

LABORATORIUM GENETYKI KLINICZNEJ

 cennik zewnętrzny - obowiązuje od **1 marca 2022 roku**

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
BADANIA PRENATALNE	badania cytoogenetyczne	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 prążkowej GTW.	329	----
		LGK_1_2_2	[NFZ] Kariotyp - amniocyty	Analiza kariotypu amniocytów.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> amniocytów z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	730	----
		LGK_1_2_3	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie <u>uzupełniające</u> analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi płodowej lub amniocytów. Analiza wybranego <i>locus</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	----
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna	LGK_2_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 prążkowej GTW.	329	----
		LGK_2_1_2	[NFZ] Kariotyp - fibroblasty	Analiza kariotypu fibroblastów.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> fibroblastów z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	690	----
		LGK_2_1_3	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie <u>uzupełniające</u> analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego <i>locus</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	----
		LGK_2_1_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.	1900*	----

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna	LGK_2_2_1	[NFZ] Achondroplazja (<i>FGFR3</i>)	Achondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku wariantu c.1138G>A (p.Gly380Arg) genu <i>FGFR3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*	LGK_14_1
		LGK_2_2_2	[NFZ] Zespół Angelmana (<i>MS-MLPA</i>)	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 (<i>FGFR3</i>)	Hypochondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>FGFR3</i> (p.Ile538; p.Asn540; p.Lys650) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	250*	LGK_14_1
		LGK_2_2_4	[MZ] Stwardnienie guzowate (<i>TSC1</i> , <i>TSC2</i>)	Stwardnienie guzowate (OMIM *605284, *191092). program lekowy - Eworolimus	Analiza sekwencji kodującej genów <i>TSC1</i> i <i>TSC2</i> 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 łamiwego chromosomu X (powtórzenia CGG)	Zespół łamiwego chromosomu X (FXS) (OMIM #300624).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie <i>FMR1</i> pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw AmpliDeX FMR1 PCR, CE-IVD).	470*	LGK_14_1
		LGK_2_2_6	[NFZ] Zespół Leopard (<i>PTPN11</i> , <i>RAF1</i>)	Zespół Leopard (OMIM #151100).	Analiza sekwencji eksonów 7, 12 i 13 genu <i>PTPN11</i> oraz eksonów 6, 13 i 16 genu <i>RAF1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1
		LGK_2_2_7	[NFZ] Zespół Noonan (<i>PTPN11</i>)	Zespół Noonan (OMIM *176876).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>PTPN11</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1200*	LGK_14_1
		LGK_2_2_8	[NFZ] Zespół Pradera-Williego (<i>MS-MLPA</i>)	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 (<i>MECP2</i>)	Zespół Retta (OMIM *300005).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MECP2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_1
		LGK_2_2_10	[NFZ] Zespół Retta, congenital variant (<i>FOXG1</i>)	Zespół Retta, congenital variant (OMIM *164874).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>FOXG1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
		LGK_2_2_11	[NFZ] Głuchota wrodzona DFNB1, AR (<i>GJB2</i>)	Głuchota wrodzona, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>GJB2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	250*	LGK_14_1
		LGK_2_2_12	[NFZ] Miotonia Thomsena, Beckera (<i>CLCN1</i>)	Miotonia wrodzona, AD, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>CLCN1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1300*	LGK_14_1
		LGK_2_2_13	[NFZ] DMD (<i>MLPA</i>)	Dystrofia Duchena/Beckera (OMIM *300377).	Analiza liczby kopii genu <i>DMD</i> testem MLPA (P034 oraz P035, MRC-Holland).	550*	LGK_14_1
		LGK_2_2_14	[NFZ] SMA (<i>SMN1/2</i>)	Rdzeniowy zanik mięśni, SMA (OMIM *600354).	Analiza liczby kopii eksonu 7 genu <i>SMN1</i> oraz genu <i>SMN2</i> zestawem AmpliDeX SMA Plus Kit (CE-IVD).	330*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	zaburzenia płodności	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 prążkowej GTW.	329	----
		LGK_3_1_2	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie <u>uzupełniające</u> analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego <i>locus</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	----
		LGK_3_2_2	[NFZ] Przedwczesne wygasanie czynności jajników (powtórzenia CGG)	Przedwczesne wygasanie czynności jajników (FXPOF) (OMIM #311360).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie <i>FMR1</i> pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw AmplideX FMR1 PCR, CE-IVD).	470*	LGK_14_1
		LGK_3_2_3	[NFZ] Zespół BPES (<i>FOXL2</i>)	Zespół BPES (OMIM *605597).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>FOXL2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
	zaburzenia metabolizmu	LGK_5_1	[NFZ] Amyloidozą transtyretynową (<i>TTR</i>)	Amyloidozą transtyretynową (OMIM *176300).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TTR</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	470*	LGK_14_1
		LGK_5_2	[NFZ] Deficyt alfa1-antytrypsyny (<i>SERPINA1</i>)	Deficyt alfa1-antytrypsyny (OMIM *107400).	Analiza w kierunku wariantów p.Glu366Lys (allel Z) oraz p.Glu288Val (allel S) genu <i>SERPINA1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	300*	LGK_14_1
		LGK_5_3	[NFZ] Deficyt MCAD (<i>ACADM</i>)	Deficyt dehydrogenazy acylo-CoA średniołańcuchowych kwasów tłuszczowych - MCAD (OMIM *607008).	Analiza w kierunku wariantu p.Lys304Glu genu <i>ACADM</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*	LGK_14_1
		LGK_5_4	[NFZ] Deficyt LCHAD (<i>HADHA</i>)	Deficyt dehydrogenazy długołańcuchowych kwasów tłuszczowych - LCHAD (OMIM *600890).	Analiza w kierunku wariantu p.Glu510Gln genu <i>HADHA</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*	LGK_14_1
		LGK_5_5	[NFZ] Gorączka śródziemnomorska (<i>MEFV</i>)	Gorączka śródziemnomorska (OMIM *608107).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MEFV</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	900*	LGK_14_1
		LGK_5_6	[NFZ] MODY (NGS)	Cukrzyca monogenowa.	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BCC8</i> , <i>GCK</i> , <i>HNF1A</i> , <i>HNF4A</i> , <i>HNF1B</i> , <i>INS</i> oraz <i>KCNJ11</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (Agilent). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	2050*	LGK_14_1
		LGK_5_7	[NFZ] Fenyloketonuria (PAH).	Fenyloketonuria (OMIM *612349).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>PAH</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1000*	LGK_14_1
		LGK_5_8	[NFZ] Zespół Gilberta (<i>UGT1A1</i>)	Zespół Gilberta (OMIM# 143500).	Analiza regionu promotorowego genu <i>UGT1A1</i> w celu identyfikacji allelu prawidłowego zawierającego 6 powtórzeń TA oraz wariantu patogenicznego zawierającego 7 powtórzeń TA, tzw. A(TA)6TAA oraz A(TA)7TAA (zestaw gb GENETIC Gilbert, CE-IVD).	180*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	nowotwory rodzinne i zespoły związane z nowotworami	LGK_6_1	[NFZ] Zespół Legius (<i>SPRED1</i>)	Zespół Legiusa (OMIM *609291).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SPRED1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1
		LGK_6_2	[NFZ] Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (<i>BRCA1</i>)	Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>BRCA1</i> w polskiej populacji techniką HRM i weryfikowaną sekwencjonowaniem bezpośrednim metodą Sangera. Badany region obejmuje pięć wybranych wariantów, najczęstszych w polskiej populacji, w eksonach 2, 5, 11 i 20 genu <i>BRCA1</i> (c.68_69delAG, c.181T>G, c.3700_3704delGTAAA, c.4035delA, c.5266dupC).	170*	LGK_14_1
		LGK_6_5	[MZ] Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (<i>CHEK2, PALB2</i>)	Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł I)	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genów <i>CHEK2</i> oraz <i>PALB2</i> w polskiej populacji techniką HRM i/lub ASA-PCR oraz weryfikowaną sekwencjonowaniem bezpośrednim metodą Sangera. Badany region obejmuje trzy wybrane warianty genu <i>CHEK2</i> : c.444+1G>A, c.1100delC, delecję eksonów 9 i 10 (del5395) oraz dwa wybrane warianty genu <i>PALB2</i> : c.172_175delTTGT, c.509_510delGA.	350*	LGK_14_1
		LGK_6_8	[MZ] Zespół Peutza Jeghersa (<i>STK11</i>)	Zespół Peutza Jeghersa (OMIM #175200). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł II)	Analiza sekwencji kodującej genu <i>STK11</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1
		LGK_6_9	[MZ] Zespół polipowatości młodzieńczej (<i>BMPR1A, SMAD4</i>)	Zespół polipowatości młodzieńczej (OMIM #174900). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł II)	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BMPR1A, SMAD4</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1700*	LGK_14_1
		LGK_6_12	[NFZ] Zespół von Hippel-Lindaua (<i>VHL</i>)	Zespół von Hippel-Lindaua (OMIM #193300).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>VHL</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
		LGK_6_13	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (<i>SDHB</i>)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *185470).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHB</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1
		LGK_6_14	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (<i>SDHD</i>)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *602690).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHD</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	470*	LGK_14_1
		LGK_6_15	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (<i>SDHC</i>)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM *602413).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHC</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	570*	LGK_14_1
		LGK_6_16	[NFZ] Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (<i>MEN1</i>)	Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (OMIM #131100).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MEN1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	750*	LGK_14_1
		LGK_6_19	[NFZ] Zespół Cowdena (<i>PTEN</i>)	Zespół Cowdena (OMIM *601728).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>PTEN</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	820*	LGK_14_1
		LGK_6_20	[NFZ] Zespół Nijmegen (<i>NBS</i>)	Zespół Nijmegen (OMIM *602667)	Analiza sekwencji eksonu 6 w kierunku wariantu c.657_661del p.(Lys219Asnfs*16) genu <i>NBN</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	180*	LGK_14_1
		LGK_6_21	[NFZ] Zespół Li-Fraumeni (<i>TP53, NGS</i>)	Zespół Li-Fraumeni (OMIM *191170).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_LF_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych. ****	2000*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	nowotwory rodzinne i zespoły związane z nowotworami	LGK_6_22	[MZ] Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (NGS)	Rodzinnie występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł I)	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-I_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.****	2450*	LGK_14_1
		LGK_6_23	[MZ] FAP (<i>APC, MUTYH</i>)	Zespół gruczolakowatej polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł I)	Analiza sekwencji genów <i>APC, MUTYH</i> - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-II_FAP_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.****	2450*	LGK_14_1
		LGK_6_24	[MZ] HNPCC (<i>MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM</i>)	Dziedziczny rak jenta grubego miazgi z polipowatością (HNPCC) (OMIM #609310, #120435, #614350, #614337, #613244). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł I)	Analiza sekwencji genów <i>MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, 3' UTR EPCAM</i> - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-II_HNPCC_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2450*	LGK_14_1
		LGK_6_25	[NFZ] Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 2 (RET)	Zespół mnogiej gruczolakowatości wewnątrzwydzielniczej typu 2 (MEN2) (OMIM *164761).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>RET</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_TH_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych. ****	2000*	LGK_14_1
		LGK_6_26	[MZ] Rodzinnie występujący rak trzustki (CORE) (NGS)	Rodzinnie występujący rak trzustki (OMIM #614320, #613347, #606719, #613348, #175200, #151623).	Analiza sekwencji genów <i>BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2, STK11, TP53</i> - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_FPC_core_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2500*	LGK_14_1
	neurogenetyka	LGK_7_1	[NFZ] Dystrofia obręczowo - kończynowa (<i>CAPN3</i>)	Dystrofia obręczowo - kończynowa, LGMD2A (OMIM *114240).	Analiza sekwencji eksonu 4, m.in. w kierunku wariantu c.550delA (p.Thr184Argfs) oraz c.598_612del p.(Phe200_Leu204del) genu <i>CAPN3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*	LGK_14_1
		LGK_7_2	[NFZ] Łagodna płasawica rodzinna (<i>NKX2-1</i>)	Łagodna płasawica rodzinna (OMIM *600635).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>NKX2-1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
		LGK_7_3	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 4 (<i>SPAST</i>)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *604277).	Analiza sekwencji eksonów 1, 6-7, 8, 10-12 genu <i>SPAST</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1
		LGK_7_4	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 17 (<i>BSCL2</i>)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *606158).	Analiza sekwencji eksonu 3 genu <i>BSCL2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*	LGK_14_1
		LGK_7_5	[NFZ] Choroba Wilsona (<i>ATP7B</i>)	Choroba Wilsona (OMIM *606882).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>ATP7B</i> w polskiej populacji przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region obejmuje trzy wybrane warianty, w eksonach 14, 15 i 20 genu <i>ATP7B</i> : c.3207C>A p.(His1069Gln), c.3402delC p.(Ala1135Glnfs*13) oraz c.4051C>T p.(Gln1351*).	350*	LGK_14_1
		LGK_7_6	[NFZ] Stwardnienie zanikowe boczne (<i>SOD1</i>)	Stwardnienie zanikowe boczne (SLA) (OMIM *147450).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SOD1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1
		LGK_7_7	[NFZ] Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (powtórzenia CGG)	Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (FXTAS) (OMIM #300623).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie <i>FMR1</i> pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw AmpliDeX FMR1 PCR, CE-IVD).	470*	LGK_14_1
		LGK_7_8	[NFZ] Zespół CADASIL (<i>NOTCH3</i>)	Zespół CADASIL (OMIM *600276).	Analiza sekwencji eksonów 2-6 genu <i>NOTCH3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	neurogenetyka	LGK_7_9	[NFZ] Zespół McCune-Albright (GNAS)	Zespół McCune-Albright (OMIM *139320)	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>GNAS</i> (p.Arg201, p.Gln227) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	180*	LGK_14_1
		LGK_7_10	[NFZ] Choroba Huntingtona (powtórzenia CAG)	Choroba Huntingtona (HD) (OMIM #143100).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CAG w genie <i>HTT</i> (zestaw AmpliX PCR/CE <i>HTT</i>).	450*	LGK_14_1
	kardiologia	LGK_9_1	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (<i>LDLR, APOB</i>)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890).	Analiza dużych rearanżacji techniką MLPA (zestaw P062, MRC-Holland) i analiza sekwencji eksonów 4 i 12 genu <i>LDLR</i> oraz fragmentu eksonu 26 (NM_000384.2: c.10436_10798) genu <i>APOB</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_1
		LGK_9_2	[MZ] Hipercholesterolemia rodzinna (NGS)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890). Krajowe Centrum Hipercholesterolemii Rodzinnej	Analiza sekwencji kodującej genów <i>LDLR</i> (wraz z dużymi rearanżacjami), <i>PCK9</i> , <i>APOE</i> oraz fragmentu eksonu 26 genu <i>APOB</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (zestaw ADH MASTR, Agilent). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	1800*	LGK_14_1
		LGK_9_3	[NFZ] Hiperlipidemia typu III (<i>APOE</i>)	Hiperlipidemia typu III (OMIM *107741).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>APOE</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1
		LGK_9_5	[NFZ] Pierwotne zaburzenia czynności elektrycznej serca (<i>KCNJ2</i>)	Zespół skróconego QT, wydłużonego QT, Andersen'a (OMIM *600681).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>KCNJ2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	320*	LGK_14_1
		LGK_9_6	[NFZ] Kardiomiopatia (LMNA)	Kardiomiopatia związana z wariantami genu <i>LMNA</i> (OMIM *150330).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>LMNA</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	820*	LGK_14_1
		LGK_9_7	[NFZ] HTG (<i>LPL</i>)	Hiperlipoproteinemia typu I (OMIM # 238600).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>LPL</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	900*	LGK_14_1
	nefrologia	LGK_10_1	[NFZ] Steroidooporny zespół nerczycowy o późnym początku (<i>INF2, LMX1B</i>)	Steroidooporny zespół nerczycowy o późnym początku (OMIM #613237).	Analiza sekwencji eksonów 2-4 genu <i>INF2</i> oraz eksonu 4 genu <i>LMX1B</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1
		LGK_10_2	[NFZ] Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (<i>WT1</i>)	Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (OMIM *607102).	Analiza sekwencji eksonów 8 i 9 genu <i>WT1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	300*	LGK_14_1
		LGK_10_3	[NFZ] Zespół nerczycowy (<i>NPHS2, WT1</i>)	Zespół nerczycowy (OMIM #600995, #256370).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>NPHS2</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.	400*	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.	1100*	LGK_14_1
		LGK_11_3	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu II (<i>EXT2</i>).	Mnogie wyrośla kostne typu II (OMIM #133701).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>EXT2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1200*	LGK_14_1
		LGK_11_4	[NFZ] Zespół paznokciowo-rzępkowy (<i>LMX1B</i>).	Zespół paznokciowo-rzępkowy (OMIM *602575).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>LMX1B</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
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.	100	----
		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).	100	----
		LGK_14_7	Izolacja DNA (amniocyty)	Izolacja DNA z komórek płynu owodniowego lub komórek po hodowli <i>in vitro</i> .	Izolacja DNA z komórek płynu owodniowego lub komórek po hodowli <i>in vitro</i> . Procedura nie obejmuje analizy kontaminacji uzyskanego DNA materiałem matczynym.	100	----
		LGK_14_8	Izolacja cfDNA (krew)	Izolacja cfDNA z krwi obwodowej.	Izolacja krążącego DNA (<i>cell-free circulating DNA</i>) 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).	150	----
		LGK_14_11	Izolacja RNA (FFPE)	Izolacja RNA z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	Izolacja RNA z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	150	----
		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	----
	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 Sanger. Badanie dotyczy wyłącznie procedur będących w ofercie. Badanie wykonywane wyłącznie, gdy na skierowaniu podano precyzyjny zapis wariantu (zapis na poziomie DNA i białka wraz z podaną sekwencją referencyjną) lub kopia wyniku probanta.	220*	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. Badanie wykonywane wyłącznie, gdy na skierowaniu podano precyzyjny zapis wariantu (zapis na poziomie DNA i białka wraz z podaną sekwencją referencyjną) lub kopia wyniku probanta.	550*	LGK_14_1
		LGK_14_5	[NFZ] Wariant (po uzgodnieniu)	Analiza sekwencji wybranych <i>loci</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	Badanie wykonywane po uzgodnieniu szczegółów z Laboratorium Genetyki Klinicznej UCK. Badanie wykonywane wyłącznie, gdy na skierowaniu dokładnie określono wybrane <i>loci</i> lub podano precyzyjny zapis wariantu (zapis na poziomie DNA i białka wraz z podaną sekwencją referencyjną) lub kopia wyniku probanta.	600*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA	hematologia	LGK_20_1_1	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (kariotyp)	Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	500	----
		LGK_20_2_2	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (chimeryzm)	Ocena chimeryzmu poprzaszczepowego metodą FISH.	Analiza obecności sekwencji centromerowych chromosomów X i Y w ocenie chimeryzmu poprzaszczepowego metodą FISH.	450	----
		LGK_20_2_3	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego <i>locus</i> 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 nieziarnicze, FFPE (IGH/MYC)	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. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550	----
		LGK_20_2_5	[NFZ] Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (MYC, BCL2, BCL6)	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).	1350	----
		LGK_20_2_6	[NFZ] Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (MYC)	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).	500	----
		LGK_20_2_16	[NFZ] CLL - TP53, ATM (FISH)	Diagnostyka CLL - FISH (panel 2 sond: TP53, ATM)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delecji genów TP53 (17p13.1) i ATM (11q22.3), na rozmazach krwi/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 QF-PCR.	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 poprzaszczepowego 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 poprzaszczepowego 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 poprzaszczepowego. program NFZ	Oznaczenie chimeryzmu poprzaszczepowego 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.	370*	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, ASXL1, BCOR, BRAF, CALR, CBL, CABPA, CSF3R, DDX41, DNMT3A, ETKN1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2. ****	2300*	LGK_14_1
LGK_20_3_8	[NFZ] CLL (TP53) NGS	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 (NGS). program lekowy - Ibrutinib	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_CLLv1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych. ****	2000*	LGK_14_1		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA	guzy lite	LGK_40_1_1	[NFZ] Guzy lite (kariotyp)	Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	650	----
		LGK_40_2_1	[NFZ] Glejak, FFPE (1p/19q)	Analiza kodelecji 1p / 19q metodą FISH.	Analiza delecji 1p oraz delecji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (<i>loci</i> : 1p36;1q25/ 19q13;19p13) Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	750	----
		LGK_40_2_2	[NFZ] Neuroblastoma (<i>MYCN</i>)	Analiza amplifikacji <i>MYCN</i> (2p24) metodą FISH.	Analiza genu <i>MYCN</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : <i>MYCN</i> / <i>CCP2</i>). Materiał analityczny: preparat odciskowy fragmentu guza.	400	----
		LGK_40_2_3	[NFZ] Neuroblastoma, FFPE (<i>MYCN</i>)	Analiza amplifikacji <i>MYCN</i> (2p24) metodą FISH.	Analiza genu <i>MYCN</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : <i>MYCN</i> / <i>CCP2</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_40_2_4	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (<i>ALK</i>)	Analiza rearanżacji genu <i>ALK</i> (2p23) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>ALK</i> 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] <i>Myxoid/round cell liposarcoma</i> , FFPE (<i>DDIT3</i>)	Analiza rearanżacji genu <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	----
		LGK_40_2_6	[NFZ] <i>PNET</i> , FFPE (<i>EWSR1</i>)	Analiza rearanżacji genu <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	----
		LGK_40_2_7	[NFZ] Rak piersi, rak żołądka, FFPE (<i>HER2</i>)	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 (<i>loci</i> : <i>ERBB2</i> / <i>CCP17</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_40_2_8	[NFZ] <i>Synovial sarcoma</i> , FFPE (<i>SYT</i>)	Analiza rearanżacji genu <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	----
		LGK_40_2_9	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (<i>MET</i>)	Analiza amplifikacji genu <i>MET</i> (7q31) metodą FISH.	Analiza genu <i>MET</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : <i>MET</i> / <i>CCP7</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_40_2_10	[NFZ] <i>Dedifferentiated liposarcoma</i> , FFPE (<i>MDM2</i>)	Analiza amplifikacji genu <i>MDM2</i> (12q15) metodą FISH.	Analiza genu <i>MDM2</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : <i>MDM2</i> / <i>CCP12</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_40_2_11	[NFZ] <i>Sarcoma</i> , FFPE (<i>FUS</i>)	Analiza rearanżacji genu <i>FUS</i> (16p11) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>FUS</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	----
LGK_40_2_12	[NFZ] <i>Rhabdomyosarcoma</i> , FFPE (<i>PAX3</i>)	Analiza rearanżacji genu <i>PAX3</i> (2q36) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>PAX3</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	----		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA	guzy lite	LGK_40_2_13	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (<i>ROS1</i>)	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). Badanie uzupełniające po badaniu immunohistochemicznym.	500	----
		LGK_40_2_14	[NFZ] Mucoepidermoid Carcinoma, FFPE (<i>MAML2</i>)	Analiza rearanżacji genu <i>MAML2</i> (11q21) 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	----
		LGK_40_2_15	[NFZ] Pilocytic Astrocytoma, FFPE (<i>BRAF-KIAA1549</i>)	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	----
		LGK_40_3_2	[NFZ] GIST (<i>KIT, PDGFRA</i>)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>KIT</i> oraz <i>PDGFRA</i> .	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu <i>KIT</i> oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu <i>PDGFRA</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_6
		LGK_40_3_3	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca (<i>EGFR</i>)	Analiza najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	390*	LGK_14_6
		LGK_40_3_4	[MZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, ctDNA (<i>EGFR</i>)	Analiza najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> (ctDNA). program lekowy - Ozymertynib EORTC 1613 - APPLE	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> w ctDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	500*	LGK_14_8
		LGK_40_3_5	[NFZ] Neuroblastoma (<i>ALK</i>)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>ALK</i> .	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu <i>ALK</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu <i>ALK</i> obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	400*	LGK_14_6
		LGK_40_3_9	[NFZ] Rak jelita grubego (<i>KRAS</i>)	Analiza najczęstszych wariantów genu <i>KRAS</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>KRAS</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu <i>KRAS</i> obejmuje 28 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*	LGK_14_6
		LGK_40_3_10	[NFZ] Rak jelita grubego, czerniak (<i>NRAS, BRAF</i>)	Analiza najczęstszych wariantów genów <i>NRAS</i> i <i>BRAF</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genów <i>NRAS</i> i <i>BRAF</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu <i>NRAS</i> obejmuje 25 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A18, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146. Badany region genu <i>BRAF</i> obejmuje 11 wybranych wariantów w kodonach: p.G469, p.G466, p.K601, p.V600.	500*	LGK_14_6
		LGK_40_3_11	[NFZ] Rak grasicy, czerniak (<i>KIT</i>)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>KIT</i> .	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu <i>KIT</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_6
		LGK_40_3_16	[NFZ] Rak piersi (<i>PIK3CA</i>)	Analiza najczęstszych wariantów genu <i>PIK3CA</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>PIK3CA</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 17 wybranych wariantów w eksonach 2, 5, 8, 10 i 21 genu <i>PIK3CA</i> .	560*	LGK_14_6
LGK_40_3_22	[NFZ] MSI	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).	480*	LGK_14_1 oraz LGK_14_6		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	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 prążkowej GTW.	500	----
		LGK_30_1_2	Diagnostyka MDS (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka MDS - 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 prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji delekcji 5q (EGR1), 7q (KMT2E), TP53 (17p13.1) oraz rearanżacji KMT2A (11q23.3), MECOM (3q26.2).	2100	----
		LGK_30_1_3	Diagnostyka AML (kariotyp, FISH)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka AML - kariotyp + FISH (MECOM)	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 genu MECOM (3q26.2) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	700	----
		LGK_30_1_4	Diagnostyka ALL u dorosłych (kariotyp, FISH)	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 prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) i IGH (14q32.33) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	1400	----
		LGK_30_1_5	Diagnostyka ALL u dorosłych (kariotyp, FISH)	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 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) oraz obecności fuzji ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2100	----
		LGK_30_1_6	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + FISH (panel 4 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3)	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) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::22q11.23) oraz ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	1750	----
		LGK_30_1_7	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + FISH (panel 5 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3 + KMT2A/AFF1)	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) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) i KMT2A::AFF1 (4p31.3::11q23.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2100	----
		LGK_30_1_8	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + FISH (panel 5 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3 + 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 rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) i TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2100	----
		LGK_30_1_9	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + FISH (panel 6 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3 + 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 rearanżacji genów KMT2A (11q23.3), TCF (19p13.3) i obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12), TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) i TCF3::HLF (17q22::19p13.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2360	----
		LGK_30_1_10	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + 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::22q11.23) i ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2100	----

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	hematologia	LGK_30_1_11	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + FISH (panel 6 sond: BCR/ABL, ETV6/RUNX1, KMT2A, TCF3, TP53 + KMT2A/AFF1)	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::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) i KMT2A::AFF1 (4p31.3::11q23.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2360	----
		LGK_30_1_12	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + 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::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) i TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2360	----
		LGK_30_1_13	Diagnostyka ALL u dzieci (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka ALL u dzieci - kariotyp + 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::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) i TCF3::PBX1 (1q23.3::19p13.3) oraz TCF3::HLF (17q22::19p13.3) na komórkach po hodowli <i>in vitro</i> .	2700	----
		LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego <i>locus</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie Laboratorium.* Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	450	----
		LGK_30_2_4	Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (IGH/MYC)	Podstawowe badanie genetyczne 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. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550	----
		LGK_30_2_5	Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (MYC, BCL2, BCL6)	Złożone badanie genetyczne 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).	1350	----
		LGK_30_2_6	Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (MYC)	Podstawowe badanie genetyczne 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).	500	----
		LGK_30_2_7	MM (FISH)	Złożone badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem 2 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 2 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium***, zgodnie ze schematem diagnostycznym.** Materiał analityczny: szpik kostny.	1350	----
		LGK_30_2_8	MM (FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem 5 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 5 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium***, zgodnie ze schematem diagnostycznym.** Materiał analityczny: szpik kostny.	2300	----
		LGK_30_2_9	MM - separacja komórek CD138+	Separacja immunomagnetyczna komórek szpiku CD138+.	Separacja immunomagnetyczna komórek szpiku CD138+ przy użyciu zestawu EasySep (STEMCELL Technologies).	550*	----
LGK_30_2_10	Chłoniak grudkowy, FL, FFPE (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. 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	----		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	hematologia	LGK_30_2_11	Chłoniak płaszcza, MCL, FFPE (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza fuzji genów <i>IGH-CCND1</i> t(11;14)(q13;q32) metodą FISH.	Analiza fuzji genów <i>IGH-CCND1</i> 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	Chłoniak żołądka, MALT, FFPE (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza fuzji genów <i>MALT1-BIRC3</i> t(11;18)(q22;q21) metodą FISH.	Analiza fuzji genów <i>MALT1-BIRC3</i> 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_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 (D13S319) oraz liczby kopii chromosomu 12 (cep12).	1380	----
		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	----
		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::17q21.2) oraz rearanżacji genu RARA (17q21.1-21.2) na rozmazach szpiku kostnego.	750	----
		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 <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 3 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium****, zgodnie ze schematem diagnostycznym.** Materiał analityczny: szpik kostny.	1600	----
		LGK_30_2_18	MM (FISH - 6 sond - chr.1, TP53, IGH + partnerzy IGH)	Złożone badanie genetyczne. Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem 6 sond specyficznych z panelu MM.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 6 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium***, zgodnie ze schematem diagnostycznym.** Materiał analityczny: szpik kostny.	2500	----
		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 obrębie genów: <i>ABL1, ANKRD26, ASXL1, BCOR, BRAF, CALR, CABPA, CSF3R, DDX41, DNMT3A, ETNK1, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, U2AF1, WT1, ZRSR2</i> . ****	2300*	LGK_14_1
		LGK_30_3_8	CLL (TP53) NGS	Złożone badanie genetyczne Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> (NGS).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_CLLv1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych. ****	2000*	LGK_14_1
guzy lite	LGK_50_1_1	Guzy lite (kariotyp)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	650	----	
	LGK_50_2_1	Glejak, FFPE (1p/19q)	Złożone badanie genetyczne Analiza kodekcji 1p/19q metodą FISH.	Analiza delekcji 1p oraz delekcji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (<i>loci</i> : 1p36;1q25/ 19q13;19p13). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	750	----	

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	guzy lite	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 (<i>loci</i> : MYCN/CCP2). Materiał analityczny: preparat odciskowy fragmentu guza.	400	----
		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 (<i>loci</i> : 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 rearanżacji genu ALK (2p23) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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_50_2_5	Myxoid/round cell liposarcoma, FFPE (DDIT3)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji DDIT3 (CHOP) (12q13) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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_50_2_6	PNET, FFPE (EWSR1)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji EWSR1 (22q12) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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_50_2_7	Rak piersi, rak żołądka, FFPE (HER2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji ERBB2 (HER2) (17q12) metodą FISH.	Analiza genu ERBB2 (HER2) z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : ERBB2/CCP17). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_50_2_8	Synovial sarcoma, FFPE (SYT)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji SS18 (SYT) (18q11) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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_50_2_9	Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (MET)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji genu MET (7q31) metodą FISH.	Analiza genu MET z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : MET/CCP7). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_50_2_10	Dedifferentiated liposarcoma, FFPE (MDM2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji genu MDM2 (12q15) metodą FISH.	Analiza genu MDM2 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (<i>loci</i> : MDM2/CCP12). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	----
		LGK_50_2_11	Sarcoma, FFPE (FUS)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu FUS (16p11) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu FUS 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_50_2_12	Rhabdomyosarcoma, FFPE (PAX3)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu PAX3 (2q36) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu PAX3 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_50_2_13	Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ROS1)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu ROS1 (6q22) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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). Badanie uzupełniające po badaniu immunohistochemicznym.	500	----
LGK_50_2_14	Mucoepidermoid Carcinoma, FFPE (MAML2)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu MAML2 (11q21) metodą FISH.	Analiza rearanżacji 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).	500	----		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	guzy lite	LGK_50_2_15	Pilocytic Astrocytoma, FFPE (BRAF-KIAA1549)	Podstawowe badanie genetyczne 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).	500	----
		LGK_50_3_2	GIST (<i>KIT</i> , <i>PDGFRA</i>)	Złożone badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>KIT</i> oraz <i>PDGFRA</i> .	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu <i>KIT</i> oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu <i>PDGFRA</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_6
		LGK_50_3_3	Niedrobnokomórkowy rak płuca (<i>EGFR</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	390*	LGK_14_6
		LGK_50_3_4	Niedrobnokomórkowy rak płuca, ctDNA (<i>EGFR</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> (ctDNA).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>EGFR</i> w ctDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	500*	LGK_14_8
		LGK_50_3_5	Neuroblastoma (<i>ALK</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>ALK</i> .	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu <i>ALK</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu <i>ALK</i> obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	400*	LGK_14_6
		LGK_50_3_9	Rak jelita grubego (<i>KRAS</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu <i>KRAS</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>KRAS</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu <i>KRAS</i> 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 (<i>NRAS</i> , <i>BRAF</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genów <i>NRAS</i> i <i>BRAF</i> .	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genów <i>NRAS</i> i <i>BRAF</i> w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu <i>NRAS</i> obejmuje 25 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A18, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146. Badany region genu <i>BRAF</i> obejmuje 11 wybranych wariantów w kodonach: p.G469, p.G466, p.K601, p.V600.	500*	LGK_14_6
		LGK_50_3_11	Rak grasicy, czerniak (<i>KIT</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu <i>KIT</i> .	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu <i>KIT</i> w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	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, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych oraz genów fuzyjnych w obrębie genów: <i>ALK</i> , <i>BRAF</i> , <i>EGFR</i> , <i>FGFR1</i> , <i>FGFR2</i> , <i>FGFR3</i> , <i>KRAS</i> , <i>MET</i> , <i>NRG1</i> , <i>NTRK1</i> , <i>NTRK2</i> , <i>NTRK3</i> , <i>RET</i> , <i>ROS1</i> .****	1850*	LGK_14_10
		LGK_50_3_13	CTL (NGS)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych - panel 36 genów FusionPlex Comprehensive Thyroid and Lung (CTL), Archer	Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (FusionPlex Comprehensive Thyroid and Lung (CTL), Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych oraz genów fuzyjnych w obrębie genów: <i>AKT1</i> , <i>ALK</i> , <i>AXL</i> , <i>BRAF</i> , <i>CALCA</i> , <i>CCND1</i> , <i>CTNNB1</i> , <i>DDR2</i> , <i>EGFR</i> , <i>ERBB2</i> , <i>FGFR1</i> , <i>FGFR2</i> , <i>FGFR3</i> , <i>GNAS</i> , <i>HRAS</i> , <i>IDA1</i> , <i>IDH2</i> , <i>KRAS</i> , <i>KRT20</i> , <i>KRT7</i> , <i>MAP2K1</i> , <i>MET</i> , <i>NRAS</i> , <i>NRG1</i> , <i>NTRK1</i> , <i>NTRK2</i> , <i>NTRK3</i> , <i>PIK3CA</i> , <i>PPARG</i> , <i>PTH</i> , <i>RAF1</i> , <i>RET</i> , <i>ROS1</i> , <i>SLC5A5</i> , <i>THADA</i> , <i>TTF1</i> .****	2900*	LGK_14_10
LGK_50_3_15	TSO500 (NGS)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza 523 genów oraz TMB i MSI, TruSight Oncology 500, Illumina	Analiza wybranych wariantów typu SNV i/lub genów fuzyjnych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (TruSight Oncology 500, Illumina). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych (SNV), dużych rearanżacji (CNV) oraz genów fuzyjnych w obrębie 523 genów, jak również analizę TMB i MSI.****	5400*	LGK_14_6 oraz LGK_14_11		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (PLN) od 1 marca 2022	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA - zarządzenie Prezesa NFZ 129/2016/DSOZ, 127/2017/DSOZ, 118/2021/DSOZ	guzy lite	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.	560*	LGK_14_6
		LGK_50_3_17	Rak piersi (NGS, FFPET) - 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.****	2600*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1
		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_OvCa_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2600*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1
		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_EnCa_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2300*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1
		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_PaCa_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2600*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1
		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_PrCa_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji.****	2600*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1
		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).	480*	LGK_14_6 oraz LGK_14_1

*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