

LABORATORIUM GENETYKI KLINICZNEJ
CENNIK ZEWNĘTRZNY - obowiązuje od **1 września 2019 roku**

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
BADANIA PRENATALNE	badania cytogenetyczne	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 (zł)
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

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
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_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_2_2_3	[NFZ] Hipochondroplazja (<i>FGFR3</i>)	Hipochondroplazja (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_2_2_4	[MZ] Stwardnienie guzowate (<i>TSC1, 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_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_2_2_6	[NFZ] Zespół Leopard (<i>PTPN11, 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_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_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_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_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_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*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
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 AmpliEx FMR1 PCR, CE-IVD).	470*
		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*
	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_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_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_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_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_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*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
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_6_2	[NFZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (<i>BRCA1</i>)	Rodzinne 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_6_3	[MZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (NGS)	Rodzinne 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 nowej generacji (NGS) (Agilent). Procedura diagnostyczna umożliwiła detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	1750*
		LGK_6_5	[MZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (<i>CHEK2, PALB2</i>)	Rodzinne 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, delekcję eksonów 9 i 10 (del5395) oraz dwa wybrane warianty genu <i>PALB2</i> : c.172_175delTTGT, c.509_510delGA.	350*
		LGK_6_6	[MZ] FAP (<i>APC, MUTYH</i>)	Zespół gruczolakowatej polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł II)	Analiza sekwencji kodującej genów <i>APC</i> i <i>MUTYH</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (Agilent) oraz techniką MLPA. Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	1800*
		LGK_6_7	[MZ] HNPCC (<i>MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM</i>)	Dziedziczny rak jelita grubego niezwiązany z polipowatością (HNPCC) (OMIM #609310, #120435, #614350, #614337, #613244). Narodowy Program Zwalczenia Chorób Nowotworowych (Moduł II)	Analiza sekwencji kodującej genów <i>MLH1, MSH2, MSH6, PMS2</i> i 3'UTR <i>EPCAM</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (Agilent) oraz techniką MLPA. Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	1750*
		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_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_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_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_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_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_6_17	[NFZ] Zespół Li-Fraumeni (<i>TP53, NGS</i>)	Zespół Li-Fraumeni (OMIM *191170).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS. Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	1150*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
GENETYKA KONSTITUCYJNA	neurogenetyka	LGK_7_1	[NFZ] Dystrofia obręczowo - kończynowa (<i>CAPN3</i>)	Dystrofia obręczowo - kończynowa, LGMD2A (OMIM *114240).	Analiza w kierunku wariantu c.550delA (p.Thr184Argfs) genu <i>CAPN3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	200*
		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_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_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_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_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 AmpliX FMR1 PCR, CE-IVD).	470*
		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*
		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.
	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>PCSK9</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.	2150
	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*

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
GENETYKA KONSTITUCYJNA	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_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_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*
	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_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_11_3	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu I (<i>EXT2</i>).	Mnogie wyrośla kostne typu II (OMIM #133701).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>EXT2</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1200*

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
GENETYKA MOLEKULARNA	izolacja kwasów nukleinowych	LGK_14_1	Izolacja DNA (krew, szpik)	Izolacja DNA z krwi obwodowej lub szpiku.	Izolacja genomowego 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 amniocytów.	Izolacja genomowego DNA z amniocytów, bez 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</i> DNA) z krwi obwodowej.	300
		LGK_14_9	Izolacja DNA (wymazówka)	Izolacja DNA z komórek nabłonka policzka.	Izolacja genomowego 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 z tkanki utrwalonej w formalinie i zatopionej w parafinie (FFPE).	150
	analiza kosegregacji	LGK_14_2	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (krewni)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890). Analiza wariantu występującego w rodzinie.	W zależności od rodzaju wariantu badanie wykonywane jest techniką MLPA lub przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. 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.	360
		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. 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_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_5	[NFZ] Wariant (po uzgodnieniu)	Analiza sekwencji wybranych <i>loci</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	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*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
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 (<i>IGH/MYC</i>)	Analiza fuzji genów <i>IGH-MYC</i> , t(8;14)(q24;q32), metodą FISH.	Analiza fuzji genów <i>IGH-MYC</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych <i>IGH-MYC</i> Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550
		LGK_20_2_5	[NFZ] Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (<i>MYC, BCL2, BCL6</i>)	Analiza rearanżacji genów <i>MYC</i> (8q24), <i>BCL2</i> (18q21), <i>BCL6</i> (3q27) metodą FISH.	Analiza rearanżacji wybranych genów (<i>MYC, BCL2, BCL6</i>) 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 (<i>MYC</i>)	Analiza rearanżacji genu <i>MYC</i> (8q24) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>MYC</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_20_3_1	[NFZ] Mastocytoza (<i>KIT</i>)	Analiza wariantu p.D816V genu <i>KIT</i> .	Analiza w kierunku wariantu p.D816V genu <i>KIT</i> metodą QF-PCR.	400*
		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_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_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_20_3_6	[MZ] CLL (<i>TP53</i>) NGS	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> (NGS). program lekowy - Ibrutinib	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS. Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	1150*
		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: <i>ABL1, ANKRD26, ASXL1, BCOR, BRAF, CALR, CBL, 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*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
ONKOGENETYKA	guzy lite	[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
		[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
		[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
		[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
		[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
		[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
		[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
		[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
		[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
		Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (<i>MET</i>)	Analiza ampifikacji genu <i>MET</i> (7q31) metodą FISH. TATTON	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
[NFZ] Dedifferentiated liposarcoma, 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		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
ONKOGENETYKA	guzy lite	LGK_40_2_11	[NFZ] Sarcoma, 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] Rhabdomyosarcoma, 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
		LGK_40_2_13	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca (<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).	500
		LGK_40_3_2	[NFZ] GIST (<i>KIT</i> , <i>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 Sanger.	600*
		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 42 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	390*
		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 42 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	500*
		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 Sanger. Badany region genu <i>ALK</i> obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	400*
		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 warianty w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*
		LGK_40_3_10	[NFZ] Rak jelita grubego, czerniak (<i>NRAS</i> , <i>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 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 wariantów w kodonach: p.G469, p.G466, p.K601, p.V600.	500*
		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 Sanger.	500*

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
	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_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 (<i>IGH/MYC</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza fuzji genów <i>IGH-MYC</i> , t(8;14)(q24;q32), metodą FISH.	Analiza fuzji genów <i>IGH-MYC</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych <i>IGH-MYC</i> . Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550
	LGK_30_2_5	Chłoniaki nieziarnicze, FFPE (<i>MYC, BCL2, BCL6</i>)	Złożone badanie genetyczne Analiza rearanżacji genów <i>MYC</i> (8q24), <i>BCL2</i> (18q21), <i>BCL6</i> (3q27) metodą FISH.	Analiza rearanżacji wybranych genów (<i>MYC, BCL2, BCL6</i>) 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 (<i>MYC</i>)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza rearanżacji genu <i>MYC</i> (8q24) metodą FISH.	Analiza rearanżacji genu <i>MYC</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_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_1_1 plus 1x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Złożone badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych z równoległą analizą FISH z użyciem 1 sondy specyficznej.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW wraz z analizą wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 1 sondy specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny do badania FISH: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	950
	LGK_30_1_1 plus 2x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Złożone badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych z równoległą analizą FISH z użyciem 2 sond specyficznych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW wraz z analizą wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 2 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny do badania FISH: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	1400
	2x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Złożone badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z użyciem 2 sond specyficznych.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 2 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	900
	3x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Złożone badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z użyciem 3 sond specyficznych.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 3 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	1350

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
hematologia	LGK_30_1_1 plus 3x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych z równoległą analizą FISH z użyciem 3 sond specyficznych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW wraz z analizą wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 3 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny do badania FISH: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	1850	
	LGK_30_1_1 plus 4x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych z równoległą analizą FISH z użyciem 4 sond specyficznych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW wraz z analizą wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 4 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny do badania FISH: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	2300	
	4x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z użyciem 4 sond specyficznych.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 4 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	1800	
	5x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z użyciem 5 sond specyficznych.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 5 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	2250	
	6x LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z użyciem 6 sond specyficznych.	Analiza wybranych <i>loci</i> z zastosowaniem metody FISH przy użyciu 6 sond specyficznych będących w ofercie Laboratorium.*** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	2700	
	LGK_30_3_6	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. Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	1150*	
	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, 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</i> . ****	2300*	
	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 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_50_2_2	Neuroblastoma (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne 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/CCP2</i>). Materiał analityczny: preparat odciskowy fragmentu guza.	400	
	LGK_50_2_3	Neuroblastoma, FFPE (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne 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/CCP2</i>). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	
	guzy lite					

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ	guzy lite	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 (loci: 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 (loci: 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 (loci: 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 (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).	500

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)	
ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ	guzy lite	LGK_50_3_2	GIST (<i>KIT, 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_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 42 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	390*
		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 42 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu <i>EGFR</i> .	500*
		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_50_3_7	Rak piersi i/lub jajnika (NGS, germinalne)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> (warianty germinalne).	Analiza sekwencji genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (zestaw BRCA MASTR, Agilent). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji.	1750*
		LGK_50_3_8	Rak piersi i/lub jajnika (NGS, somatyczne)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> (warianty somatyczne).	Analiza sekwencji genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> w DNA komórek nowotworowych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (zestaw BRCA MASTR, Agilent). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych wariantów punktowych.	1750*
		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 warianty w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*
		LGK_50_3_10	Rak jelita grubego, czerniak (<i>NRAS, 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 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 wariantów w kodonach: p.G469, p.G466, p.K601, p.V600.	500*

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - CliniNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł)
ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DZOZ oraz 127/2017/DZOZ Prezesa NFZ	guzy lite	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 Sanger'a.	500*
		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, BRAF, EGFR, FGFR1, FGFR2, FGFR3, KRAS, MET, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, RET, ROS1</i> .****	1850*
		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, ALK, AXL, BRAF, CALCA, CCND1, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, GNAS, HRAS, IDA1, IDH2, KRAS, KRT20, KRT7, MAP2K1, MET, NRAS, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PIK3Ca, PPARG, PTH, RAF1, RET, ROS1, SLC5A5, THADA, TTF1</i> .****	2900*

* 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