

БИБЛИОТЕКА ПАЦИЕНТА

Возможности и перспективы молекулярно-генетической диагностики в онкологии

ИНФОРМАЦИЯ ДЛЯ ПАЦИЕНТОВ И ИХ РОДСТВЕНИКОВ

**Москва
2022**

Оформление серии Сергей СВИРИДОВ
Редактор Сергей СВИРИДОВ

Имянитов Е.Н., Любченко Л.Н., Чердынцева Н.В., Демидова И.А., Бадрина О.В., Иванова О.Б., Боровова И.В. ВОЗМОЖНОСТИ И ПЕРСПЕКТИВЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ В ОНКОЛОГИИ. – М., 2022.

АВТОРЫ:

Имянитов Евгений Наумович
Любченко Людмила Николаевна
Чердынцева Надежда Викторовна
Демидова Ирина Анатольевна
Бадрина Ольга

автор юридического блока: **Ольга Борисовна ИВАНОВА** – юристконсульт ВОО «Ассоциация онкологических пациентов «Здравствуй!»

Ирина Валерьевна БОРОВОВА – президент ВОО «Ассоциация онкологических пациентов «Здравствуй!»

ИНФОРМАЦИЯ ДЛЯ ПАЦИЕНТОВ ОСНОВАНА НА МЕТОДИЧЕСКИХ РЕКОМЕНДАЦИЯХ ПО КЛИНИЧЕСКОЙ ПРАКТИКЕ РОССИЙСКОГО ОБЩЕСТВА ОНКОЛОГОВ (RUSSCO), ЕВРОПЕЙСКОГО ОБЩЕСТВА МЕДИЦИНСКОЙ ОНКОЛОГИИ (ESMO) И АМЕРИКАНСКОГО ОБЩЕСТВА (NCCN).

ВАЖНО! В соответствии с Федеральным законом от 12.04.2010 года № 61-ФЗ «Об обращении лекарственных средств»

Данная брошюра содержит важные факты о лекарственных препаратах, но не предоставляет полную информацию о них. В случае возникновения каких-либо вопросов о лекарственной терапии – обратитесь к врачу, обсудите возможные преимущества, побочные эффекты терапии. Информация в брошюре не носит рекламный характер и предназначена для формирования общего представления о заболевании и возможностях современной медицины. Брошюра не является рекомендацией к лечению.





Дорогие читатели!

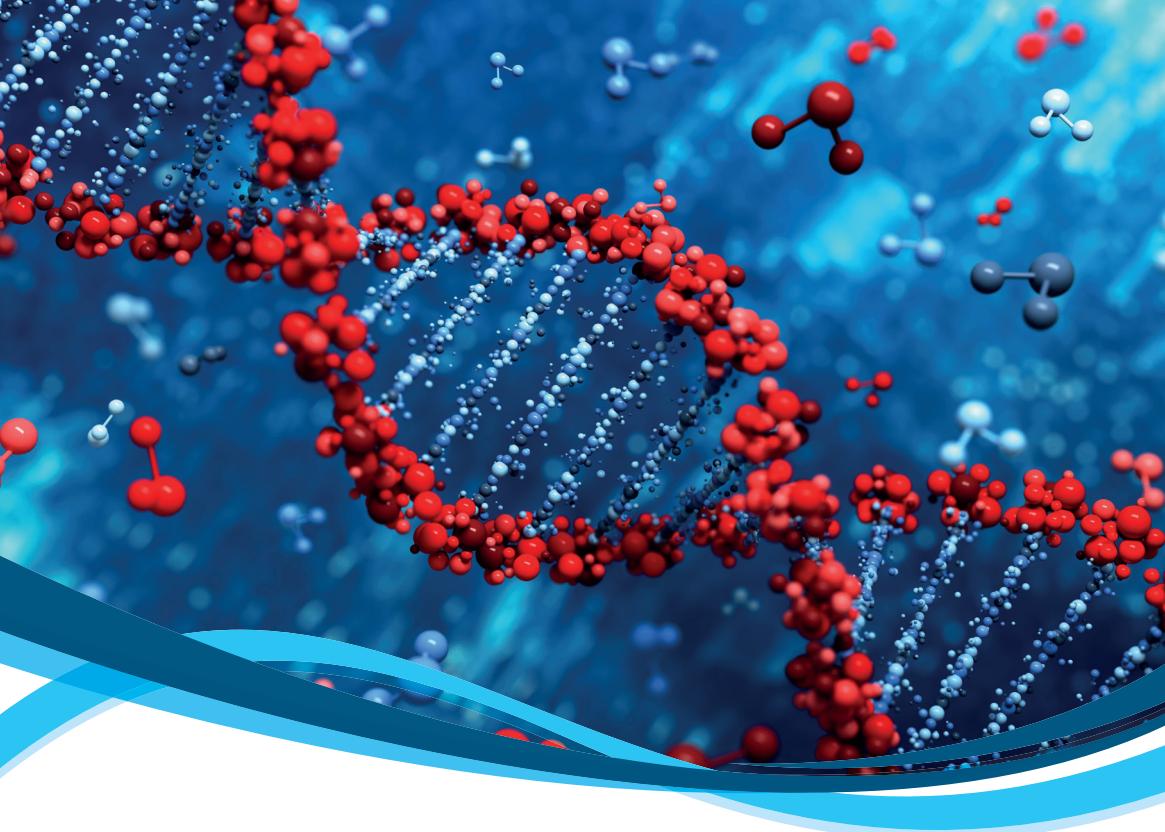
Рак – это онкологическое заболевание, или злокачественная опухоль, то есть скопление атипичных клеток, которые бесконтрольно делятся и не погибают вовремя. Количество диагностированных случаев рака постоянно растет: если в 2010 году диагноз получили 18,7 млн человек по всему миру, то в 2019 году – уже 23,6. Эксперты полагают, что к 2040 году это число вырастет до 29,5 млн.

Одна из причин такой «эпидемии» – увеличение продолжительности жизни. А чем человек старше, тем больше риск развития рака. Возможно ли как-то предсказать его возникновение? Понять заранее, чего стоит опасаться и где проявить осторожность? На эти вопросы может дать ответ молекулярно-генетическое тестирование. Следует знать, что молекулярная диагностика уже стала неотъемлемой частью современной онкологии. Данная брошюра содержит информацию об основных молекулярно-генетических тестах, применяемых в клинической практике. Она предназначена для онкологических пациентов и их близких.

**С наилучшими пожеланиями,
коллектив авторов**

СОДЕРЖАНИЕ

Общие сведения	5
Тесты для выбора терапии (предиктивные маркеры)	20
Юридическая помощь	39



ОБЩИЕ СВЕДЕНИЯ



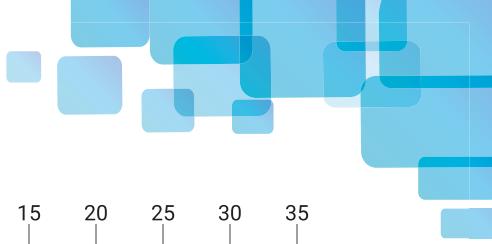
Введение

Рак — следствие мутаций или так называемых поломок в генах. А гены человек получает от своих родителей. Значит ли это, что онкологические заболевания родителей, бабушек и дедушек перейдут к детям вместе с такими поломанными генами? Отчасти да, ведь около 10% всех онкологических заболеваний наследственные. Но большинство опухолей возникают всё же из-за случайных генетических мутаций, которые накапливаются в процессе жизни. Такие мутации человек не наследует от родных.

Но ведь точно известно, что если у родных был рак, то вероятность его возникновения у потомков существенно увеличивается? Или нет? Бурное развитие молекулярной онкологии привело не только к колossalному прогрессу в понимании фундаментальных основ злокачественного роста, но и к проникновению методов молекулярной диагностики в повседневную клиническую практику. Действительно, если 70-е, 80-е и отчасти 90-е гг. XX века характеризовались прогрессом преимущественно в экспериментальной области, символом последнего десятилетия стали именно практические достижения молекулярной онкологии. К настоящему моменту молекулярно-генетические подходы рутинно используются на всех этапах онкологической помощи, т.е. в профилактике, диагностике, лечении и мониторинге пациентов. Наиболее значимыми представляются два направления клинико-прикладных исследований — диагностика наследственных раковых синдромов и индивидуальный подбор лекарственных препаратов на основе молекулярных характеристик опухоли.

КАК НАСЛЕДСТВЕННОСТЬ СВЯЗАНА С РАКОМ?

Онкологические заболевания, злокачественные опухоли или просто рак — это скопления перерожденных или злокачественных клеток, которые бесконтрольно делятся и растут. Нормальные или здоровые клетки перерождаются в злокачественные из-за случайных мутаций в генах. Среди основных причин, которые запускают генетические изменения, выделяют в первую очередь достаточно распространенные и всем известные факторы, такие как курение, ожирение, солнечное излучение, злоупотребление алкоголем, факторы окружающей среды и некоторые инфекции.



ФАКТОРЫ РИСКА РАЗВИТИЯ ЗЛОКАЧЕСТВЕННОЙ ОПУХОЛИ



А если заболевание возникло из-за одного из этих факторов, то мутации, спровоцировавшие болезнь, скорее всего, не будут переданы потомкам. Онкологические заболевания, которые возникают в результате приобретенных мутаций, называют спорадическими формами рака.

ВАЖНО!

По статистике, на долю спорадических форм рака приходится около 80% всех случаев онкологических заболеваний.

Но некоторые люди действительно имеют повышенный риск возникновения онкологических заболеваний как раз из-за генетических поломок, которые они получили по наследству от родителей.

Например, человек может получить «в наследство» так называемые дефектные гены, которые отвечают за важные процессы клеточной регенерации. В норме они должны устранять генетические ошибки. Но если ген сломан, ошибки продолжают накапливаться. Хотя даже в этом случае вероятность возникновения заболевания всё равно не 100%.



Самые распространенные наследуемые формы рака: рак желудка, поджелудочной железы, яичников, молочной железы, колоректальный рак и меланома.

ЧТО ПРОВЕРИТЬ, ЧТОБЫ ПОНЯТЬ СВОИ РИСКИ?

Специально искать наследственную предрасположенность к онкологическим заболеваниям и проходить все возможные чекапы и обследования точно не стоит. Но нужно очень внимательно относится к наследственным факторам риска. Есть ряд признаков, наличие которых по данным Американского общества клинической онкологии (ASCO) должно насторожить:

- у родственников диагностировали рак в возрасте до 50 лет (особенно если это рак молочной железы, яичников или эндометрия, рак простаты, поджелудочной железы или кишечника);
- у двух и более родственников по одной линии (материнской или отцовской) было выявлено онкологическое заболевание;
- у родственников был обнаружен тип опухоли или разные опухоли, которые характерны для одного наследственного синдрома;
- несколько форм рака у одного из родных;
- у близкого родственника выявлена патогенная наследственная мутация.



Если вы отметили у себя хотя бы один из перечисленных пунктов, то, возможно, вы входите в группу высокого риска. В таком случае вам действительно может быть рекомендовано пройти ряд обследований и лабораторных тестов, которые помогут понять, не болеете ли вы сейчас и каков ваш риск заболеть вообще.

Кроме этого, если у человека уже было диагностировано онкологическое заболевание, по некоторым факторам можно заподозрить его наследственную природу:

- несколько случаев онкозаболевания в анамнезе;
- болезнь началась на 10-15 лет раньше, чем это характерно для нее в общей популяции;
- первично-множественный рак, когда злокачественные опухоли развиваются одновременно в двух и более органах.

Повышенный риск развития онкологических заболеваний передается вместе с генетической мутацией от родителей к детям. Это называется наследственный онкологический синдром.

Чтобы определить риск развития рака в будущем человеку могут предложить пройти генетическое тестирование. Одна из целей такого исследования — выявить унаследованные мутации, чтобы по возможности предотвратить развитие заболевания.

ВАЖНО!

Необходимость проведения такого исследования стоит обсудить со своим лечащим врачом или врачом-генетиком.

Какие тесты помогают выявить риск рака?

В зависимости от метода, которым будут выполнять генетическое исследование выделяют ПЦР, NGS-исследования (Next generation sequencing) и микрочипы.

ПЦР

Чаще всего для выявления клинически значимых мутаций используют ПЦР-исследование. Именно оно входит в большинство клинических рекомендаций и протоколов лечения, утвержденных в России. Программы по выявлению онкорисков, которые предлагают частные клиники и лаборатории, также в основном выявляют патогенные мутации с помощью ПЦР.



Проблема ПЦР-исследований в низкой информативности. Фактически они могут быть использованы для скрининга и позволяют определить не более 10 наиболее частых мутаций.



Этого может быть недостаточно, потому что причиной наследственного онкологического синдрома могут выступать более редкие мутации или мутации в других генах.

Выбор в пользу ПЦР обусловлен простотой исполнения и достаточно низкой стоимостью. На этом плюсы заканчиваются.

NGS-ИССЛЕДОВАНИЯ

NGS-исследование или высокопроизводительное секвенирование нового поколения — это более углубленное исследование. Оно позволяет массово одновременно секвенировать тысячи фрагментов ДНК. Благодаря этому можно определить 100% мутаций в большом количестве генов.

Например, методом NGS можно выявить патогенные мутации в генах BRCA1/2. Они ассоциированы с высоким риском развития рака груди и яичников. NGS выявляет их у вдвое большего количества пациентов, чем ПЦР. ПЦР выявляет только 5-8 наиболее частых мутаций, при этом, более 15% мутаций высокого риска остаются невыявленными.



Основной минус NGS — высокая стоимость. Но зато и информативность исследований, выполненных с его помощью, не менее высока.

Методом NGS можно исследовать:

- весь геном, то есть все гены организма;
- экзом или совокупность экзонов, то есть кодирующую часть генома, где в основном и происходит большая часть генетических мутаций;
- группы генов, мутации в которых характерны для определенных групп заболеваний.

Полное секвенирование генома

Дает максимально полные сведения о структуре генетического материала, потому что исследует весь набор генов конкретного человека. Сюда попадут все найденные генетические мутации, в том числе те, в отношении которых пока нет научно-обоснованных связей с развитием заболеваний.

ВАЖНО!

По результатам такого исследования можно оценить предрасположенность к наследственным онкологическим синдромам. А также увидеть патогенные наследственные мутации, которые появились в роду впервые.

Такое исследование проводят, когда есть подозрение на наследственное заболевание, а также если другие методы диагностики оказались неэффективны.

Исследование экзома

Считается, что более 80% отклонений, которые становятся причиной возникновения заболеваний, происходят в 1% генома. Поэтому исследование этой части генома дает возможность выявить пациентов с высоким риском развития онкологических заболеваний.

ВАЖНО!

В ходе дальнейших исследований можно точно подтвердить найденные отклонения с высоким риском у самого пациента и его родственников.

Исследования генома и экзома позволяют обновлять данные по мере появления новой информации. Например, когда ученые доказали связь определенной генетической мутации с развитием болезни через несколько лет после того, как человек сдал тест.

Таргетные панели генов

Такие панели разработаны для различных групп заболеваний, в том числе онкологических. Например, есть панели для рака желудка или рака груди. Они позволяют исследовать определенные гены, мутации в которых связаны с развитием заболеваний.



Сложность с такими панелями в том, что информация о выбранном наборе генов меняется ежегодно. Какие-то данные устаревают, а какие-то, наоборот, добавляются.

Поэтому, прежде чем выбрать такой вариант, необходимо убедиться, что составленная панель отвечает актуальным клиническим рекомендациям, которые можно посмотреть, например, здесь.

МИКРОЧИПЫ

Кроме NGS и ПЦР-исследований есть еще микрочипы. Они позволяют провести скрининг генома, то есть могут «посмотреть» много генов из исследуемого материала и найти известные мутации, ассоциированные с развитием онкологических заболеваний.

Как правило, этот метод используют для скрининга у здоровых людей без отягощенной семейной истории онкологических заболеваний, потому как есть риск пропустить значимую патогенную мутацию.

ВАЖНО!

Обнаружение генетических мутаций, связанных с онкологическими заболеваниями, не означает, что человек точно заболеет раком, но указывает на то, что риск выше среднего.

На основании результатов выбранного исследования врач определит объем и необходимость проведения дополнительных анализов, а также составит персональную программу управления онкологическими рисками.

Кому будет полезен генетический тест?

На самом деле, всем необязательно сдавать генетическое исследование и искать у себя мутации, связанные с возникновением рака любой ценой. Так можно только подогреть канцерофобию. Это тревожное расстройство, когда человек ищет у себя несуществующие симптомы онкологического заболевания и отчаянно пытается проверить всё и сразу, чтобы исключить болезнь.

Но если вы спокойны и просто хотите быть чуть более уверены в этом вопросе, то сдать генетический тест можно.

ВОТ ЧТО ВЫ СМОЖЕТЕ УЗНАТЬ О РАКЕ ИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ТЕСТА:

- **Какие есть риски развития наследственных заболеваний**

В этом случае врач сможет составить индивидуальную программу скрининга по выявленному заболеванию. Такой скрининг может обнаружить рак на ранних стадиях, когда симптомов еще нет.

ВАЖНО!

Например, по результатам исследования человеку могут назначить прохождение МРТ молочных желез каждые полгода, если обнаружат патогенные мутации гена BRCA1.

- **Как изменить образ жизни, чтобы минимизировать факторы риска**

Если человек знает свои наследственные риски, он может начать вести более здоровый образ жизни: избавится от лишнего веса,



бросит курить или откажется от алкоголя. Результаты теста помогут найти те факторы, на которые следует обратить внимание в первую очередь.

- **Как позаботиться о родных**

Информация о патогенной мутации может послужить поводом для проведения генетического тестирования родственникам. Ведь у них тоже может быть повышенный риск развития болезни. В этом случае им понадобится регулярно проходить скрининговые процедуры и изменить свой образ жизни, чтобы снизить свои собственные риски.

Что еще можно узнать о раке из генетического теста?

Кроме определения высокого риска развития определенного вида рака генетические исследования выполняют и у людей с подтвержденным онкологическим заболеванием.

Например, такие тесты используют для подбора препарата для терапии. Некоторые мутации делают применение ряда химиотерапевтических препаратов неэффективными, а значит пациент может потратить ценное время на бесполезное лечение.

Кроме этого, некоторые мутации имеют известные эффекты. Например, они определенным образом меняют структуру белка.



Зная это, можно разработать специфические лекарственные препараты, которые будут воздействовать только на опухолевые клетки, не уничтожая нормальные. Эти препараты называют таргетными.

Также некоторые мутации могут указывать на более или менее благоприятный прогноз течения заболевания. Это важно, чтобы выбрать подходящие методы терапии рака.

Наследственные опухолевые синдромы

Процесс злокачественной трансформации включает накопление нескольких мутаций в онкогенах или супрессорных генах. Клетки имеют колоссальный потенциал для защиты от трансформации, поэтому одна раковая мутация практически всегда компенсируется и не приводит к фенотипическим последствиям. Соответственно, если подобная мутация унаследована от одного из родителей, то человек длительное время остаётся здоровым, несмотря на присутствие одного патогенного аллеля в каждой клетке организма.



Катастрофа наступает в том случае, если в одной из клеток органа-мишени происходит утрата оставшегося аллеля этого же гена.

Вовлечённый ген теряет свою функцию – это считается ключевым процессом перерождения нормальной клетки в опухолевую [Sokolenko and Imyanitov, 2018].

Наиболее известным семейным опухолевым синдромом является **наследственный рак молочной железы и яичника**.

ВАЖНО!

Самая известная разновидность данного заболевания вызывается мутациями в генах BRCA1 и BRCA2.

С мутациями этих генов ассоциированы до 5-7% случаев рака молочной железы и до 20-30% случаев карцином яичника. Следует



Мутации в обоих генах заметно увеличивают индивидуальный риск возникновения опухолей молочной железы и яичника, в некоторой степени влияют на предрасположенность к раку желудка. При этом вклад в заболеваемость раком предстательной железы и поджелудочной железы характерен только для BRCA2, но не для BRCA1.

Помимо BRCA1 и BRCA2, идентифицировано несколько новых генов предрасположенности к раку молочной железы (Таблица 1). Наиболее доказана ассоциация с этим заболеванием для PALB2 и CHEK2, при этом пенетрантность (степень увеличения риска заболевания) гена CHEK2 заметно уступает таковой для BRCA1, BRCA2 и PALB2 [Litton et al., 2018].

Вторым по социальной значимости семейным опухолевым синдромом является **наследственный неполипозный рак толстой кишки** (hereditary non-polyposis colorectal cancer, HNPCC).

Он вызывается мутациями в генах reparacji неспаренных оснований ДНК (DNA mismatch repair, MMR) – MLH1, MSH2, MSH6, PMS2 и EPCAM. HNPCC ассоциирован преимущественно с карциномами толстой кишки и эндометрия – в странах Западной Европы и Северной Америки он отвечает примерно за 3% встречаемости этих опухолей. Несколько реже HNPCC проявляется в развитии опухолей желудка, яичника и некоторых других разновидностей новообразований [Imyanitov and Kuligina, 2021].

Основные наследственные опухолевые синдромы перечислены в Таблице 1. Диагностика наследственных мутаций, ассоциированных с наследственной предрасположенностью, имеет большое

значение для формирования групп риска. Носители подобных генных дефектов нуждаются в мероприятиях, направленных на раннюю диагностику и профилактику рака.

ВАЖНО!

В частности, при некоторых опухолевых синдромах, например, при наследственном раке молочной железы и яичника, рекомендуется выполнение профилактических операций, направленных на удаление органов-мишеней.

Эффективность скрининга может заметно различаться в зависимости от типа новообразования. В частности, ранняя диагностика оказалась достаточно эффективной для предотвращения смертности от наследственного рака толстой кишки, но представляется относительно бесполезным мероприятием по отношению к наследственному раку яичника [Järvinen et al., 2000; van der Velde et al., 2009].

Очень важно понимать, что наследственные опухоли относятся к достаточно дискретной группе новообразований – по своим свойствам они заметно отличаются от спорадических карцином. Например, BRCA1/2-ассоциированные раки характеризуются дефектом reparации ДНК по механизму гомологичной рекомбинации, поэтому они демонстрируют очень высокую чувствительность к производным платины и PARP-ингибиторам. Наследственный неполипозный рак толстой кишки сопровождается накоплением избыточного количества мутаций в опухолевой ткани – это приводит к повышенной антигеннности новообразований и предопределяет их чувствительность к иммунотерапии. Сходные закономерности отмечаются для карцином, ассоциированных с зародышевыми мутациями в гене MUTYH [Iyevleva and Imyanitov, 2016; Volkov et al., 2020].

Крайне существенно осознавать, что спектр наследственных раков в значительной мере зависит от этнических факторов [King and Klugman, 2018]. Большинство исследований, выполненных в отношении семейных опухолевых синдромов, были осуществлены в США или Западной Европе.

ВАЖНО!

Соответственно, применение ДНК-тестов, разработанных в странах Запада, в отношении других регионов нашей планеты и/или этнических групп, может столкнуться с существенными трудностями.

Крайне актуальной задачей является составление полноценного каталога наследственных заболеваний, отражающего особенности молекулярной эпидемиологии генетических патологий для разных стран и национальностей.



info@russcpa.ru



8 800 30 10 20 9 круглосуточно
(для жителей России звонок бесплатный)



Тесты для выбора терапии

(предиктивные маркеры)

Предиктивные тесты можно подразделить на несколько категорий. Во-первых, некоторые мутации непосредственно влияют на конформацию киназных доменов соответствующих белков (EGFR, BRAF); действие таргетных препаратов в подобной ситуации направлено на подавление активности мутантных молекул. В других случаях мутации не затрагивают киназный домен, но вызывают гиперэкспрессию онкогена и/или увеличивают его стабильность (амплификация HER2; транслокации ALK, ROS1, RET; мутации, ассоциированные с нарушением сплайсинга и делецией 14 экзона MET). В роли специфичной для опухоли мишени в данной ситуации выступают не качественные, а количественные отличия определённого белка.



Необходимо отметить, что один и тот же онкоген в разных опухолях может быть затронут молекулярными повреждениями разного типа (например, амплификация и точковые мутации HER2), это необходимо учитывать при выборе диагностического теста, оценке его результатов и подборе таргетных средств.

Наконец, ряд тестов помогает охарактеризовать интегральные свойства генома раковой клетки, такие как высокая мутационная нагрузка, связанная с повышенной иммуногенностью опухоли, или недостаточность систем репарации ДНК, ассоциированная с высокой чувствительностью к конкретным химио- или таргетным препаратам. Основные предиктивные тесты перечислены в Таблице 2.

НЕМЕЛКОКЛЕТОЧНЫЙ РАК ЛЕГКОГО

НМРЛ подразделяется на два основных гистологических подтипа: плоскоклеточный и неплоскоклеточный. При плоскоклеточном НМРЛ ДНК-диагностика **не показана** в связи с тем, что при этой

разновидности рака очень редко встречаются клинически значимые мутации [Mosele et al., 2020; Imyanitov et al., 2021].

В случае неплоскоклеточного НМРЛ наиболее частыми и значимыми с точки зрения выбора лечения молекулярными дефектами являются мутации в гене EGFR. Примечательно, что повреждения киназного домена EGFR высокоспецифичны именно для аденокарцином легкого. Они встречаются только в 10-20% случаев у больных европейской расы, и, по невыясненной на сегодняшний день причине, приблизительно в половине аденокарцином легкого у пациентов азиатского/дальневосточного происхождения (Япония, Китай, Корея, страны Юго-Восточной Азии) [Shi et al., 2014].

ВАЖНО!

Наличие мутаций EGFR ассоциировано с отсутствием курения в анамнезе и с женским полом.

К наиболее частым типам повреждений EGFR относятся делеции в 19 экзоне, а также миссенс-замена L858R в 21 экзоне, причем первая разновидность мутаций обуславливает более выраженный ответ на таргетную терапию [Reguart and Remon, 2015]. Расширенный анализ последовательности экзонов 18-21 позволяет выявлять более редкие мутации, также связанные с чувствительностью к ингибиторам EGFR: замены в кодонах 709, 719, 768 и 861, инсерции в экзоне 19 [Iyevleva et al., 2014; Koopman et al., 2021].



Спектр клинически значимых повреждений EGFR продолжает расширяться с внедрением в практику новых разновидностей таргетных препаратов: например, недавно было одобрено к применению анти-EGFR/MET антитело амивантанаб, эффективное в случае активирующих инсерций в экзоне 20 EGFR [Syed, 2021; Yun et al., 2020].



Самая частая причина приобретенной резистентности опухолей легкого, изначально чувствительных к ингибиторам EGFR первого поколения – мутация T790M, нарушающая связывание с этими препаратами. Резистентность к таргетному лечению у подобных пациентов может быть преодолена с использованием более нового анти-EGFR препарата – **осимертиниба**, однако в дальнейшем зачастую возникают **новые активирующие мутации**, обеспечивающие резистентность и к осимертинибу, например, C797S [Lin et al., 2020].

Транслокации, вовлекающие киназный домен гена ALK, встречаются приблизительно в 5% случаев неплоскоклеточного НМРЛ, а частота перестроек ROS1 и RET достигает примерно 2% для каждой из киназ. Перестройки ALK, ROS1, RET, как и мутации EGFR, ассоциированы с женским полом и отсутствием стажа курения, при этом эти транслокации наблюдаются чаще у молодых больных [Sun and McCoach, 2021; Remon et al., 2021]. Все вышеперечисленные транслокации ассоциированы с исключительно благоприятным прогнозом при назначении соответствующего таргетного лечения: в нескольких исследованиях медиана выживаемости больных метастатическим НМРЛ с подобными перестройками **намного превысила пятилетний рубеж**, достигая у некоторых категорий пациентов почти десяти лет [Duruisseaux et al., 2017; Orlov et al., 2021; Sun and McCoach, 2021; Remon et al., 2021].

Ряд сплайсинговых мутаций в гене MET приводит к утрате экзона 14, что замедляет деградацию соответствующего белка, способствует его стабилизации и активации MET-зависимого сигнального каскада. Общая частота делеций экзона 14 составляет примерно 2-2,5% среди неселектированных случаев НМРЛ, но у пожилых больных они встречаются в несколько раз чаще [Socinski et al., 2021].

ВАЖНО!

Недавно ингибитор тирозинкиназы MET **капматиниб** был одобрен для лечения этой категории НМРЛ [Drilon et al., 2020; Wolf et al., 2020; Dhillon, 2020].

Современные клинические рекомендации предполагают анализ НМРЛ на предмет замен в 600 кодоне гена BRAF. Они встречаются примерно в 1,5% случаев НМРЛ и обуславливают чувствительность к комбинации ингибиторов BRAF и MEK [Imyanitov et al., 2021].

Примерно в 30% неплоскоклеточных НМРЛ обнаруживаются активирующие мутации в генах семейства RAS. Спектр нуклеотидных замен в этих генах различен у курильщиков и некурящих пациентов [Mitushkina et al., 2018]. Разработка низкомолекулярных ингибиторов мутантных форм RAS является непростой задачей [Herdeis et al., 2021]. На данный момент эффективные антагонисты разработаны только для одного мутантного варианта KRAS, p.G12C, который встречается среди НМРЛ с частотой ~10-15%.

ВАЖНО!

Эта замена особенно характерна для опухолей легкого у курильщиков: она встречается у каждого шестого такого пациента.

Первые клинические испытания ингибиторов KRAS G12C показали хорошие результаты [Hong et al., 2020; Skoulidis et al., 2021] и привели к одобрению препарата **соторасиба** [Blair et al., 2021]. Остальные мутации RAS пока не удается использовать в качестве мишенией для таргетных препаратов. Тем не менее, многие лаборатории практикуют анализ всех «горячих точек» генов RAS при НМРЛ в качестве своего рода «контроля качества» диагностического процесса, поскольку наличие мутации RAS позволяет надежно исключить другие клинически значимые драйверные мутации [Imyanitov et al., 2021].

Повреждения гена HER2 встречаются менее чем в 2% НМРЛ, причем в подавляющем большинстве случаев они представлены активирующими микромутациями в киназном домене белка.



Подобные опухоли уязвимы перед целым рядом экспериментальных препаратов, находящихся в процессе клинических испытаний I-II фазы [Lamberti et al., 2020].



В настоящее время анализ всех вышеперечисленных генов является обязательной частью обследования пациентов, страдающих неплоскоклеточным НМРЛ, при этом он должен быть выполнен **до назначения системного лечения**. Эта задача зачастую связана с техническими сложностями, потому что большинство случаев НМРЛ диагностируется на поздней стадии заболевания, и единственным доступным для генотипирования материалом является скучная по объему биопсия.

ВАЖНО!

Кроме того, все эти многочисленные тесты должны быть выполнены в сжатые сроки, так как при НМРЛ даже относительно небольшая задержка существенно ухудшает эффективность терапии.

Несмотря на высокую стоимость, секвенирование нового поколения (NGS), позволяющее оценить статус всех значимых мутаций одновременно, все чаще используется в качестве рутинного метода диагностики. Существуют, однако, и вполне конкурентоспособные алгоритмы ПЦР-диагностики, позволяющие быстро и с меньшей себестоимостью провести полный и высокочувствительный анализ НМРЛ на предмет наличия клинически значимых микромутаций и генных перестроек [Imyanitov et al., 2021].

РАК ТОЛСТОЙ КИШКИ

Метастатический рак толстой кишки (РТК) – первая разновидность злокачественных опухолей, при которой молекулярное тестирование стало обязательным компонентом терапевтического алгоритма. Практически во всех случаях этого заболевания наблюдается активация сигнального каскада RAS/RAF/MEK. Она может быть связана как с гиперэкспрессией мембранных рецепторных тирозинкиназ, таких как EGFR (существенно реже, HER2), так и с активирующими точковыми мутациями нижележащих участников сигнального каскада: онкогенов KRAS, NRAS или BRAF [Sveen et al., 2020]. Терапевтические возможности анти-EGFR антител распространяются лишь на первую категорию опухолей, поэтому

наличие мутаций в генах KRAS и NRAS считается абсолютным противопоказанием к назначению цетуксимаба и панитумумаба. Мутации в гене KRAS выявляют почти в половине случаев РТК, а повреждения NRAS – в 5-7% РТК.

Тестирование генов семейства RAS при РТК – сравнительно трудоемкая процедура, так как подразумевает анализ экзонов 2, 3 и 4 каждого гена [Sepulveda et al., 2017]. Ложно-негативные результаты тестирования, нередко связанные с неудачной микродиссекцией или недостаточной чувствительностью ДНК-диагностики, влекут существенные риски для здоровья больного: известно, что назначение анти-EGFR препаратов больным РТК с мутациями RAS может провоцировать более быстрое прогрессирование заболевания [Douillard et al., 2013].

Исключение присутствия мутаций в генах RAS может требовать значительного времени. В этой связи в ряде исследований был апробирован подход, при котором всем пациентам на первый цикл назначалась стандартная химиотерапия без добавления таргет-ного препарата; позже, уже на втором цикле, больным, у которых тестирование не обнаружило мутаций в генах RAS, в терапевтическую схему включались анти-EGFR препараты. Оказалось, что при РТК подобная задержка при назначении анти-EGFR антител не влияет на результаты лечения [Palmieri et al., 2020].

Помимо «горячих точек мутагенеза» в 12, 13, 59, 61 и 146 кодонах, существует множество более редких аминокислотных замен, распределённых по всей последовательности генов RAS. Большинство, хотя и не все из них, также ассоциированы с активацией RAS-зависимого сигнального пути и резистентностью к анти-EGFR терапии [Loree et al., 2021].

ВАЖНО!

По сравнению с остальными мутациями в гене KRAS, замены G12C редко встречаются в опухолях толстой кишки.

Эффективность ингибиторов KRAS G12C в контексте G12C-позитивного РТК, по-видимому, существенно ниже, чем при НМРЛ,

хотя перспективы подобной терапии продолжают изучаться в рамках различных клинических испытаний [Hong et al., 2020; Herdeis et al., 2021]. Следует отметить, что замена G12C в гене KRAS типична для редких MUTYH-ассоциированных наследственных неоплазм толстой кишки, имеющих высокую мутационную нагрузку, выраженную лимфоцитарную инфильтрацию и, как следствие, чувствительных к иммунотерапии [Volkov et al., 2020]. Среди G12C-позитивных РТК доля MUTYH-ассоциированных новообразований составляет более 5%, что делает оправданным скрининг таких больных на предмет наличия наследственных мутаций в гене MUTYH [Aimé et al., 2015; Yanus et al., 2018].

Мутация V600E в гене BRAF встречается в 5-10% случаев РТК и является неблагоприятным прогностическим маркером [Johnson and Kopetz, 2020].



Фармакологическое подавление *BRAF* при РТК приводит к запуску петли обратной связи, итогом которой оказывается гиперактивация *EGFR*: клинические испытания монотерапии *BRAF*-ингибиторами при РТК потерпели неудачу, в то время как сочетанное применение блокаторов *EGFR* и *BRAF* дало обнадеживающие результаты [Prahallad et al., 2012; Kopetz et al., 2019].

Приблизительно в 2% РТК наблюдается амплификация и гиперэкспрессия HER2 – такие опухоли чувствительны к анти-HER2 терапии [Nowak, 2020].

Примерно 5-15% РТК характеризуются высоким уровнем микросателлитной нестабильности (**high level microsatellite instability, MSI-H**) из-за дефекта системы репарации неспаренных оснований ДНК (**mismatch repair deficiency, dMMR**). Такие опухоли накапливают значительное количество инсерций/делеций в последовательностях ДНК, состоящих из одного или нескольких повтор-

ряющихся нуклеотидов (микросателлитные повторы). Мутации в наиболее информативных микросателлитных повторах могут быть детектированы путем электрофоретического разделения фрагментов ДНК или проведения NGS [Gilson et al., 2021]. ИГХ-окрашивание белков системы reparации неспаренных оснований ДНК считается допустимым эквивалентом молекулярно-генетического тестирования, поскольку фенотип MSI-H сопровождается потерей экспрессии белков MLH1 и PMS2, либо MSH2 и MSH6 [Luchini et al., 2019].

ВАЖНО!

При этом паттерн потери экспрессии указывает на ген, в котором локализуется приобретенное или наследственное повреждение.

Фенотип MSI-H у молодых пациентов и/или в семейных случаях часто связан с синдромом Линча, поэтому в этих случаях следует выполнять анализ наследственных мутаций в генах MMR.



MSI-H в спорадических опухолях кишки обычно вызван соматической инактивацией гена MLH1 путем метилирования его промоторной области; такой механизм инактивации MLH1 очень характерен для пожилых пациентов и часто сопровождается мутацией BRAF V600E.

Метастатический MSI-H/dMMR РТК хорошо поддается лечению при помощи ингибиторов контрольных точек иммунного ответа [Battaglin et al., 2018; Luchini et al., 2019; André et al., 2020].

РАК МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Амплификация онкогена HER2/neu – одна из первых соматических мутаций, обнаруженных в опухолях человека [Semba et al., 1985]. Это повреждение встречается в четверти случаев рака молочной

железы (РМЖ). Изначально оно служило исключительно прогностическим маркером: при применении стандартной цитотоксической химиотерапии HER2-позитивный РМЖ отличается крайней агрессивностью и плохим прогнозом [Borg et al., 1990]. Однако внедрение таргетных средств, нацеленных на эту молекулу, совершило переворот в лечении РМЖ, превратив HER2-позитивный рак в сравнительно легко контролируемый подтип заболевания [Murthy et al., 2020; Exman and Tolaney, 2020]. Уже давно оценка статуса HER2 (амплификации и/или гиперэкспрессии) стала одним из базовых компонентов стандартного обследования при РМЖ. Обычно тестирование осуществляется при помощи ИГХ и в сомнительных случаях подтверждается FISH, однако некоторые специалисты рекомендуют сразу начинать анализ с более объективных и независимых от качества материала методик ДНК-диагностики [Sauter et al., 2009; Zhang et al., 2020].



В 15-40% РМЖ выявляют активирующие мутации в онкогене PIK3CA – они оказывают антиапоптотическое действие и обуславливают резистентность к широкому спектру терапевтических агентов.

Недавно для лечения гормонозависимого HER2-отрицательного распространенного РМЖ с мутациями PIK3CA был одобрен ингибитор PIK3CA **алпелисиб**. Это лекарственное средство одинаково эффективно подавляет активность мутантного и неизменённого белка, однако в случае отсутствия активирующих мутаций опухолевые клетки РМЖ, по-видимому, не зависят от активности PIK3CA.

ВАЖНО!

В самом деле, включение ингибитора этой молекулы в терапевтические схемы не помогает больным с отсутствием мутаций PIK3CA.

Вместе с тем, участие РIK3CA в некоторых физиологических процессах, например, трансмембранных переносе глюкозы, обуславливает побочные эффекты, такие как частое возникновение гипергликемии у пациентов, получающих **алпелисиб** [Andre et al., 2019].

До 5-8% РМЖ возникают в результате наследственных дефектов генов BRCA1 или BRCA2. Один из существенных этапов канцерогенеза в этом случае – соматическая инактивация оставшейся копии гена BRCA1/2, сопряженная с нарушением репарации двухцепочечных разрывов ДНК по механизму гомологичной рекомбинации (homologous recombination deficiency, HRD). BRCA1/2-ассоциированные неоплазмы необычайно чувствительны к препаратам платины, а также ингибиторам PARP [Pouptsis et al., 2020; Loibl et al., 2021].

ИНЫЕ ОПУХОЛЕВЫЕ ЛОКАЛИЗАЦИИ

Более чем в половине случаев **меланома кожи** присутствуют активирующие мутации в онкогене BRAF. Наиболее частое повреждение в этом гене, замена V600E, служит мишенью для ряда ингибиторов BRAF: **вемурафениба, дабрафениба и энкорафениба**. Эти препараты действенны и против ряда других, более редких мутаций в кодоне 600, таких как V600K. Помимо мутаций, затрагивающих кодон 600, встречаются и иные молекулярные повреждения, активирующие молекулу BRAF благодаря различным механизмам. Многие из них резистентны к BRAF ингибиторам. Подавление BRAF в меланомах вызывает компенсаторную активацию киназ MEK, поэтому комбинация ингибиторов BRAF и MEK значительно эффективнее анти-BRAF монотерапии [Giugliano et al., 2021].

Приблизительно 15% меланом слизистых оболочек и акральных меланом содержат активирующие мутации тирозинкиназного рецептора KIT – большая часть этих мутаций ассоциирована с чувствительностью к **иматинибу** и/или **нилотинибу** [Hodi et al., 2013; Lee et al., 2015].

Другая категория неоплазм, для лечения которых используется **иматиниб** – **гастроинтестинальные стромальные опухоли** (gastrointestinal stromal tumors, GIST): в 70% случаев в них встре-



чаются активирующие мутации в экзонах 9, 11, 13 или 17 гена KIT, или, реже, в экзонах 12, 14 и 18 гена PDGFRA (<5%) [Kelly and Gutierrez Sainz, 2021; Nishida et al., 2021]. В этих генах также обнаруживаются мутации, связанные с первичной резистентностью к иматинибу (D842V в гене PDGFRA (экзон 18); D816V в гене KIT (экзон 17)), они присутствуют приблизительно в 10% GIST. Недавно получил одобрение препарат **авапритиниб**, активный против наиболее частой иматиниб-резистентной замены D842V в гене PDGFRA [Heinrich et al., 2020].

Рак щитовидной железы (РЩЖ) подразделяется по происхождению опухолевых клеток на фолликулярный (папиллярный, фолликулярный, низкодифференцированный или анапластический рак) и медуллярный подтип [Romei and Elisei, 2021]. Более чем в половине случаев папиллярного рака выявляют мутации V600E в гене BRAF, и такие неоплазмы чувствительны к BRAF-ингибиторам [Brose et al., 2016]. До 20% папиллярных РЩЖ характеризуются наличием перестроек, вовлекающих ген RET.

ВАЖНО!

Кроме того, среди медуллярных карцином, составляющих 5% от всех РЩЖ, около четверти случаев обусловлены наследственными точковыми мутациями в этом гене, а среди спорадических случаев еще две трети связаны с соматическими активирующими повреждениями RET [Drilon et al., 2018].

RET-ассоциированные опухоли чувствительны к препаратам, подавляющим активность этой тирозинкиназы [Bradford et al., 2021].

Холангiocарцинома – агрессивное, плохо контролируемое, как правило, химиорезистентное новообразование [Bekaii-Saab et al., 2021]. Среди карцином внутрипеченочных желчных протоков в 20% случаев выявляют активирующие транслокации гена FGFR2: такие неоплазмы поддаются лечению ингибитором FGFR пемигатинибом [Abou-Alfa et al., 2020a]. Еще 10-20% случаев характеризуются наличием мутаций в генах IDH1 и IDH2 [Rizzo et al., 2021]. Накопление в таких новообразованиях 2-гидроксиглутарата влечет

масштабные эпигенетические изменения генома. К сожалению, использование ингибитора мутированного IDH1/2 для этой категории новообразований привело лишь к пограничным клиническим эффектам [Abou-Alfa et al., 2020].

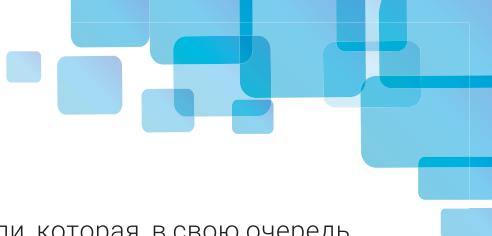
Небольшая доля случаев **рака желчного пузыря** приходится на опухоли с мутацией V600E в гене BRAF. В клиническом испытании фазы II, включавшем 43 таких пациента, относительно хорошую эффективность продемонстрировала комбинация **дабрафениба** и ингибитора MEK **траметиниба** [Subbiah et al., 2020]. Опыт применения комбинации анти-EGFR препаратов и BRAF ингибиторов при раке желчного пузыря ограничен пока одним сообщением о случае, который продемонстрировал полный ответ на **вемурафениб, дабрафениб и иринотекан** [Silkin et al., 2016].

Основное молекулярное повреждение, служащее показанием к таргетному лечению при **опухолях мочевыводящих путей** – активирующие точковые замены в гене FGFR3, встречающиеся в 20% этих новообразований. **Пемигатиниб** продемонстрировал хорошую клиническую активность в этой категории новообразований [Pal et al., 2018]. Из-за низкой селективности препарат также ингибирует FGFR1, что может сопровождаться гиперфосфатемией, выраженность которой прямо зависит от концентрации пемигатиниба в крови.

Интересно, что эффективность пемигатиниба при **уротелиальном раке** в основном ограничена пациентами, у которых в качестве побочного эффекта наблюдалась выраженная гиперфосфатемия [Lyoo et al., 2020].

ТЕСТЫ ДЛЯ ИНТЕГРАЛЬНОЙ ОЦЕНКИ ХАРАКТЕРИСТИК ОПУХОЛЕВОГО ГЕНОМА

Опухолевая мутационная нагрузка (tumor mutation burden, TMB) – показатель общего количества мутаций в геноме опухолевой клетки. Ее повышение наблюдается в случаях, когда этиология опухоли связана с воздействием канцерогенов (рак легкого, злокачественная меланома), а также если развитие новообразования сопряжено с повреждением систем репарации ДНК. Чем выше



TMB, тем выше иммуногенность опухоли, которая, в свою очередь, ассоциирована с вероятностью ответа на иммунотерапию.

ВАЖНО!

Несмотря на отличия в применяемых методах оценки и критериях выделения высокого уровня TMB, предиктивная роль этого показателя была убедительно продемонстрирована для разных опухолевых локализаций [Jardim et al., 2021].

Управление по санитарному надзору за качеством пищевых продуктов и медикаментов США (Food and Drug Administration, FDA) одобрило использование **пембролизумаба** для лечения опухолей с TMB, превышающей 10 мутаций на мегабазу [Marabelle et al., 2020b; Adashek et al., 2021].



Для оценки TMB необходим NGS-анализ, предусматривающий проведение либо полноэкзонного, либо выборочного секвенирование репрезентативных регионов генома.

Ряд опухолевых локализаций, для которых оценка TMB может быть рекомендована в качестве рутинной процедуры, приведен в руководстве ESMO [Mosele et al., 2020].

ВАЖНО!

Большой стаж курения может рассматриваться как эквивалент высокой TMB без подтверждения при помощи NGS-тестов [Wang et al., 2021].

Новообразования, демонстрирующие феномен MSI-H, фактически представляют из себя особую разновидность опухолей с высоким уровнем TMB. Статус MSI может быть определён с помощью па-

нели стандартных микросателлитных маркеров (MSI-H) или с использованием ИГХ (dMMR); NGS в этих целях целесообразно применять лишь в отдельных спорных случаях, например, демонстрирующих дискордантность по результатам ИГХ и ПЦР-теста [Luchini et al., 2019]. Есть и иные примеры дефектов репарации, вызывающих «специфическое» повышение уровня TMB. MUTYH-ассоциированные опухоли характеризуются дефектом эксцизионной репарации оснований ДНК и большим числом замен вида G:C>T:A [Viel et al., 2017; Volkov et al., 2020].

ВАЖНО!

Также гипермутабельность характерна для опухолей, ассоциированных с наследственными и соматическими дефектами полимераз POLE и POLD1 [Wang et al., 2018].

Рак яичника (РЯ) и трижды-негативный РМЖ, а также некоторые иные опухоли часто характеризуются дефектом репарации ДНК посредством гомологичной рекомбинации (HRD). Как правило, нарушения работы этой системы вызваны биаллельной инактивацией BRCA1, BRCA2 или иных функционально связанных с гомологичной рекомбинацией генов.



Невозможность эффективной репарации двухцепочечных разрывов ДНК сопряжена с накоплением множественных нарушений копийности/хромосомных перестроек в таких опухолях.

Свойственный HRD-позитивным новообразованиям фенотип (BRCAneSS) характеризуется высокой чувствительностью опухоли к соединениям платины, митомицину С, ингибиторам PARP. Наиболее частой причиной этой разновидности хромосомной нестабильности является биаллельная инактивация генов BRCA1/



BRCA2 при наследственном раке молочной железы и яичников [[Iyevleva and Imyanitov, 2016; Ladan et al., 2021](#)]. Иногда у гетерозиготных носителей мутаций не происходит соматической инактивации оставшегося аллеля вовлечённого гена.

ВАЖНО!

В таких новообразованиях нет значимого нарушения репарации ДНК и отсутствует фенотип BRCAness, поэтому можно рекомендовать дополнять выявление наследственных мутаций тестом на предмет потери гетерозиготности (*loss of heterozygosity, LOH*) в опухолевой ткани [[Maxwell et al., 2017; Jonsson et al., 2019](#)].

Существуют различные, пока не стандартизованные методики на основе NGS, позволяющие выявить HRD по наличию характерного паттерна хромосомной нестабильности. Следует отметить, что спорадические опухоли с фенотипом BRCAness часто менее чувствительны к препаратам платины и ингибиторам PARP, чем опухоли с наследственными мутациями BRCA1/2. Продолжаются попытки упростить тестирование HRD и адаптировать его к повседневному клиническому использованию [[Sokolenko et al., 2021](#)].



info@russcpa.ru



8 800 30 10 20 9 круглосуточно
(для жителей России звонок бесплатный)

Таблица 1. Наследственные опухолевые синдромы

Синдром	Ген	Опухоли	Комментарии
Семейный рак молочной железы и яичника	BRCA1, BRCA2, PALB2	Рак молочной железы, яичника, желудка (BRCA1, BRCA2); роль мутаций в гене PALB2 продемонстрирована преимущественно для опухолей молочной и поджелудочной желез; мутации BRCA2 характерны также для рака предстательной и поджелудочной желез	Опухоли характеризуются дефектом гомологичной рекомбинации ДНК
Семейный рак молочной железы: новые гены и/или гены с умеренной пенетрантностью	CHEK2, ATM, BARD1, BLM, BRIP1, NBS/NBN, MRE11, RAD50, RAD51C, RAD51D, FANCC, FANCM	Рак молочной железы	
Синдром Линча (наследственный неполипозный рак толстой кишки)	MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, EPCAM	Карциномы толстой кишки, эндометрия, яичника, желудка, тонкой кишки, уротелия	Микросателлитная нестабильность в опухолевых клетках
Наследственный рак толстой кишки	POLE, POLD1	Полипоз толстой кишки, колоректальный рак	Очень высокая мутационная нагрузка в опухолевых клетках
Семейный adenomatозный полипоз	APC	Множественные (>100)adenомы толстой кишки, десмидные опухоли, рак толстой кишки	
MUTYH-ассоциированный полипоз	MUTYH	Умеренное количество adenом толстой кишки, рак толстой кишки	Аутосомно-рецессивное наследование; высокая мутационная нагрузка в опухолевых клетках

Синдром	Ген	Опухоли	Комментарии
NTHL1-ассоциированный полипоз	NTHL1	Полипоз толстой кишки, колоректальный рак	Аутосомно-рецессивное наследование
Ювенильный полипоз	SMAD4, BMPR1A	Полипоз толстой кишки, колоректальный рак, другие опухоли желудочно-кишечного тракта	
Синдром Peutz-Jeghers	STK11	Гамартомы, опухоли желудочно-кишечного тракта	
Наследственный рак желудка	CDH1	Рак желудка	
Синдром Li-Fraumeni	TP53	Саркомы мягких тканей, рак молочной железы, опухоли мозга, карциномы надпочечников	
Множественная эндокринная неоплазия, тип 1	MEN1	Опухоли паращитовидных желёз, гипофиза, желудка, тонкой кишки, поджелудочной железы	
Множественная эндокринная неоплазия, тип 2	RET	Медуллярный рак щитовидной железы, феохромоцитома	Активирующий характер наследственных мутаций
Синдром Von Hippel-Lindau	VHL	Светлоклеточные карциномы почки, гемангиобластомы, другие опухоли	
Синдром Cowden	PTEN	Множественные гамартомы, рак молочной железы, рак щитовидной железы	
Семейная ретинобластома	RB1	Билатеральная ретинобластома	
Семейная меланома	CDKN2A, CDK4	Меланомы	

Таблица 2. Молекулярные тесты для выбора терапии

Препараторы	Маркеры
Тамоксифен, ингибиторы ароматазы и т.д.	Экспрессия рецептора эстрогенов
HER2-специфическая терапия	Амплификация и гиперэкспрессия HER2
Ингибиторы ALK/ROS1	Транслокации ALK и ROS1
Ингибиторы NTRK	Транслокации NTRK1, NTRK2, NTRK3
EGFR-специфическая терапия (чувствительность)	Мутации EGFR
EGFR-специфическая терапия (резистентность)	Мутации KRAS/NRAS/BRAF
Ингибиторы PARP	Мутации BRCA1/2, BRCAness
Препараторы платины, митомицина	Мутации BRCA1/2, BRCAness
Антагонисты PD1 или PD-L1	Высокая экспрессия PD-L1
Ингибиторы контрольных точек иммунного ответа	Большое совокупное количество мутаций (в т.ч. опухоли с микросателлитной нестабильностью)
Ингибиторы BRAF	Мутации BRAF
Ингибиторы mTOR	Мутации TSC1/2, мутации mTOR
Ингибиторы MET	Мутации MET, сопровождающиеся отсутствием экзона 14 в составе транскрипта
Ингибиторы PI3K	Мутации PIK3CA



Юридическая помощь

Молекулярно-генетическое тестирование (далее – МГТ, исследование, услуга) выполняется по направлению лечащего врача в том случае, если есть показания. Вы сами можете посмотреть, имеются ли показания, если ознакомитесь со стандартом медицинской помощи и клиническими рекомендациями по вашему заболеванию, учитывая код МКБ10.

Данное исследование выполняется бесплатно, по полису ОМС, если у Вас имеется на руках направление **формы 057\у-04**. В направлении указывается, в каком государственном учреждении проводят подобного рода исследования и какие именно.



Срок ожидания не должен превышать 7 рабочих дней в соответствии со сроками ожидания, установленные Программой госгарантий.

Средний норматив объема молекулярно-генетических исследований с целью диагностики онкологических заболеваний, предусмотренный Программой госгарантий, включает в том числе исследования с применением следующих маркеров: BRAF, EGFR, KRAS, NRAS, MSI, FISH ALK, FISH HER2, ПЦР BRCA 1/BRCA 2, NGS BRCA 1/BRCA 2, FISH (биопсийный с уточнением).

ВАЖНО!

Также МГТ может проводиться и в частных клиниках. Но только в том случае, если эти клиники включены в территориальную программу ОМС.

Узнать об этом вы можете, позвонив в свою страховую медицинскую компанию, либо на сайте территориального фонда ОМС в вашем регионе.

Исследование должно выполняться не дольше 15 рабочих дней (как правило, выполняется гораздо раньше).

В том случае, если в медучреждении не выполняется данное исследование – врач должен выдать направление туда, где эта услуга оказывается. В случае отказа – медучреждение или должностное лицо может подвергнуться административному наказанию по **ст.6.30 КоАП**.

Если же вам не удалось получить данное исследование, тогда у вас на руках должно быть направление и письменный отказ в оказании данной услуги. Тогда вы можете пройти МГТ на платной основе и **предъявить письменную претензию главному врачу медучреждения**, где Вам не выдали направление туда.

Претензия составляется в свободной форме с указанием банковских реквизитов для перевода денежных средств, которые вы затратили. И обязательно прикладываются копии следующих документов:

- **Направление ф.057\у-04**
- **Полис ОМС**
- **Договор об оказании платных услуг, чеки и другие документы строгой отчётности.**

ВАЖНО!

В том случае, если претензия за 10 дней так и не найдёт отклика, то есть деньги вам не возвратят, тогда нужно составить исковое заявление в суд по Закону о защите прав потребителей.

И тогда медучреждению, нарушившему ваши права, придётся **возвратить денежные средства, услуги представителя, неустойку, моральный вред и потребительский штраф**. А это уже гораздо более внушительная сумма, чем если бы сразу выдали направление или вернули деньги.



info@russcpa.ru



8 800 30 10 20 9 круглосуточно
(для жителей России звонок бесплатный)

ПОЛЕЗНЫЕ КОНТАКТЫ

Лечебные организации

ФГБУ «НМИЦ ОНКОЛОГИИ ИМ. Н.Н. БЛОХИНА» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: 115478, Москва, Каширское шоссе, 23

Единая справочная служба: +7 (499) 324-24-24

<https://www.ronc.ru/>

ФГБУ «НМИЦ РАДИОЛОГИИ» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: 125284, Москва, 2-й Боткинский пр., 3

Единая справочная служба: +7 (495) 150-11-22

<https://nmicr.ru/>

и его филиалы:

МНИОИ ИМ. П.А. ГЕРЦЕНА

Адрес: 125284, Москва, 2-й Боткинский пр., 3

Единая справочная служба: +7 (495) 150-11-22

[www.mnioi.nmicr.ru](http://mnioi.nmicr.ru)

МРНЦ ИМ. А.Ф. ЦЫБА

Адрес: 249036, г. Обнинск, ул. Королёва, д. 4

Поликлиника/госпитализация: +7 (484) 399-31-30 / 31-15

[www.mrrc.nmicr.ru](http://mrrc.nmicr.ru)

НИИ УРОЛОГИИ И ИНТЕРВЕНЦИОННОЙ РАДИОЛОГИИ ИМ. Н.А. ЛОПАТКИНА

Адрес: 105425, Москва, ул. Парковая 3-я, 51, стр. 1

Единая справочная служба: +7 (499) 110-40-67

[www.uroline.nmicr.ru](http://uroline.nmicr.ru)



ГБУЗ «МКНЦ ИМ. А.С. ЛОГИНОВА» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: 111123, Москва, шоссе Энтузиастов, 86

Телефон: +7 (495) 304-30-39

<https://mknc.ru>

ФГБУ «РОССИЙСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР РЕНТГЕНОРАДИОЛОГИИ» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: 117997, ГСП-7, Москва, ул. Профсоюзная, 86

Телефон call-центра: +7 (495) 333-91-20

www.rnccrr.ru

ФГБУ «НМИЦ ОНКОЛОГИИ ИМ. Н.Н. ПЕТРОВА» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: Санкт-Петербург, п. Песочный, ул. Ленинградская, 68

Многоканальный телефон (call-центр): +7 (812) 43-99-555

www.nioncologii.ru

НИИ ОНКОЛОГИИ ФБГУ «ТОМСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ МЕДИЦИНСКИЙ ЦЕНТР РАН»

Адрес: 634028, Томск, ул. Савиных, 12/1

Телефон справочное бюро: +7 (3822) 41-80-59

www.onco.tnimc.ru

ФГБУ «НМИЦ ИМ. АКАДЕМИКА Е.Н. МЕШАЛКИНА»

Адрес: 630055, Новосибирск, ул. Речкуновская, 15

Телефон онкологии: +7 (383) 347-60-66

[https://www.meshalkin.ru](http://www.meshalkin.ru)

ФГБУ «НМИЦ ОНКОЛОГИИ» МИНЗДРАВА РФ

Адрес: 344037, Ростов-на-Дону, 14-я линия, 63

Телефон контакт-центра: 8 800 250 37 40 (звонок бесплатный)

<http://www.rnioi.ru>

Производители питания

Nestle – www.nestlehealthscience.ru

Fresenius – www.fresenius-kabi.com/ru

Nutricia – www.nutricia-medical.ru

Биовестин – www.biovestin.ru

АО «Инфаприм» – www.infaprim.com

Пациентские организации

АССОЦИАЦИЯ ОНКОЛОГИЧЕСКИХ ПАЦИЕНТОВ «ЗДРАВСТВУЙ!»

Номер горячей линии 8-800-30-10-20-9

<https://www.russcpa.ru/>

ВСЕРОССИЙСКИЙ СОЮЗ ПАЦИЕНТОВ

Адрес: 125167, Москва, Нарышкинская аллея, д. 5, стр. 2

Телефон: +7 (495) 612-20-53

www.patients.ru

Государственные организации

ФОНД СОЦИАЛЬНОГО СТРАХОВАНИЯ РФ (ФСС РФ)

Адрес: 107078, Москва, Орликов переулок, За

Справочный телефон: +7 (495) 668-03-33

<https://fss.ru/>



ДЛЯ ЗАМЕТОК:

Информационная брошюра

Имянитов Е.Н., Любченко Л.Н., Чердынцева Н.В., Демидова И.А.,
Бадрина О.В., Иванова О.Б., Боровова И.В.

ВОЗМОЖНОСТИ И ПЕРСПЕКТИВЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ В ОНКОЛОГИИ

Подготовка в печать Сергей Свиридов

Верстка А. Сребрник

Корректура А. Сребрник

Подписано в печать с готовых диапозитивов

Формат 148x210. Печать офсетная. Тираж 1000 экз.