGS, Sureselect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-I_v2).	500	-----						
							ONKOGENETYKA	hematologia	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów					
							LGK_20_1_1							[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (karotyp)	Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli in vitro komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prąkowej GTW.	485	-----
							LGK_20_2_3							[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Analiza FISH konkretnych nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie laboratorium, *** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	450	-----
							LGK_20_2_4							[NFZ] Chłoniaki wysokie agresywne HGBU/BL; fuzja IGH:MYC t(8;14)(q24;q32); sonda fuzyjna	Chłoniaki wysokie agresywne HGBU/BL. Analiza fuzji genów IGH:MYC, t(8;14)(q24;q32), metodą FISH.	Analiza fuzji genów IGH-MYC z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych.	530	-----
LGK_20_2_5	[NFZ] Chłoniaki agresywne HGBU/DLBC; rearanżacje MYC (8q24), BCL2 (18q21) i BCL6 (3q27); sondy B-A	Chłoniaki agresywne HGBU/DLBC. Analiza rearanżacji genów MYC (8q24), BCL2 (18q21), BCL6 (3q27) metodą FISH.	Analiza rearanżacji wybranych genów (MYC, BCL2, BCL6) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu trzech zestawów sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	1380	-----													

Nazwa badania - Clinifinet		Nazwa badania		Opis badania		(z) od 1. grudnia 2023		Przebieg choroby	
ONKOGENETYKA									
hematologia									
LGK_20_2_6	[NFZ] Chłoniaki agresywne - HGBL/BL/DLBCl; rearanżacja MYC (8q24); sonda B-A	Chłoniaki agresywne HGBL/BL/DLBCl. Analiza rearanżacji genu MYC (8q24) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu MYC z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart.	530	-----				
LGK_20_2_16	[NFZ] CLL - TP53, ATM (FISH)	Diagnostyka CLL - FISH (panel z sond: TP53, ATM)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delecji genów TP53 (17p13.1) i ATM (11q22.3), na rozmazach krw./szpiku kostnego.	750	-----				
LGK_20_3_1	[NFZ] Mastocytoza (KIT)	Analiza wariantu p.D816V genu KIT.	Analiza w kierunku wariantu p.D816V genu KIT metodą qPCR.	400*	LGK_14_1				
LGK_20_3_3	[MZ] Chimeryzm (PRE, dawca)	Analiza profilu DNA dawcy. program NFZ	Analiza profilu DNA dawcy wymagana w celu oznaczenia chimeryzmu poprzez szerepowego zgodnie z procedurą LGK_20_3_5 (zestaw PowerPlex 16 HS System).	370*	LGK_14_1				
LGK_20_3_4	[MZ] Chimeryzm (PRE, biorca)	Analiza profilu DNA biorcy. program NFZ	Analiza profilu DNA biorcy wymagana w celu oznaczenia chimeryzmu poprzez szerepowego zgodnie z procedurą LGK_20_3_5 (zestaw PowerPlex 16 HS System).	370*	LGK_14_1				
LGK_20_3_5	[MZ] Chimeryzm (POST)	Analiza chimeryzmu poprzez szerepowego. program NFZ	Oznaczenie chimeryzmu poprzez szerepowego przy użyciu zestawu PowerPlex 16 HS System. Analiza chimeryzmu wykonywana na podstawie analizy wyników uzyskanych w procedurze LGK_20_3_3, LGK_20_3_4 oraz LGK_20_3_5.	450*	LGK_14_1				
LGK_20_3_7	[MZ] AML, MPN, MDS (Core Myeloid, NGS)	Analiza sekwencji kodującej 37 genów - panel VariantPlex Core Myeloid, Archer Millennium P-3001 Poland	Analiza wybranych mutacji (punktowych) techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych w obrębie genów: ABL1, ANKRD26, ASX1, BCR, BRAF, CALR, CB, C8orf94, CCF2, CEBPA, DDX41, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, UZAF1, VTI1, ZRSR2. ****	3300*	LGK_14_1				
LGK_20_3_9	[NFZ] CLL (TP53) NGS	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 (NGS). program lekowy - Ibrutinib	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	2850*	LGK_14_1				
LGK_40_2_1	[NFZ] Głojak, FPE (Ip/19q)	Analiza kodelacji 1p / 19q metodą FISH.	Analiza delecji 1p oraz delecji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (loci: 1p36;1q25/ 19q13;19p13) Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	780	-----				

badanie	rodzaj badania	nazwa badania – umiwnet	nazwa badania	opis badania	[z] od 1 stycznia 2023	procedury kodacji
ONKOGENETYKA						
guzy lite						
LGK_40_2_2	[NFZ]	Neuroblastoma (MYCN)	Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: preparat oddzielony fragmentu guza.	480	-----
LGK_40_2_3	[NFZ]	Neuroblastoma, FFP (MYCN)	Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
LGK_40_2_4	[NFZ]	Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFP (ALK)	Analiza rearanzacji genu ALK (2p23) metodą FISH.	Analiza rearanzacji genu ALK z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE). Badanie uzupełniające po badaniu immunohistochemicznym.	500	-----
LGK_40_2_5	[NFZ]	Myxoid/round cell liposarcoma, FFP (DDIT3)	Analiza rearanzacji genu DDIT3 (CHOP) (12q13) metodą FISH.	Analiza rearanzacji genu DDIT3 (CHOP) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
LGK_40_2_6	[NFZ]	PNET, FFP (EWSR1)	Analiza rearanzacji genu EWSR1 (22q12) metodą FISH.	Analiza rearanzacji genu EWSR1 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
LGK_40_2_7	[NFZ]	Rak piersi, rak żółtądk, FFP (HER2)	Analiza amplifikacji ERBB2 (HER2) (17q12) metodą FISH.	Analiza genu ERBB2 (HER2) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: ERBB2/CCP1). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
LGK_40_2_8	[NFZ]	Synowialne sarcoma, FFP (SYT)	Analiza rearanzacji genu SS18 (SYT) (18q11) metodą FISH.	Analiza rearanzacji genu SS18 (SYT) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
LGK_40_2_10	[NFZ]	Dedifferentiated liposarcoma, FFP (MDM2)	Analiza amplifikacji genu MDM2 (12q15) metodą FISH.	Analiza genu MDM2 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MDM2/CCP12). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena referencyjna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów nukleinowych
	LGK_40_2_13	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ROS1)	Analiza rearanzacji genu ROS1 (9q22) metodą FISH.	Analiza rearanzacji genu ROS1 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	LGK_40_2_14	[NFZ] Mucoepidermoid Carcinoma, FFPE (MAML2)	Analiza rearanzacji genu MAML2 (11q21) metodą FISH.	Badanie: uzależniane do badania immunohistochemicznym. Analiza rearanzacji genu MAML2 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	600	-----
	LGK_40_2_15	[NFZ] Pilocytic Astrocytoma, FFPE (BRAF-KIAA1549)	Analiza fuzji genów BRAF-KIAA1549 (7q34;7q34) metodą FISH.	Analiza fuzji genów BRAF-KIAA1549 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu dual-fusion. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	600	-----
	LGK_40_3_2	[NFZ] GIST (KIT, PDGFRA)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT oraz PDGFRA.	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu KIT oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu PDGFRA w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_6
	LGK_40_3_3	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca (EGFR)	Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_6
	LGK_40_3_4	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, ctDNA (EGFR)	Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR (ctDNA). program lekowy - OxymerTn1b	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w ctDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_8
	LGK_40_3_5	[NFZ] Neuroblastoma (ALK)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu ALK.	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu ALK w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu ALK obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	450*	LGK_14_6
	LGK_40_3_9	[NFZ] Rak jelita grubego (KRAS)	Analiza najczęstszych wariantów genu KRAS.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu KRAS w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu KRAS obejmuje 28 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*	LGK_14_6

Rodzaj badania	ONKOGENETYKA		Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów nukleinowych	
	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet					
ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa	guzy lite	LGK_40_3_10	[NFZ] Rak jelicia grubego, czerniak (NRAS, BRAF)	Analiza najczęstszych wariantów genów NRAS i BRAF.	500*	LGK_14_6	
		LGK_40_3_11	[NFZ] Rak gruczoły, czerniak (KIT)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT.	600*	LGK_14_6	
		LGK_40_3_16	[NFZ] Rak piersi (PIK3CA)	Analiza najczęstszych wariantów genu PIK3CA.	600*	LGK_14_6	
		LGK_40_3_22	[NFZ] MSI	Analiza niestabilności mikrosatelitarnej.	550*	LGK_14_1 LGK_14_6	
					Analiza markerów mikrosatelitarnej w DNA izolowanym z tkanki nowotworowej (FFPE) oraz tkanki zdrowej tego samego pacjenta w celu określenia statusu niestabilności mikrosatelitarnej (MSI) nowotworu (zestaw OncoMate MSI Dx Analysis System, CE-IVD).		
	hematologia						
		LGK_30_1_1	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (kariotyp)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prądkowej GTW.	485	-----
		LGK_30_1_2	Diagnostyka chorób rozrostowych - mielodolalnych (kariotyp, FISH x5)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka chorób rozrostowych - mielodolalnych (kariotyp + FISH (panel 5 sond: del5q, del7q, KMT2A, MECOM, TP53))	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prądkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji 5q (EGR1), 7q (KMT2E), TP53 (17p13.1) oraz reanizacji KMT2A (11q23.3), MECOM (3q26.2).	2200	-----
		LGK_30_1_3	Diagnostyka chorób rozrostowych - mielodolalnych (kariotyp, MECOM)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka chorób rozrostowych - mielodolalnych (kariotyp + FISH (MECOM))	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prądkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji reanizacji genu MECOM (3q26.2) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	800	-----
		LGK_30_1_4	Diagnostyka ALL u dorosłych (kariotyp, FISH x3)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dorosłych - kariotyp + FISH (panel 3 sond: KMT2A, TCF, IGH)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prądkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji reanizacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) i IGH (14q32.33) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	1580	-----
LGK_30_1_5	Diagnostyka ALL u dorosłych (kariotyp, FISH x5)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dorosłych - kariotyp + FISH (panel 5 sond: KMT2A, TCF3, IGH, ETV/RUNX, MYC)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prądkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji reanizacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3), IGH (14q32.33), MYC (8q24) oraz obecności fuzji ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2200	-----		

Podział badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	(zł) od 1 grudnia 2023	Izolacji kwasów
	LGIK_30_1_10	Diagnostyka ALL u dzieci (karotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - karotyp + FISH (panel 5 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3, TP53)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji genu TP53 (17p13.1), rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::2q11.23) i ETV6::RUNX1 (2q13.2::2q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2100	-----
	LGIK_30_1_11	Diagnostyka ALL u dzieci (karotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - karotyp + FISH (panel 6 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3, TP53 + KMT2A/AF1)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji genu TP53 (17p13.1), rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::2q11.23), ETV6::RUNX1 (2p13.2::2q22.12) i KMT2A::AF1 (4p31.3::11q23.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2385	-----
	LGIK_30_1_12	Diagnostyka ALL u dzieci (karotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - karotyp + FISH (panel 6 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3, TP53 + TCF3/PBX1)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji genu TP53 (17p13.1), rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::2q11.23), ETV6::RUNX1 (2p13.2::2q22.12), TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2410	-----
	LGIK_30_1_13	Diagnostyka ALL u dzieci (karotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - karotyp + FISH (panel 7 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3, TP53 + TCF3/PBX1, +TCF3/HLF)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji genu TP53 (17p13.1), rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::2q11.23), ETV6::RUNX1 (2p13.2::2q22.12), TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) oraz TCF3::HLF	2825	-----
	LGIK_30_1_14	Diagnostyka chorób rozrostowych - mielodialnych (karotyp, FISH x6)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka chorób rozrostowych mielodialnych - karotyp + FISH (panel 6 sond: del(7q), KMT2A, MECOM, TP53, NUP124)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji 5q (FGFR1), 7q (KMT2E), TP53 (17p13.1) oraz rearanżacji KMT2A (11q23.3), MECOM (3q26.2) i NUP124 (9q34.13).	2550	-----
	LGIK_30_1_15	Diagnostyka ALL u dorosłych (karotyp, FISH x6)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dorosłych - karotyp + FISH (panel 6 sond: KMT2A, TCF3, IGH, ETV/RUNX, MYC i CRLF2)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3), IGH (14q32.33), MYC (8q24) CRLF2 (1p22.3) Yp11.3) oraz obecności fuzji ETV6::RUNX1 (2p13.2::2q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2495	-----

ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ		Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów nukleinowych
		hematologia						
	LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie Laboratorium. * Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	450	-----		
	LGK_30_2_3	Chłoniaki wysokie agresywne HGBL/BL; fuzja IGH::MYC t(8;14)(q24;q32); sonda fuzyjna	Podstawowe badanie genetyczne. Chłoniaki wysokie agresywne HGBL/BL. Analiza fuzji genów IGH::MYC; t(8;14)(q24;q32); metoda FISH.	Analiza fuzji genów IGH-MYC z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	530	-----		
	LGK_30_2_5	Chłoniaki agresywne HGBL/DLBCL; rearanżacja MYC (8q24), BCL2 (18q21) i BCL6 (3q27); sondy break-apart	Złożone badanie genetyczne. Chłoniaki agresywne HGBL/DLBCL. Analiza rearanżacji genów MYC (8q24), BCL2 (18q21), BCL6 (3q27) metodą FISH.	Analiza rearanżacji wybranych genów (MYC, BCL2, BCL6) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu trzech zestawów sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	1380	-----		
	LGK_30_2_6	Chłoniaki agresywne - HGBL/BL/DLBCL; rearanżacja MYC (8q24); sonda break-apart	Podstawowe badanie genetyczne. Chłoniaki agresywne HGBL/BL/DLBCL. Analiza rearanżacji genu MYC (8q24) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu MYC z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	530	-----		
	LGK_30_2_7	MM (FISH)	Złożone badanie genetyczne. Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem 2 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych loci z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 2 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium**, zgodnie ze schematem diagnostycznym.** Materiał analityczny: szpik kostny.	1370	-----		
	LGK_30_2_9	MM - separacja komórek CD138+	Separacja immunomagnetyczna komórek szpiku CD138+.	Separacja immunomagnetyczna komórek szpiku CD138+ przy użyciu zestawu EasySep (STEMCELL Technologies).	570	-----		
	LGK_30_2_10	Chłoniaki indolentne FL; fuzja IGH::BCL2 t(14;18)(q32;q21); sonda fuzyjna	Podstawowe badanie genetyczne. Chłoniaki indolentne FL. Analiza fuzji genów IGH::BCL2 t(14;18)(q32;q21) metodą FISH.	Analiza fuzji genów IGH-BCL2 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----		
	LGK_30_2_11	Chłoniak MCL; fuzja IGH::CCND1 t(11;14)(q13;q32) metodą; sonda fuzyjna	Podstawowe badanie genetyczne. Chłoniak MCL. Analiza fuzji genów IGH::CCND1 t(11;14)(q13;q32) metodą FISH.	Analiza fuzji genów IGH-CCND1 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----		
	LGK_30_2_12	Chłoniaki indolentne MZL; fuzja MALT1::BIRC3 t(11;18)(q22;q21); sonda fuzyjna	Podstawowe badanie genetyczne. Chłoniaki indolentne MZL. Analiza fuzji genów MALT1::BIRC3 t(11;18)(q22;q21) metodą FISH.	Analiza fuzji genów MALT1-BIRC3 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	560	-----		
	LGK_30_2_13	CLL - TP53, ATM, del 13q, cep 12 (FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka CLL - FISH (panel 4 sond: TP53, ATM, del13q, cep12)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji TP53 (17p13.1), ATM (11q22.3), 13q (D13S519) oraz liczby kopii chromosomu 12 (cep12).	1295	-----		
	LGK_30_2_14	AML promielocytowa (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Diagnostyka AML promielocytowa - FISH (PML/RARA)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji fuzji genów PML::RARA (15q24::17q21.2) na rozmazach szpiku kostnego.	480	-----		

ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ

Podział badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	(z) od 1 grudnia 2023	procedury izolacji kwasów
hematologia	LGK_30_2_15	AML promielocytowa (FISH)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka AML promielocytowa - FISH (panel 2 sond - PML/RARA + RARA break apart)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji fuzji genów PML::RARA (15q24::1:7q21.2) oraz rearatacji genu RARA (17q21.1-21.2) na rozmazach szpiku kostnego.	795	-----
	LGK_30_2_16	CLL - TP53, ATM (FISH)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka CLL - FISH (panel 2 sond: TP53, ATM)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji genów TP53 (17p13.1) i ATM (11q22.3) na rozmazach krwi/szpiku kostnego.	750	-----
	LGK_30_2_17	MM (FISH - 3 sondy - chr.1, TP53, IGH)	Złożone badanie genetyczne. Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem od 3 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych loci z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 3 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium ***, zgodnie ze schematem diagnostycznym. ** Materiał analityczny: szpik kostny.	1640	-----
	LGK_30_2_18	MM (FISH - 6 sond - chr.1, TP53, IGH + partnery IGH)	Złożone badanie genetyczne. Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem 6 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych loci z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 6 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium ***, zgodnie ze schematem diagnostycznym. ** Materiał analityczny: szpik kostny.	2590	-----
	LGK_30_2_19	Chłoniaki indolentne – panel F/L/MZL; fuzja IGH::BCL2 t(14;18)(q32;q21) oraz fuzja MALT1::BIRC3 t(11;18)(q22;q21); sonda fuzyjowa	Złożone badanie genetyczne. Chłoniaki indolentne – panel F/L/MZ. Analiza fuzji genów IGH::BCL2(t(4;18)(q32;q21) oraz fuzji genów MALT1::BIRC3 t(11;18)(q22;q21) metodą FISH.	Analiza fuzji genów IGH::BCL2 oraz fuzji genów MALT1::BIRC3 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	935	-----
	LGK_30_2_20	Chłoniaki wysokie agresywne – panel HGBL/BL; rearatacja MYC (8q24) (sonda break-apart) i rearatacje długi ramię chromosomu 11 t(11q23;11q24)	Złożone badanie genetyczne. Chłoniaki wysokie agresywne – panel HGBL/BL. Analiza rearatacji genu MYC (8q24) oraz rearatacji długi ramię chromosomu 11 t(11q23;11q24) metodą FISH.	Analiza rearatacji genu MYC (8q24) z zastosowaniem sondy typu break-apart oraz rearatacji długi ramię chromosomu 11 z zastosowaniem sondy amplifikacyjno-delecyjnej. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	935	-----
	LGK_30_2_21	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego - FISH na materiale utrwalonym FFPE	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza FISH utrwalonych komórek nowotworowych (FFPE) z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie Laboratorium. * Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550	-----
	LGK_30_3_7	AML, MPN, MDS (Core Myeloid, NGS)	Zaawansowane badanie genetyczne. Analiza sekwencji kodującej 37 genów - panel Variantplex Core Myeloid, Archer	Analiza wybranych mutacji punktowych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych w obszarze genów: ABL1, ANKRD26, ASXL1, BCR, BRAF, CALR, CBL, CBP4, CSF3R, DDIT4, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, IDH1, IDH2, LAM2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, B2M, PTPN11, RUVBL1, SETD1, SRSF1.	3300*	LGK_14_1
	LGK_30_3_9	CLL (TP53) NGS	Złożone badanie genetyczne. Analiza sekwencji kodującej genu TP53 (NGS).	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	2850*	LGK_14_1
	LGK_50_2_1	Glejak, FFPE (1p/19q)	Złożone badanie genetyczne. Analiza delekcji 1p/19q metodą FISH.	Analiza delekcji 1p oraz delekcji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (loci: 1p36:1q25/ 19q13:19p13). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	780	-----
	LGK_50_2_2	Neuroblastoma (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: preparat odciskowy fragmentu guza.	480	-----
	LGK_50_2_3	Neuroblastoma, FFPE (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	LGK_50_2_4	Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ALK)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza rearatacji genu ALK (2p23) metodą FISH.	Analiza rearatacji genu ALK z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE). Badanie uzależniające od badania immunohistochemicznego.	500	-----

Rodzaj badania	ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ				(zł) od 1 grudnia 2023	izolacji kwasów
	guzy lite					
	L6K_50_2_5	Myoid/round cell liposarcoma, FFPE (DDIT3)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji <i>DDIT3</i> (<i>CHOP</i>) (12q13) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>DDIT3</i> (<i>CHOP</i>) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_6	PNET, FFPE (EWSR1)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji <i>EWSR1</i> (22q12) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>EWSR1</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_7	Rak piersi, rak złośliwy, FFPE (HER2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji <i>ERBB2</i> (<i>HER2</i>) (17q12) metodą FISH.	Analiza genu <i>ERBB2</i> (<i>HER2</i>) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: <i>ERBB2</i> / <i>CCP17</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_8	Synowial sarcoma, FFPE (SYT)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji <i>SS18</i> (<i>SYT</i>) (18q11) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>SS18</i> (<i>SYT</i>) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_10	Dedifferentiated liposarcoma, FFPE (MDM2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji genu <i>MDM2</i> (12q15) metodą FISH.	Analiza genu <i>MDM2</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: <i>MDM2</i> / <i>CCP12</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_13	Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ROS1)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu <i>ROS1</i> (6q22) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>ROS1</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_14	Mucopidernoid Carcinoma, FFPE (MAML2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu <i>MAML2</i> (11q12) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>MAML2</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu break-apart. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	L6K_50_2_15	Piloicytic Astrocytoma, FFPE (BRAF-KIAA1549)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza fuzji genów <i>BRAF-KIAA1549</i> (7q34;7q34) metodą FISH.	Analiza fuzji genów <i>BRAF-KIAA1549</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu dual-fusion. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	(zł) od 1 grudnia 2023	Izolacji kwasów
guzy łfte		LGK_50_3_2	GIST (KIT, PDGFRA)	Złożone badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT oraz PDGFRA	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu KIT oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu PDGFRA w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_6
		LGK_50_3_3	Niedrobnokomórkowy rak płuca (EGFR)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_6
		LGK_50_3_4	Niedrobnokomórkowy rak płuca, ctDNA (EGFR)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR (ctDNA)	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w ctDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_8
		LGK_50_3_5	Neuroblastoma (ALK)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu ALK	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu ALK w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu ALK obejmuje m.in. warianty p.L1155R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	450*	LGK_14_6
		LGK_50_3_9	Rak jelita grubego (KRAS)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu KRAS	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu KRAS w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu KRAS obejmuje 28 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*	LGK_14_6
		LGK_50_3_10	Rak jelita grubego, czerniak (NRAS, BRAF)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu NRAS i BRAF	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu NRAS i BRAF w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu NRAS obejmuje 25 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A18, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146. Badany region genu BRAF obejmuje 11 wybranych wariantów w kodonach: p.G469.	500*	LGK_14_6
		LGK_50_3_11	Rak gruczoły, czerniak (KIT)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu KIT w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_6
		LGK_50_3_12	Rak płuca (Lung, NGS)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych - panel 14 genów FusionPlex Lung, Archer	Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (FusionPlex Lung v2, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych, w tym delecji/insercyjnych, w wybranych fragmentach genów: ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, KRAS, MET, NRG1, NTRK1, PIK3CA, RET, ROS1 oraz wykrycie fuzji wariantów splecionych oraz tzw.	3150*	LGK_14_10
		LGK_50_3_16	Rak piersi (PIK3CA)	Proste badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu PIK3CA	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu PIK3CA w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 17 wybranych wariantów w eksonach 2, 5, 8, 10 i 21 genu PIK3CA.	600*	LGK_14_6
		LGK_50_3_17	Rak piersi (NGS, FFPE) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_Brca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji:****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinikNet	Nazwa badania	Opis badania	(zł) od 1 grudnia 2023	izolacji kwasów
	ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ					
	guzy lite					
	LGK_50_3_18	Rak jajnika (NGS, FFPET) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04, subpanel_04ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearranżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_19	Rak trzonu macicy (NGS, FFPET) - POLE, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów POLE, TP53.	Analiza sekwencji genów POLE, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearranżacji. ****	2850*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_20	Rak trzustki (NGS, FFPET) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearranżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_21	Rak prostaty (NGS, FFPET) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearranżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_22	MSI	Proste badanie genetyczne Analiza niestabilności mikrosatelitarnej.	Analiza markerów mikrosatelitarnych w DNA izolowanym z tkanki nowotworowej (FFPE) oraz tkanki zdrowej tego samego pacjenta w celu określenia statusu niestabilności mikrosatelitarnej (MSI) nowotworu (zestaw OncoMate MSI Dx Analysis System, CE-IVD).	550*	LGK_14_1 LGK_14_6

*cena NIE zawiera kosztu izolacji materiału genetycznego

** schematy diagnostyczne dostępne w LGK

*** lista sond do techniki FISH dostępna w LGK

**** szczegóły panelu dostępne w LGK