

**UNIWERSYTECKIE CENTRUM KLINICZNE
LABORATORIUM GENETYKI KLINICZNEJ**

ul. Dębinki 7, 80-952 Gdańsk

tel.: 58 349 37 70

cennik zewnętrzny - obowiązuje od 1 czerwca 2023 roku

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

BADANIA PRENATALNE						
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod proceduralny izolacji kwasów nukleinowych
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 prąkowej GTW	329	-----
	LGK_1_2_2	[NFZ] Kariotyp - amniocyty	Analiza kariotypu amniocytów <i>program NFZ</i>	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> amniocytów z zastosowaniem metody prąkowej GTW	730	-----
	LGK_1_2_3	[NFZ] FISH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej, sondy specyficznej <i>program NFZ</i>	Badanie uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi płodowej lub amniocytów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej, sondy specyficznej	470	-----
	LGK_1_4_1	MCC (matka)	Analiza profilu DNA matki <i>program NFZ</i>	Analiza profilu DNA matki wymagana w celu oznaczenia kontaminacji DNA płodowego materiałem matczynym (MCC - <i>maternal cell contamination</i>) zgodnie z procedurą LGK_1_4_2 (testów PowerPlex 16 HS System)	370*	LGK_14_1
	LGK_1_4_2	MCC (płód)	Analiza zanieczyszczenia DNA płodowego materiałem matczynym (MCC) <i>program NFZ</i>	Oznaczanie kontaminacji DNA płodowego materiałem matczynym (MCC - <i>maternal cell contamination</i>) zgodnie z procedurą LGK_1_4_2 (testów PowerPlex 16 HS System) Analiza chimerizmu wykonywana na podstawie analizy wyników uzyskanych w procedurze LGK_1_4_1 oraz LGK_1_4_2	450*	LGK_14_7
	badania molekularne					

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA KONSTITUCYJNA		zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna				
GENETYKA KONSTITUCYJNA	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 uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	-----
	LGK_2_1_6	[NFZ] Mikromacierze CGH (180K)	Analiza kariotypu limfocytów krwi obwodowej - badanie aCGH.	Analiza kariotypu z zastosowaniem techniki aCGH (podrównawcza hybrydyzacja genomowa do mikromacierzy), rozdzielczość 180K.	1900*	LGK_14_1
	LGK_2_2_1	[NFZ] Achondroplazja (FGFR3)	Achondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku wariantu c.1138G>A (p.Gly380Arg) genu FGFR3 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1
	LGK_2_2_2	[NFZ] Zespół Angelmana (MS-MLPA)	Zespół Angelmana (OMIM #105830).	Test MS-MLPA w regionie 15q11-q13 (ME028, MRC-Holland). Analiza liczby kopii DNA oraz wzoru metylacji wysp CpG w regionie 15q11-q13.	400*	LGK_14_1
	LGK_2_2_3	[NFZ] Hipochondroplazja (FGFR3)	Hipochondroplazja (OMIM *134934).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu FGFR3 (p.Ile538; p.Asn540; p.Lys650) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
	LGK_2_2_4	[MZ] Stwardnienie guzowe (TSC2, TSC2)	Stwardnienie guzowe (OMIM *605284, *191092) program lekowy - Ewrolimus	Analiza sekwencji kodującej genów TSC1 i TSC2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger a wraz z analizą liczby kopii DNA metodą MLPA (P1241 P046, MRC-Holland).	4500*	LGK_14_1
	LGK_2_2_5	[NFZ] Zespół familijnego chromosomu X (powtórzenia CGG)	Zespół familijnego chromosomu X (FXS) (OMIM #300624).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie FMR1 pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw Ampliexx FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1
GENETYKA KONSTITUCYJNA	LGK_2_2_7	[NFZ] Zespół Noonan (PTPN11)	Zespół Noonan (OMIM *176876).	Analiza sekwencji kodującej genu PTPN11 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger a.	1300*	LGK_14_1
	LGK_2_2_8	[NFZ] Zespół Pradera-Williego (MS-MLPA)	Zespół Pradera-Williego (OMIM #176270).	Test MS-MLPA w regionie 15q11-q13 (ME028, MRC-Holland). Analiza liczby kopii DNA oraz wzoru metylacji wysp CpG w regionie 15q11-q13.	400*	LGK_14_1
	LGK_2_2_9	[NFZ] Zespół Retta (MECP2)	Zespół Retta (OMIM *300005).	Analiza sekwencji kodującej genu MECP2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger a.	650*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*Kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA KONSTYTUCYJNA						
zaburzenia rozwojowe i niepełnosprawność intelektualna	LGK_2_2_10	[NFZ] Zespół Rett, congenital variant (FOXG1)	Zespół Rett, congenital variant (OMIM *164874).	Analiza sekwencji kodującej genu FOXG1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1
	LGK_2_2_11	[NFZ] Gluchota wrodzona DFNB1, AR (GJB2)	Gluchota wrodzona, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu GJB2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	400*	LGK_14_1
	LGK_2_2_12	[NFZ] Miotonia Thomsena, Beckera (CLCN1)	Miotonia wrodzona, AD, AR (OMIM #220290).	Analiza sekwencji kodującej genu CLCN1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1450*	LGK_14_1
	LGK_2_2_13	[NFZ] DMD (MLPA)	Dystrofia Duchena/Beckera (OMIM *300377).	Analiza liczby kopii genu DMD testem MLPA (P034 oraz P035, MRC-Holland).	600*	LGK_14_1
	LGK_2_2_14	[NFZ] SMA (SMN1/2)	Rdzeniowy zanik mięśni, SMA (OMIM *600354).	Analiza liczby kopii eksonu 7 genu SMN1 oraz genu SMN2 zestawem Amplidex SMA Plus Kit (CE-IVD).	400*	LGK_14_1
	LGK_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 prąkowej GTW.	329	----
	LGK_3_1_2	[NFZ] HSH - uzupełnienie kariotypu	Analiza kariotypu - badanie FISH z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Badanie uzupełniające analizę chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> limfocytów krwi obwodowej lub fibroblastów. Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej.	470	----
	LGK_3_1_2	[NFZ] Przedwczesne wygasanie czynności jajników (powtórzenia CGG)	Przedwczesne wygasanie czynności jajników (FXPO) (OMIM #311360).	Analiza regionu zawierającego powtórzenia CGG w genie FMR1 pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw Amplidex FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1
	LGK_3_1_3	[NFZ] Zespół BPES (FOXL2)	Zespół BPES (OMIM *605597).	Analiza sekwencji kodującej genu FOXL2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	500*	LGK_14_1
	LGK_3_1_3	[NFZ] Amyloidoz transystretynowa (TTR)	Amyloidoz transystretynowa (OMIM *176300).	Analiza sekwencji kodującej genu TTR przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	550*	LGK_14_1
zaburzenia płodności	LGK_3_1_2	[NFZ] Deficyt alfa1-antytrypsyny (SERPINA1)	Deficyt alfa1-antytrypsyny (OMIM *107400).	Analiza w kierunku wariantów p.Glu366Lys (allel Z) oraz p.Glu288Val (allel S) genu SERPINA1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	400*	LGK_14_1
	LGK_3_1_2	[NFZ] Deficyt MCAD (ACADM)	Deficyt dehydrogenazy acylo-CoA średniołańcuchowych kwasów tłuszczowych - MCAD (OMIM *607008).	Analiza w kierunku wariantu p.Lys304Glu genu ACADM przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	350*	LGK_14_1
	LGK_3_1_2	[NFZ] Deficyt LCHAD (HADHA)	Deficyt dehydrogenazy długłańcuchowych kwasów tłuszczowych - LCHAD (OMIM *600890).	Analiza w kierunku wariantu p.Glu510Gln genu HADHA przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	350*	LGK_14_1
	LGK_3_1_2	[NFZ] Deficyt LCHAD (HADHA)	Deficyt dehydrogenazy długłańcuchowych kwasów tłuszczowych - LCHAD (OMIM *600890).	Analiza w kierunku wariantu p.Glu510Gln genu HADHA przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sanger.	350*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - Clininet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
zaburzenia metabolizmu	LGK_14_1	[NFZ] Gorączka śródziemnomorska (MEFV)	Gorączka śródziemnomorska (OMIM #608107).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MEFV</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	950*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] MODY (NGS)	Cukrzyca monogenowa.	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BCS6</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 rearranżacji.	2600*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Fenylketonuria (PAH)	Fenylketonuria (OMIM #61349).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>PAH</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1250*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Zespół Gilberta (UGT1A1)	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(TTA)6TAA oraz A(TTA)7TAA (zestaw gb GENETIC Gilbert, CE-IVD).	200*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Zespół Legius (SPRED1)	Zespół Legiusa (OMIM #609291).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SPRED1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	850*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (BRCA1)	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 eksomach 2, 5, 11 i 20 genu <i>BRCA1</i> (c.68_69delAG, c.181T>G, c.3700_3704delGTAA, c.A035delA, c.5266dupC).	230*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Zespół Peutza Jeghersa (STK11)	Zespół Peutza Jeghersa (OMIM #175200).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>STK11</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Zespół polipowatości miodzienczej (BMPRIA, SMAD4)	Zespół polipowatości miodzienczej (OMIM #174900).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BMPRIA</i> , <i>SMAD4</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1700*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Zespół von Hippel-Lindaua (VHL)	Zespół von Hippel-Lindaua (OMIM #193300).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>VHL</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	500*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHB)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM #185470).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHB</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	850*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHD)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM #602690).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHD</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1
zaburzenia endokrynologiczne	LGK_14_1	[NFZ] Pheochromocytoma, paraganglioma (SDHC)	Zespół paraganglioma - pheochromocytoma (OMIM #602413).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SDHC</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	700*	LGK_14_1
	LGK_14_1	[NFZ] Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (MEN1)	Mnoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 1 (OMIM #131100).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>MEN1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*Kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA KONSTITUCYJNA		[NFZ] Zespół Cowden (PTEN)	Zespół Cowden (OMIM #601728).	Analiza sekwencji kodującej genu PTEN przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	950*	LGK_14_1
		[NFZ] Zespół Nijmegen (NBS)	Zespół Nijmegen (OMIM #602667).	Analiza sekwencji eksonu 6 w kierunku wariantu c.657_661del p.(Lys219Asnfs*16) genu NBN przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1
		[NFZ] Zespół Li-Fraumeni (TP53, NGS)	Zespół Li-Fraumeni (OMIM #191170).	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_LE_v1).	2600*	LGK_14_1
		[NFZ] FAP (APC, MUTYH)	Zespół gruczolakowaty polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456).	Analiza sekwencji genów APC, MUTYH - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-IL_FAP_v1).	2600*	LGK_14_1
		[NFZ] HNPCC (MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM)	Dziedziczny rak jelita grubego niezwiązany z polipowatością (HNPCC) (OMIM #609310, #120435, #614350, #614337, #613244).	Analiza sekwencji genów MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, 3'UTR EPCAM - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-IL_HNPCC_v1).	2600*	LGK_14_1
		[NFZ] Młoga gruczolakowatość wewnątrzwydzielnicza typu 2 (RET)	Zespół mnogiej gruczolakowatości wewnątrzwydzielniczej typu 2 (MEN2) (OMIM #164761).	Analiza sekwencji kodującej genu RET przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_TH_v1).	2600*	LGK_14_1
		[NFZ] Rodzinne występujący rak trzustki (CORE) (NGS)	Rodzinne występujący rak trzustki (OMIM #614320, #613347, #606719, #613348, #175200, #151623).	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2, STK11, TP53 - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_FPC_core_v1).	2700*	LGK_14_1
		[NFZ] Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (CHEK2, PALB2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genów CHEK2 oraz PALB2 w polskiej populacji techniką HRM i/lub ASA-PCR oraz weryfikowaną sekwencjonowaniem bezpośrednim metodą Sangera. Badany region obejmuje trzy wybrane warianty genu CHEK2: c.444+1G>A, c.1100delC, c.470T>C, delekcję eksonów 9 i 10 (del5395) oraz dwa wybrane warianty genu PALB2: c.172_175delTTGT, c.509_510delGA.	350*	LGK_14_1
		[NFZ] HBOC, NGS (BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza sekwencji kodującej genów BRCA1, BRCA2, CHEK2 oraz PALB2 techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZCHN_M-IL_v2).	2650*	LGK_14_1
		[NFZ] HBOC, MLPA (BRCA1, BRCA2)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza liczby kopii genów BRCA1 oraz BRCA2 testem MLPA (P002 oraz P045, MRC-Holland).	550*	LGK_14_1
		[NFZ] HBOC, MLPA (CHEK2, PALB2, RAD50, RAD51C, RAD51D)	Rodzinne występujący rak piersi i/lub jajnika (OMIM #604370).	Analiza liczby kopii genów CHEK2, PALB2, RAD50*, RAD51C oraz RAD51D testem MLPA (P190 oraz P260, MRC-Holland). *tylko wybrane eksony	550*	LGK_14_1
		[NFZ] FAP, MLPA (APC, MUTYH)	Zespół gruczolakowaty polipowatości rodzinnej (OMIM #175100, #608456).	Analiza liczby kopii genów APC, MUTYH, GREM1* oraz SCG5* testem MLPA (P043 oraz P378, MRC-Holland). *tylko wybrane eksony	550*	LGK_14_1

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA KONSTYTUCYJNA		[NFZ] HNPCC, MLPA (MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM)	Dziedziczny rak jelita grubego niezwiązany z polipowatością (HNPCC) (OMIM #609310, #120435, #614350, #614337, #613244).	Analiza liczby kopii genów <i>MLH1</i> , <i>MSH2</i> , <i>PMS2</i> oraz <i>EPCAM</i> * testem MLPA (P003, P008 oraz P072, MRC-Holland). *tylko wybrane eksony	650*	LGK_14_1
	LGK_7_1	[NFZ] Dystrofia obręczowo - kończynowa (CAPN3)	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.	350*	LGK_14_1
	LGK_7_2	[NFZ] łagodna płaszcawica rodzinna (NKK2-1)	łagodna płaszcawica rodzinna (OMIM *600635).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>NKK2-1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1
	LGK_7_3	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 4 (SPAST)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *604277).	Analiza sekwencji eksonów 1, 6-7, 8, 10-12 genu <i>SPAST</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1
	LGK_7_4	[NFZ] Spastyczna paraplegia typ 17 (BSC12)	Spastyczna paraplegia typ 4 (OMIM *606158).	Analiza sekwencji eksonu 3 genu <i>BSC12</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1
	LGK_7_5	[NFZ] Choroba Wilsona (ATP7B)	Choroba Wilsona (OMIM *606882).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <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*). *tylko wybrane eksony	500*	LGK_14_1
	LGK_7_6	[NFZ] Stwardnienie zanikowe boczne (SOD1)	Stwardnienie zanikowe boczne (SLA) (OMIM *147450).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>SOD1</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	650*	LGK_14_1
	LGK_7_7	[NFZ] Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (powiększenia CGG)	Zespół ataksji i drżenia związanym z FXS (FXTAS) (OMIM #300623).	Analiza regionu zawierającego powiększenia CGG w genie <i>FMR1</i> pod kątem obecności premutacji/mutacji (zestaw Amplicox FMR1 PCR, CE-IVD).	600*	LGK_14_1
	LGK_7_8	[NFZ] Zespół CADASIL (NOTCH3)	Zespół CADASIL (OMIM *600276).	Analiza sekwencji eksonów 2-6 genu <i>NOTCH3</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	450*	LGK_14_1
	LGK_7_9	[NFZ] Zespół McCune-Albright (GNAS)	Zespół McCune-Albright (OMIM *139320).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu <i>GNAS</i> (p.Arg201, p.Gln227) przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	350*	LGK_14_1
	LGK_7_10	[NFZ] Choroba Huntingtona (powiększenia CAG)	Choroba Huntingtona (HD) (OMIM #143100).	Analiza regionu zawierającego powiększenia CAG w genie <i>HTT</i> (zestaw Amplicox PCR/CE HTT).	500*	LGK_14_1
	LGK_9_1	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (LDLR, APOB)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890).	Analiza dużych rearanżacji techniką MLPA (zestaw 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.	650*	LGK_14_1
	LGK_9_3	[NFZ] Hiperlipidemia typu III (APOE)	Hiperlipidemia typu III (OMIM *107741).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>APOE</i> przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	550*	LGK_14_1

Rodzaj badania	GENETYKA KONSTYTUCYJNA					Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
	Kod badania	Nazwa badania - Clinikit	Nazwa badania	Opis badania			
kardiologia	LGK_9_5	[NFZ] Pierwotne zaburzenia czynności elektrycznej serca (KCNJ2)	Zespół skróconego QT, wydłużonego QT, Andersen'a (OMIM *600681).	Analiza sekwencji kodującej genu KCNJ2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		450*	LGK_14_1
	LGK_9_6	[NFZ] Kardiomiopatia (LMNA)	Kardiomiopatia związana z wariantami genu LMNA (OMIM *150330).	Analiza sekwencji kodującej genu LMNA przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		950*	LGK_14_1
	LGK_9_7	[NFZ] HTG (LPL)	Hiperlipoproteinemia typu I (OMIM # 238600).	Analiza sekwencji kodującej genu LPL przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		1000*	LGK_14_1
	LGK_9_8	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna (NGS)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM #143890, OMIM #603813).	Analiza sekwencji kodującej genów LDLR, PCSK9, APOE, LDLRAP1 oraz fragmentu eksonu 26 genu APOB techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).		2650*	LGK_14_1
	LGK_9_9	[NFZ] Hiperlipidemia (NGS)	Hiperlipidemia.	Analiza sekwencji kodującej genów ABCA1, ABCG5, ABCG8, APOA1, APOB, APOC3, APOE, CYP77A1, LDLR, LDLRAP1 oraz PCSK9 techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HL_v1).		2850*	LGK_14_1
	LGK_9_10	[NFZ] HTG (NGS)	Hipertroglicydemia.	Analiza sekwencji kodującej genów APOA5, APOC2, APOE, CREB3L3, GPD1, GPIIIBP1, LMFI oraz LPL techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HTG_core_v1).		2850*	LGK_14_1
	LGK_9_11	[NFZ] Hipercholesterolemia rodzinna, MLPA (LDLR)	Hipercholesterolemia rodzinna (OMIM *606945).	Analiza liczby kopii genu LDLR testem MLPA (P062, MRC-Holland).		300*	LGK_14_1
	LGK_9_12	[NFZ] HTG, MLPA (LPL)	Hipertroglicydemia (OMIM *609708).	Analiza liczby kopii genu LPL testem MLPA (P218, MRC-Holland).		300*	LGK_14_1
	LGK_10_1	[NFZ] Steroidooporny zespół nerczycowy o późnym początku (NFZ, LMX1B)	Steroidooporny zespół nerczycowy o późnym początku (OMIM #613237).	Analiza sekwencji eksonów 2-4 genu INF2 oraz eksonu 4 genu LMX1B przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		550*	LGK_14_1
	LGK_10_2	[NFZ] Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (WT1)	Zespół Denys-Drash, zespół Frasiera (OMIM *607102).	Analiza sekwencji eksonów 8 i 9 genu WT1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		400*	LGK_14_1
	LGK_10_3	[NFZ] Zespół nerczycowy (NPHS2, WT1)	Zespół nerczycowy (OMIM #600995, #256370).	Analiza sekwencji kodującej genu NPHS2 oraz eksonów 8 i 9 genu WT1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		1000*	LGK_14_1
	LGK_11_1	[NFZ] Zespół Hajdu-Cheney (NOTCH2)	Zespół Hajdu-Cheney (OMIM *600275).	Analiza sekwencji eksonu 34 genu NOTCH2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		500*	LGK_14_1
ortopedia	LGK_11_2	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu I (EXT1).	Mnogie wyrośla kostne typu I (OMIM #133700).	Analiza sekwencji kodującej genu EXT1 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.		1150*	LGK_14_1

Rodzaj badania	GENETYKA KONSTYTUCYJNA		Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
	farmako genetyka	ortopedia					
GENETYKA MOLEKULARNA		LGK_11_3	[NFZ] Mnogie wyrośla kostne typu I (EXT2).	Mnogie wyrośla kostne typu II (OMIM #133701).	Analiza sekwencji kodującej genu EXT2 przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	1250*	LGK_14_1
		LGK_11_4	[NFZ] Zespół paznokciowo-rzępkowy (LMX1B).	Zespół paznokciowo-rzępkowy (OMIM #602575).	Analiza sekwencji kodującej genu LMX1B przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	750*	LGK_14_1
		LGK_12_1	[NFZ] CYP2C9 (*2, *3)	Farmakogenetyka: CYP2C9*2, CYP2C9*3.	Analiza wariantu CYP2C9*2 (c.430C>T, rs1799853) oraz CYP2C9*3 (c.1075A>C, rs1057910) metodą QF-PCR (zestaw gb PHARM Warfarin, CE-IVD).	300*	LGK_14_1
				</			

Rodzaj badania	GENETYKA MOLEKULARNA				Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
	analiza w kierunku określonego wariantu typu SNV lub CNV					
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania		
	LGK_14_3	[NFZ] Wariant (Sanger)	Analiza wariantu punktowego występującego w rodzinie.	Analiza kosegregacji wariantu genetycznego występującego w rodzinie przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badanie dotyczy wyłącznie procedur będących w ofercie.	300*	LGK_14_1
	LGK_14_4	[NFZ] Wariant (MLPA)	Analiza dużej delecji/duplikacji występującej w rodzinie.	Analiza kosegregacji wariantu genetycznego występującego w rodzinie przy użyciu techniki MLPA. Badanie dotyczy wyłącznie procedur będących w ofercie.	550*	LGK_14_1
	LGK_14_5	[NFZ] Wariant (po uzgodnieniu)	Analiza sekwencji wybranych loci przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	Badanie wykonywane po uzgodnieniu szczegółów z Laboratorium Genetyki Klinicznej UCK. Badanie wykonywane wyłącznie, gdy na skierowaniu dokładnie określono wybrane loci lub podano precyzyjny zapis wariantu (zapis na poziomie DNA i białka wraz z podaną sekwencją referencyjną) lub kopia wyniku probanta.	600*	LGK_14_1
	LGK_15_1_1	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>LDLR</i> , <i>PCSK9</i> , <i>APOE</i> , <i>LDLRAP1</i> oraz fragmentu eksonu 26 genu <i>APOB</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_ADH-ARH_core_v1).	500	-----
	LGK_15_1_2	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_HL_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_HL_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>ABCA1</i> , <i>ABCG5</i> , <i>ABCG8</i> , <i>APOA1</i> , <i>APOB</i> , <i>APOC3</i> , <i>APOE</i> , <i>CYP27A1</i> , <i>LDLR</i> , <i>LDLRAP1</i> oraz <i>PCSK9</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HL_v1).	500	-----
Rodzaj badania	analiza bioinformatyczna					
	LGK_15_1_3	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_01, subpanel_HTG_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_01, subpanel_HTG_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>APOA5</i> , <i>APOC2</i> , <i>APOE</i> , <i>CREB3L3</i> , <i>GPD1</i> , <i>GPIIIBP1</i> , <i>LMIT1</i> oraz <i>LPL</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_01, subpanel_HTG_v1).	500	-----
	LGK_15_3_1	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_LF_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_LF_v1).	Analiza sekwencji kodującej genu <i>TP53</i> przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_LF_v1).	500	-----
	LGK_15_3_2	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZChN_M-L_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZChN_M-L_v1).	Analiza sekwencji kodującej genów <i>BRCA1</i> i <i>BRCA2</i> techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-L_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję germinalnych wariantów punktowych oraz dużych rearanżacji. ****	500	-----

Rodzaj badania		Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
GENETYKA MOLEKULARNA		analiza bioinformatyczna					
		LGK_15_3_3	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZChN_M-IL_FAP_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZChN_M-IL_FAP_v1).	Analiza sekwencji genów APC, MUTYH - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-IL_FAP_v1).	500	----
		LGK_15_3_4	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZChN_M-IL_HNPCC_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZChN_M-IL_HNPCC_v1).	Analiza sekwencji genów MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, 3'UTR EPCAM - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-IL_HNPCC_v1).	500	----
		LGK_15_3_5	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_TH_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_TH_v1).	Analiza sekwencji kodującej genu RET przy użyciu sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_TH_v1).	500	----
		LGK_15_3_6	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_FPC_core_v1)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_FPC_core_v1).	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CDKN2A, PALB2, STK11, TP53 - SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_FPC_core_v1).	500	----
		LGK_15_3_7	[NFZ] Reanaliza danych NGS (panel_03, subpanel_NPZChN_M-L_v2)	Rozszerzenie analizy danych uzyskanych techniką sekwencjonowania NGS (panelu_03, subpanel_NPZChN_M-L_v2).	Analiza sekwencji kodującej genów BRCA1, BRCA2, CHEK2 oraz PALB2 techniką sekwencjonowania NGS, SureSelect XT HS, Agilent (panel_03, subpanel_NPZChN_M-L_v2).	500	----
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych	
ONKOGENETYKA	LGK_20_1_1	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (kariotyp)	Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli in vitro komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prakłkowej GTW.	500	----	
	LGK_20_2_2	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (chimerizm)	Ocena chimerizmu poprzez szczepowego metodą FISH.	Analiza obecności sekwencji centromerowych chromosomów X i Y w ocenie chimerizmu poprzez szczepowego metodą FISH.	450	----	
	LGK_20_2_3	[NFZ] Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie Laboratorium. *** Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	450	----	
	LGK_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 utwardzona 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 utwardzona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	1350	----	

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*Kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
ONKOGENETYKA	hematologia					
	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 utwardzona 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_1
	LGK_20_3_3	[MZ] Chimerizm (PRE, dawca)	Analiza profilu DNA dawcy. program NFZ	Analiza profilu DNA dawcy wymagana w celu oznaczenia chimerizmu poprzeczecowego zgodnie z procedurą LGK_20_3_5 (zestaw PowerPlex 16 HS System).	370*	LGK_14_1_1
	LGK_20_3_4	[MZ] Chimerizm (PRE, biorca)	Analiza profilu DNA biorcy. program NFZ	Analiza profilu DNA biorcy wymagana w celu oznaczenia chimerizmu poprzeczecowego zgodnie z procedurą LGK_20_3_5 (zestaw PowerPlex 16 HS System).	370*	LGK_14_1_1
	LGK_20_3_5	[MZ] Chimerizm (POST)	Analiza chimerizmu poprzeczecowego. program NFZ	Oznaczenie chimerizmu poprzeczecowego przy użyciu zestawu PowerPlex 16 HS System. Analiza chimerizmu wykonywana na podstawie analizy wyników uzyskanych w procedurze LGK_20_3_3, LGK_20_3_4 oraz LGK_20_3_5.	450*	LGK_14_1_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, BCR, BRAF, CALR, CBL, CEBPA, CFSR, 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. ****	3300*	LGK_14_1_1
	LGK_20_3_9	[NFZ] CLL (TP53) NGS	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 (NGS). program lekowy - Ibrutinib	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	2850*	LGK_14_1_1
	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 prażkowej GTW.	650	-----
guzy lite						
	LGK_40_2_1	[NFZ] Glejak, FFPE (1p/19q)	Analiza kodeleji 1p / 19q metodą FISH.	Analiza delecji 1p oraz delecji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (loci: 1p36,1q25/ 19q13,19p13) Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utwardzona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	750	-----

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1. czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
ONKOGENETYKA				guzy ł		
	LGK_40_2_2	[NF2] Neuroblastoma (MYCN)	Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: preparat odciskowy fragmentu guza.	400	-----
	LGK_40_2_3	[NF2] Neuroblastoma, FFPE (MYCN)	Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	LGK_40_2_4	[NF2] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ALK)	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_40_2_5	[NF2] Myxoid/round cell liposarcoma, FFPE (DDIT3)	Analiza rearanżacji genu 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_40_2_6	[NF2] PNET, FFPE (EWSR1)	Analiza rearanżacji genu 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_40_2_7	[NF2] Rak piersi, rak żołądka, FFPE (HER2)	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_40_2_8	[NF2] Synovial sarcoma, FFPE (SYT)	Analiza rearanżacji genu 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_40_2_9	[NF2] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (MET)	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_40_2_10	[NF2] Dedifferentiated liposarcoma, FFPE (MDM2)	Analiza amplifikacji genu MDM2 (12q15) metodą FISH.	Analiza genu MDM2 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MDM2/CCP12). Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----

ONKOGENETYKA

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*Kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
guzy lite						
	LGK_40_2_11	[NFZ] Sarcoma, FFPE (FUS)	Analiza rearatacji genu FUS (16p11) metodą FISH.	Analiza rearatacji 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_40_2_12	[NFZ] Rhabdomyosarcoma, FFPE (PAX3)	Analiza rearatacji genu PAX3 (2q36) metodą FISH.	Analiza rearatacji 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_40_2_13	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, FFPE (ROS1)	Analiza rearatacji genu ROS1 (6q22) metodą FISH.	Analiza rearatacji 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). <i>Badanie uzupełniające po badaniu immunohistochemicznym</i>	500	-----
	LGK_40_2_14	[NFZ] Mucoepidermoid Carcinoma, FFPE (MAML2)	Analiza rearatacji genu MAML2 (11q21) metodą FISH.	Analiza rearatacji 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	-----
	LGK_40_2_15	[NFZ] Pilocytic Astrocytoma, FFPE (BRAF-KIAA1549)	Analiza fuzji genów BRAF-KIAA1549 (7q34;7q34) metodą FISH.	Analiza fuzji genów BRAF-KIAA1549 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond typu dual-fusion. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	LGK_40_3_2	[NFZ] GIST (KIT, PDGFRA)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT oraz PDGFRA.	Analiza sekwencji eksonów 9, 11, 13 i/lub 17 genu KIT oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu PDGFRA w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_6
	LGK_40_3_3	[NFZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca (EGFR)	Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_6
	LGK_40_3_4	[MZ] Niedrobnokomórkowy rak płuca, cDNA (EGFR)	Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR (cDNA). <i>program lekowy - Ozymeritib</i>	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w cDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_8
	LGK_40_3_5	[NFZ] Neuroblastoma (ALK)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu ALK.	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu ALK w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu ALK obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	450*	LGK_14_6
	LGK_40_3_9	[NFZ] Rak jelita grubego (KRAS)	Analiza najczęstszych wariantów genu KRAS.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu KRAS w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu KRAS obejmuje 28 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*	LGK_14_6

ONKOGENETYKA		Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
Rodzaj badania	Kod badania				
guzy łite	LGK_40_3_10	[NFZ] Rak jelita grubego, czerniak (NRAS, BRAF)	Analiza najczęstszych wariantów genów NRAS i BRAF.	500*	LGK_14_6
	LGK_40_3_11	[NFZ] Rak grzasty, czerniak (KIT)	Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT.	600*	LGK_14_6
	LGK_40_3_16	[NFZ] Rak piersi (PIK3CA)	Analiza najczęstszych wariantów genu PIK3CA.	600*	LGK_14_6
	LGK_40_3_22	[NFZ] MSI	Analiza niestabilności mikrosatelitarnej.	550*	LGK_14_1 LGK_14_6
			Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023
hematologia	LGK_30_1_1	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (kariotyp)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	500	----
	LGK_30_1_2	Diagnostyka MDS (kariotyp, FISH)	Zaawansowane badanie genetyczne. Diagnostyka MDS - kariotyp + FISH (panel 5 sond: del5q, del7q, KMT2A, MECOM, TP53)	2100	----
	LGK_30_1_3	Diagnostyka AML (kariotyp, FISH)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka AML - kariotyp + FISH (MECOM)	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)	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)	2100	----

ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ						
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
hematologia	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/AF1)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji 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::AF1 (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) oraz obecności fuzji BCR::ABL (9q34.12::22q11.23), ETV::RUNX (12p13.2::21q22.12) 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 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	-----
	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/AF1)	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli <i>in vitro</i> komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW oraz analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji 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::AF1 (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 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 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	-----

strona 15/20

34

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	* kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
hematologia	LGK_30_2_3	Choroby rozrostowe układu krwiotwórczego (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza FISH komórek nowotworowych z zastosowaniem jednej sondy specyficznej.	Analiza wybranego locus z zastosowaniem metody FISH przy użyciu jednej sondy specyficznej będącej w ofercie Laboratorium.* Materiał analityczny: rozmaz krwi lub szpiku kostnego.	450	-----
	LGK_30_2_4	Chłoniaki niezajrznicze, FFPE (IGH/MYC)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza fuzji genów IGH-MYC, t(8;14)(q24;q32), metoda FISH.	Analiza fuzji genów IGH-MYC z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	550	-----
	LGK_30_2_5	Chłoniaki niezajrznicze, 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 niezajrznicze, 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 loci 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 loci 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	-----
	LGK_30_2_11	Chłoniak płaszcz, MCL, FFPE (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza fuzji genów IGH-CCND1 t(11;14)(q13;q32) metodą FISH.	Analiza fuzji genów IGH-CCND1 z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond translokacyjno-fuzyjnych. Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
	LGK_30_2_12	Chłoniak żółątkła, MALT, FFPE (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Analiza fuzji genów MAL-T1-BIRC3 t(11;18)(q22;q21) metodą FISH.	Analiza fuzji genów MAL-T1-BIRC3 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 promielicytowa (FISH)	Podstawowe badanie genetyczne. Diagnostyka AML promielicytowa - FISH (PML/RARA)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji fuzji genów PML::RARA (15q24:17q21.2) na rozmazach szpiku kostnego.	480	-----

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

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
hematologia	LGK_30_2_15	AML promielocytowa (FISH)	Złożone badanie genetyczne. Diagnostyka AML promielocytowa - FISH (panel 2 sond - PML/RARA + RARA break apart)	Analiza wybranych loci/genów metodą FISH w celu identyfikacji fuzji genów PML::RARA (15q24::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 loci 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 loci 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: ABL1, ANKRD26, ASXL1, BCR, BRAF, CARL, CBL, CEBPA, CSF3R, DDIT3, DNMT3A, ETV6, EZH2, FLT3, GATA1, GATA2, IDH1, IDH2, JAK2, KIT, KRAS, MPL, NPM1, NRAS, PHF6, PTPN11, RUNX1, SETBP1, SF3B1, SRSF2, STAG2, TET2, TP53, UZF1, WT1, ZRSR2. ****	3300*	LGK_14_1
	LGK_30_3_9	CLL (TP53) NGS	Złożone badanie genetyczne Analiza sekwencji kodującej genu TP53 (NGS).	Analiza sekwencji kodującej genu TP53 przy użyciu sekwencjonowania NGS (VariantPlex Core Myeloid, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wariantów punktowych.	2850*	LGK_14_1
	LGK_50_1_1	Guzy łte (kariotyp)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza kariotypu komórek nowotworowych.	Analiza chromosomów metafazalnych uzyskanych z hodowli in vitro komórek nowotworowych z zastosowaniem metody prążkowej GTW.	650	-----
	LGK_50_2_1	Glejak, FFPE (1p/19q)	Złożone badanie genetyczne Analiza delekcji 1p/19q metodą FISH.	Analiza delekcji 1p oraz delekcji 19q z zastosowaniem metody FISH przy użyciu dwóch zestawów sond delecyjnych (loci: 1p36,1q25/19q13,19p13).	750	-----
	LGK_50_2_2	Neuroblastoma (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Analiza genu MYCN z zastosowaniem metody FISH przy użyciu zestawu sond amplifikacyjnych (loci: MYCN/CCP2).	400	-----
	LGK_50_2_3	Neuroblastoma, FFPE (MYCN)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza amplifikacji MYCN (2p24) metodą FISH.	Materiał analityczny: tkanka nowotworowa utrwalona w formalinie i zatopiona w parafinie (FFPE).	500	-----
guzy łte	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).	500	-----
				Badanie uzależniające od badania immunohistochemicznym.		

Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
guzy lite	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/JCCP17). 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/JCCP7). 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/JCCP12). 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).	500	-----
	LGK_50_2_14	Mucocipidermoid 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	-----
	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	-----

Rodzaj badania		ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa NFZ			
Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
LGK_50_3_2	GIST (KIT, PDGFRA)	Złożone badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT oraz PDGFRA.	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu KIT oraz eksonów 12, 14 i/lub 18 genu PDGFRA w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	800*	LGK_14_6
LGK_50_3_3	Niedrobnokomórkowy rak płuca (EGFR)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_6
LGK_50_3_4	Niedrobnokomórkowy rak płuca, cDNA (EGFR)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu EGFR (cDNA).	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu EGFR w cDNA metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 40 wybrane warianty w eksonach 18, 19, 20 i 21 genu EGFR.	550*	LGK_14_8
LGK_50_3_5	Neurolastoma (ALK)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu ALK.	Analiza sekwencji eksonów 23, 25 genu ALK w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera. Badany region genu ALK obejmuje m.in. warianty p.L1152R, p.F1174V, p.F1245C, p.L1196M, p.G1202R.	450*	LGK_14_6
LGK_50_3_9	Rak jelita grubego (KRAS)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu KRAS.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu KRAS w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu KRAS obejmuje 28 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146.	450*	LGK_14_6
LGK_50_3_10	Rak jelita grubego, czerniak (NRAS, BRAF)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu NRAS i BRAF.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu NRAS i BRAF w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR. Badany region genu NRAS obejmuje 25 wybranych wariantów w kodonach: p.G12, p.G13, p.A18, p.A59, p.Q61, p.K117, p.A146. Badany region genu BRAF obejmuje 11 wybranych wariantów w kodonach: p.G469, p.G466, p.K601, p.V600.	500*	LGK_14_6
LGK_50_3_11	Rak grasicy, czerniak (KIT)	Podstawowe badanie genetyczne Analiza sekwencji wybranych eksonów genu KIT.	Analiza sekwencji eksonów 9,11,13 i/lub 17 genu KIT w DNA komórek nowotworowych przy użyciu sekwencjonowania bezpośredniego metodą Sangera.	600*	LGK_14_6
LGK_50_3_12	Rak płuca (Lung, NGS)	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych - panel 14 genów FusionPlex Lung, Archer	Analiza wybranych mutacji punktowych i/lub genów fuzyjnych techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS) (FusionPlex Lung v2, Archer). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję wybranych wariantów punktowych wariantów punktowych, w tym delecji-no-insercyjnych, w wybranych fragmentach genów: ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, KRAS, MET, NRG1, NTRK1, PIK3CA, RET, ROS1 oraz wykrycie fuzji, wariantów splicingowych oraz tzw. exon-skipping w wybranych regionach transkryptów genów: ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PIK3CA, RET, ROS1. ****	3150*	LGK_14_10
LGK_50_3_16	Rak piersi (PIK3CA)	Proste badanie genetyczne Analiza najczęstszych wariantów genu PIK3CA.	Analiza w kierunku najczęstszych wariantów genu PIK3CA w DNA komórek nowotworowych metodą QF-PCR (CE-IVD). Badany region obejmuje 17 wybranych wariantów w eksonach 2, 5, 8, 10 i 21 genu PIK3CA.	600*	LGK_14_6
LGK_50_3_17	Rak piersi (NGS, FFPE) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, PIK3CA, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_Q4, subpanel_BrCa_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinowych wariantów punktowych i/lub dużych rearańcji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6

ONKOGENETYKA - zarządzenie nr 129/2016/DSOZ oraz 127/2017/DSOZ Prezesa						
Rodzaj badania	Kod badania	Nazwa badania - ClinNet	Nazwa badania	Opis badania	Cena zewnętrzna (zł) od 1 czerwca 2023	*kod procedury izolacji kwasów nukleinowych
guzy lite	LGK_50_3_18	Rak jajnika (NGS, FFPE) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04Ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_19	Rak trzonu macicy (NGS, FFPE) - POLE, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów POLE, TP53.	Analiza sekwencji genów POLE, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04Ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji. ****	2850*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_20	Rak trzustki (NGS, FFPE) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04Ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_21	Rak prostaty (NGS, FFPE) - BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53	Zaawansowane badanie genetyczne Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53.	Analiza sekwencji genów BRCA1, BRCA2, CHEK2, PALB2, TP53 w DNA komórek nowotworowych - SureSelect XT HS, Agilent (panel_04, subpanel_04Ca_v1). Procedura diagnostyczna umożliwia detekcję somatycznych i/lub germlinalnych wariantów punktowych i/lub dużych rearanżacji. ****	3450*	LGK_14_1 LGK_14_6
	LGK_50_3_22	MSI	Proste badanie genetyczne Analiza niestabilności mikrosatelitarnej.	Analiza markerów mikrosatelitarnych w DNA izolowanym z tkanki nowotworowej (FFPE) oraz tkanki zdrowej tego samego pacjenta w celu określenia statusu niestabilności mikrosatelitarnej (MSI) nowotworu (zestaw OncoMate MSI Dx Analysis System, CE-IVD).	550*	LGK_14_1 LGK_14_6

*cena NIE zawiera kosztu izolacji materiału genetycznego

** schematy diagnostyczne dostępne w LGK

*** lista sond do techniki FISH dostępna w LGK

**** szczegóły panelu dostępne w LGK

ZASTĘPCA PRZESZKONIK
ANALIZATOR GENOMOWY LABORATORIUM
DS GENETYKI KLINICZNEJ
UNIWERSYTECKIE CENTRUM KLINICZNE
prof. dr hab. n. med. Bartosz Masag
podpis kierownika komórki organizacyjnej

Zastępca Dyrektora Naczelnego
ds. Sprzedaży i Rozliczeń Usług Medycznych
Uniwersyteckie Centrum Kliniczne
Dorota Kuzimska
podpis Dyrektora Pionu

DYREKTOR NACZELNY
Uniwersyteckie Centrum Kliniczne
Jakub Kraszewski
podpis Dyrektora Naczelnego
Kierownik Działu
Dział Sprzedaży i Zakupu Usług Medycznych
Uniwersyteckie Centrum Kliniczne
Marek Szewc