

## Painel Tumoral para Seleção de Drogas-Alvo em Câncer de Tireoide Avançado

**Paciente:** Nome e Sobrenome

**CPF:** xxx.xxx.xxx-xx

**Data de nascimento:** dd/mm/aaaa

**Médico solicitante:** Dra. "Médica Solicitante"

**CRM:** xxxxx

**Resultado gerado em:** dd/mm/aaaa

### AMOSTRA ANALISADA E MÉTODO

**Tipo Tumoral:** Carcinoma Folicular de Tireoide

**Foco Tumoral:**

- Tumor Primário  
 Linfonodo Cervical  
 Metástase à distância

**Localização:** Lobo Direito

**Tamanho:**

Conforme documentos enviados pelo paciente

**Data da validação da amostra:** dd/mm/aaaa

**Material utilizado:** Bloco de Parafina (id xxxxx)

**Método:** PCR em Tempo Real (BRAF V600E) e Sequenciamento de Nova Geração (NGS) para 52 genes

**Comentários Adicionais:**

Nada a adicionar

### RESULTADO FINAL

Nesta análise **não foram identificadas** mutações e nem fusões com relevância clínica para prognóstico ou para definição de tratamento no tumor avaliado em nenhum dos genes analisados.

### GENES ANALISADOS EM QUE **NÃO FORAM** ENCONTRADAS VARIANTES

- Não foram encontradas mutações pontuais (regiões hotspots) nos seguintes genes:

AKT1, **ALK**, **BRAF**, AR, CDK4, CTNNB1, DDR2, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FGFR2, FGFR3, GNA11, GNAQ, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MET, MTOR, NRAS, PDGFRA, PIK3CA, RAF1, **RET**, ROS1 e SMO.

- Não foram encontradas fusões gênicas com os seguintes genes:

ABL1, AKT3, **ALK**, AXL, BRAF, ERG, ETV1, ETV4, ETV5, EGFR, ERBB2, FGFR1, FGFR2, FGFR3, MET, **NTRK1**, **NTRK2**, **NTRK3**, PDGFRA, PPARC, RAF1, **RET** e ROS1

- A amostra não alcançou os parâmetros de qualidade mínimos necessários para a análise de ocorrência de alterações no número de cópias (CNVs).

### NOTAS TÉCNICAS

**Nota 1:** Vide resultados e informações detalhadas no relatório anexo e parte integral deste laudo, fornecido pelo laboratório de referência (apoio laboratorial).

**Nota 2:** Este resultado não descarta a possibilidade de existirem outras variantes genéticas localizadas fora da região de cobertura deste exame, em outros genes ou não detectáveis pelas técnicas utilizadas. A presença de alterações genéticas individuais (polimorfismos) nas regiões de ligação dos primers pode impedir a amplificação da região de interesse e interferir na detecção de mutações. A plataforma Ion S5 System (Thermo Fisher) apresenta limitações na detecção de variantes em regiões de homopolímero. A técnica utilizada apresenta limitações na detecção de fusões para amostras degradadas (amostras com tamanho médio de sequências abaixo dos valores validados para o teste). O teste não foi validado para diferenciar mutações somáticas de germinativas.

**Nota 3:** A interpretação do resultado deste exame e a conclusão diagnóstica, assim como a seleção de terapias, tratamentos e planos terapêuticos dependem de análise conjunta dos dados clínicos e demais exames do paciente. As conclusões deste teste envolvem o conhecimento científico atual e podem ser modificadas no futuro de acordo com a incorporação de novos conhecimentos pela ciência.

**Nota 4:** Análise de NGS realizada em parceria com o laboratório de referência do Instituto Hermes Pardini SA - CNES 6769888

**Responsável Técnico**

Dr. Marcos Tadeu dos Santos  
CRBio nº 113094/01-D

**Liberado por:**