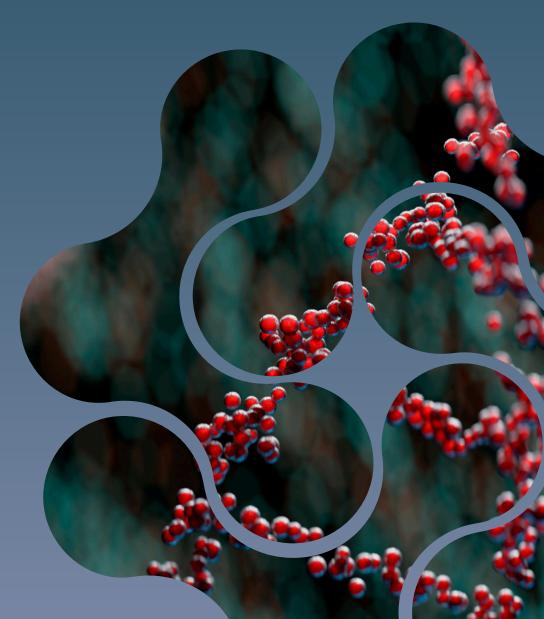
# **ONCODYNAMICS**

# Catálogo de Pruebas



www.oncodynamics.bio www.oncodynamics.de



## **Sobre Maxwerk Health**

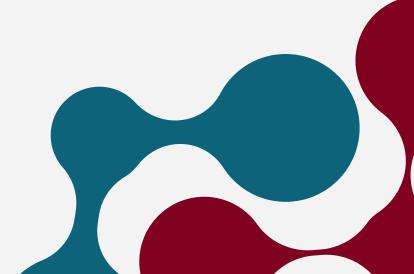
En **Maxwerk Health** unimos ciencia, tecnología e innovación para transformar la salud de hoy.

Nuestra fuerza motriz es la investigación, desarrollada desde **Maxwerk Biotech**, el laboratorio de innovación donde integramos biología molecular, ingeniería biomédica, robótica, biotecnología, data science e inteligencia artificial. Todo ello con un objetivo claro: aportar soluciones que mejoren la manera en que cuidamos y gestionamos nuestro activo más valioso: la salud.

Nuestros laboratorios y partners cumplen con los estándares internacionales más exigentes:

- Normativa internacional ISO 15189
- IVDR en la Unión Europea
- Requisitos de la FDA en EE. UU.
- Regulaciones sanitarias de cada país en el que operamos

Además, garantizamos **trazabilidad, validez y protección de datos** conforme al **RGPD**.





# **Sobre Oncodynamics**

**OncoDynamics**, la división oncológica de **Maxwerk Health**, está dedicada a los profesionales de la salud oncológica.

Ofrecemos biomarcadores oncológicos, paneles moleculares de última generación y ensayos funcionales ex vivo, diseñados para apoyar a oncólogos y centros de salud en la selección y orientación del tratamiento del cáncer.

Lo que aportamos a la práctica clínica:

- Selección terapéutica más precisa gracias a perfiles moleculares actualizados y clínicamente validados.
- Ensayos ex vivo en células tumorales, que permiten predecir la respuesta a terapias dirigidas y quimioterapias.
- Tiempos de respuesta optimizados, alineados con la dinámica de la práctica clínica.
- Accesibilidad y soporte especializado, con informes claros, interpretables y orientados a la acción.

Con OncoDynamics, los equipos clínicos cuentan con una herramienta fiable y robusta que impulsa una oncología más personalizada, eficaz y humana





INCLUSIÓN DEL PACIENTE EN ENSAYOS CLÍNICOS



SELECCIÓN DEL TRATAMIENTO MÁS ÓPTIMO

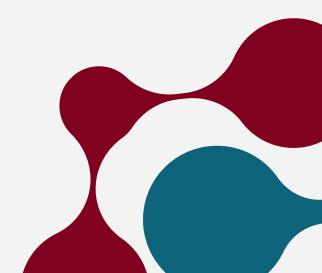


INCREMENTO
DEL % DE
SUPERVIVENCIA



# 1.MUESTRAS BIOPSIA DE TEJIDO (FFPE)

- 1.1 OncoProfile Advanced 500+
- 1.2 OncoProfile Advanced 500+46
- 1.3 OncoProfile 161
- 1.4 OncoProfile 52
- 1.5 OncoProfile OVARIO 46
- 1.6 OncoProfile COLORRECTAL 19
- 1.7 OncoProfile PULMÓN 12
- 1.8 Test BRCA Extendido
- 1.9 Test BRCA



A partir de una muestra, en un solo ensayo, podemos ofrecer un perfil genómico verdaderamente completo basado en el análisis de DNA y RNA de >500 genes, mediante secuenciación masiva (NGS).



# 1.1 OncoProfile Advanced 500+

Hotspot Ge	nes (n=57)		CNV Gain Genes (n=19)	Copy Numi (n=107)	ber Variation	and Hotspot	Genes	Gene Fusic (Inter- and	ons (n=51) Intra-genic)
ACVR1 ATP1A1 BCR	IRF4 IRS4 KLF4	TRRAP TSHR WAS	ABCB1 CTNND2 DDR1	ABL1 ABL2 AKT1	ERBB2 ERBB3 ERBB4	MAX MDM4 MECOM	PTPN11 PXDNL RAC1	AKT2 ALK AR	NF1 NOTCH1 NOTCH4
BMP5	KNSTRN	WAS	EMSY	AKT2	ESR1	MEF2B	RAF1 RET	AXL	NRG1
BTK CACNA1D	MAP2K2 MED12		FGF19 FGF23	AKT3 ALK	EZH2 FAM135B	MET RAR MITF	RHEB	BRAF BRCA1	NTRK1 NTRK2
CD79B CSF1R	MYOD1 NSD2		FGF3 FGF4	AR ARAF	FGFR1 FGFR2	MPL MTOR	RICTOR RIT1	BRCA2 CDKN2A	NTRK3 NUTM1
CTNNB1	NT5G2		FGF9	AURKA	FGFR3	MYC	ROS1	EGFR	<b>PDGFRA</b>
CUL1 CYSLTR2	NTRK2 NUP93		FYN GLI3	AURKC AXL	FGFR4 FLT3	MYD88	SETBP1 SF3B1	ERBB2 ERBB4	PDGFRB PIK3CA
DGCR8 DROSHA	PAX5 PIK3CD		IGF1R MCL1	BCL2 BCL2L12	FLT4 FOXA1	NFE2L2 NRAS	SLC01B3 SMC1A	ERG ESR1	PPARG PRKACA
E2F1	PIK3CG		MDM2	BCL6	GATA2	NTRK1	SMO	ETV1	PRKACB
EPAS1 FGF7	PTPRD RGS7		MYCL RPS6KB1	BRAF CARD11	GNAS H3F3A	NTRK3 PGBP1	SPOP SRC	ETV4 ETV5	PTEN RAD51B
FOXL2 FOXO1	RHOA RPL10		RPTOR YAP1	CBL CCND1	H3F3B IDH2	PDGFRA PDGFRB	STAT3 STAT6	FGFR1 FGFR2	RAF1 RB1
GLI1	SIX1		YES1	CCND2	IKBKB	PIK3C2B	TERT	FGFR3	RELA
GNA11 GNAQ	SIX2 SNCAIP			CCND3 CCNE1	IL7R KDR	PIK3CA PIK3CB	TOP1 TPMT	FGR FLT3	RET ROS1
HIF1A	SOS1			CDK4	KIT	PIK3R2	U2AF1	JAK2	RSP02
HIST1H2BD HIST1H3B	SOX2 SRSF2			CDK6 CHD4	KLF5 KRAS	PIM1 PLCG1	USP8 XPO1	KRAS MDM4	RSP03 TERT
HRAS	STAT5B			DDR2	MAGOH	PPP2R1A	ZNF217	MET	
IDH1	TAF1			EGFR	MAP2K1	PPP6C	ZNF429	MYB	

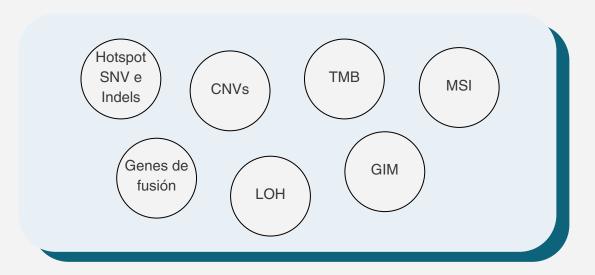
CNV Loss	and CDS (n:	=206)					CDS Only Genes (n=21)	TMB only g	jenes (n=86)	
ABRAXAS1 ACVR1B ACVR2A ACVR2A ADAMTS12 ADAMTS2 AMER1 APC ARID1B ARID1B ARID1B ARID2B ARID2B ASXL1 ASXL2 ATM ATR ATRX AXIN1 AXIN2 B2M BAP1 BCOR BLM BMPP2 BBMP1 BCOR BBMP1 BCOR BBMCA1 BRCA2 BRIP1 CASPB CCASPB CCASPB	CD274 CD276 CDC73 CDC73 CDH1 CDH10 CDK12 CDKN1A CDKN1B CDKN2A CDKN2A CDKN2C CHEK1 CHEK2 CIC CREBBP CSMD3 CTCF CTLA4 CUL3 CUL4B CYLD CYP2C9 DAXX DDX3X DICER1 DNMT3A DOCK3 DPYD DSC1	DSC3 ELF3 ENO1 EP300 EPCAM EPHA2 ERAP1 ERAP2 ERCC2 ERCC4 ERRF11 ETV6 FANCA FANCC FANCD2 FANCE FANCF FANCF FANCF FANCI FA	HLA-A HLA-B HNF1A INPP4B JAK1 JAK2 JAK3 KDM5C KDM6A KEAP1 KMT2C KMT2C KMT2C LARP4B LATS1 LATS2 MAP2K4 MAP2K7 MAP3K1 MAP3K4 MAPK8 MEN1 MGA MLH1 MSH2 MSH6	MTAP MUTYH NBN NCOR1 NF1 NF2 NOTCH1 NOTCH2 NOTCH3 NOTCH4 PALB2 PARP1 PARP2 PARP4 PBRM1 PDCD1 PDCD1LG2 PDIA3 PGD PHF6 PIK3R1 PMS1 PMS1 PMS1 POLD1 POLE POT1 POLE POT1 POLE POT1 POLE POT1 POPPP2R2A	PRDM1 PRDM9 PRKAR1A PTCH1 PTEN PTPRT RAD510 RAD51B RAD51C RAD51D RAD52 RAD54L RASA1 RASA2 RB1 RBM10 RECOL4 RNASEH2A RNASEH2A RNASEH2A RNASEH2B RNF43 RPA1 RUNX1 SDHA SDHB SDHD SETD2 SLX4 SMAD2	SMAD4 SMARCA4 SMARCB1 SOX9 SPEN STAG2 STK11 SUFU TAP1 TAP2 TEX3 TCF7L2 TET2 TGFBR2 TNFAIP3 TNFRSF14 TP53 TP92 TSC1 TSC2 USP9X VHL WT1 WT1 WT1 XRCC2 XRCC3 ZFHX3 ZMYM3 ZRSR2	CALR CIITA CYP2D6 ERCC5 FAS ID3 KLHL13 MTUS2 PSMB10 PSMB8 PSMB9 RNASEH2C RPL22 RPL5 RUNX1T1 SDHC SOCS1 STAT1 TMEM132D UGT1A1 ZBTB20	A1CF ACSM2B ADAM18 ANO4 BRINP3 C6 C8A C8B CANX CASR CD163 CNTN6 CNTNAP4 CNTNAP5 COL11A1 DCAF4L2 DCDC1 GALNT17 GPR158 GRID2 HCN1 HLA-C KCND2 KCNH7 KEL KIR3DL1 KRTAP2-1 KRTAP6-2	LRRC7 MARCO NLRC5 NOL4 NRXN1 NYAP2 OR10G8 OR2L13 OR2L2 OR2L8 OR2L8 OR2M3 OR2T3 OR2T3 OR2T3 OR2T3 OR2T4 OR2W3 OR4A15 OR4C15 OR4C6 OR4M1 OR4M2 OR5D18 OR5F1 OR5L1 OR5L2 OR6F1 OR8L2 OR6F1 OR8L2 OR8L2 OR8L2 OR8L2 OR8L2	ORC4 PAK5 PCDH17 PDE1A PDE1C PLXDC2 POM121L PPFIA2 RBP3 REG1A REG1B REG3A REG3G RPTN RUNDC3B SH3RF2 SLC15A2 SLC8A1 SYT10 SYT16 TAPBP TPTE TRHDE TRHDE TRIM48 TRIM51 ZIM3 ZNF479 ZNF536



# 1.2 OncoProfile Advanced 500+46



OncoProfile Advanced 500+46 tiene la misma base que OncoProfile Advanced 500+ con la adición de **46 genes** implicados en la vía HRR, útiles para evaluar HRD y seleccionar pacientes candidatos a inhibidores de **PARP**.





# 1.2 OncoProfile Advanced 500+ 46

### CDS Genes (n=46)

ABRAXAS1 POLD1 ATM POLE ATR PPP2R2A BAP1 PTEN BARD1 RAD50 BLM RAD51 BRCA1 RAD51B BRCA2 RAD51C BRIP1 RAD51D CDK12 RAD54L CHEK1 RNASEH2A CHEK2 RNASEH2B **FANCA** RNASEH2C **FANCC** RPA1 SLX4 FANCD2 **FANCE** TP53 **FANCF** XRCC2 **FANCG** XRCC3 **FANCI** FANCL **FANCM** MRE11 NBN PALB2 PARP1 PARP2 PARP3

### CNV genes (n=45)

ABRAXAS1 POLD1

ATM POLE ATR PPP2R2A BAP1 PTEN BARD1 RAD50 RAD51 BLM BRCA1 RAD51B BRCA2 RAD51C BRIP1 RAD51D CDK12 RAD54L CHEK1 RNASEH2A CHEK2 RNASEH2B **FANCA** RPA1 **FANCC** SLX4 FANCD2 TP53 **FANCE** XRCC2 **FANCF** XRCC3 **FANCG FANCI FANCL FANCM** MRE11 NBN PALB2 PARP1 PARP2 PARP3



# 1.2 OncoProfile Advanced 500+46

Hotspot Genes (n=57)		CNV Gain Genes (n=19)	Copy Number Variation and Hotspot Genes (n=107)					Gene Fusions (n=51) (Inter- and Intra-genic)	
ACVR1 ATP1A1 BCR BMP5 BTK CACNA1D CD79B CSF1R CTNNB1 CUL1 CYSLTR2 DGCR8 DROSHA E2F1 EPAS1 FGF7 FOXL2 FOXO1 GLI1 GNA11 GNA11 GNA11 GNAQ HIF1A HIST1H2BD HIST1H2BD HIST1H3B HRAS IDH1	IRF4 IRS4 KLF4 KNSTRN MAP2K2 MED12 MYOD1 NSD2 NT5G2 NTRK2 NUP93 PAX5 PIK3CG PIK3CG PTPRD RGS7 RHOA RPL10 SIX1 SIX2 SNCAIP SOX2 SRSF2 STAT5B TAF1	TRRAP TSHR WAS	ABCB1 CTINID2 DDR1 EMSY FGF19 FGF23 FGF3 FGF4 FGF9 FYN GLI3 IGF1R MCL1 MDM2 MYCL RPS6KB1 RPTOR YAP1 YES1	ABL1 ABL2 AKT1 AKT2 AKT3 ALK AR ARAF AURKA AURKC AXL BCL2 BCL2 BCL2 BCL6 BRAF CARD11 CCND1 CCND2 CCND3 CCND3 CCND4 CDK4 CDK6 CHD4 DDR2 EGFR	ERBB2 ERBB3 ERBB4 ESR1 EZH2 FAM135B FGFR1 FGFR3 FGFR4 FLT3 FLT4 FOXA1 GATA2 GNAS H3F3A H3F3A H3F3B JDH2 JKBKB JL7R KDR KIT KLF5 KRAS MAGOH MAP2K1	MAX MDM4 MECOM MEF2B MET RAR MITF MPL MTOR MYCN MYD88 NFE2L2 NIRAS NTRK1 NTRK3 PCBP1 PDGFRA PDGFRB PIK3C2B PIK3C2B PIK3CB	PTPN11 PXDNL RAC1 RAC1 RAF1 RET RHEB RICTOR RITI ROS1 SETBP1 SF3B1 SLC01B3 SMC1A SMO SPOP SRC STAT3 STAT6 TERT TOP1 TPMT U2AF1 USP8 XPO1 ZNF217 ZNF429	AKT2 ALK AR AXL BRAF BRCA1 BRCA2 CDKN2A EGFR ERBB2 ERBB4 ERG ESR1 ETV1 ETV4 ETV5 FGFR1 FGFR2 FGFR3 FGR FLT3 JAK2 KRAS MDM4 MET MYB	NF1 NOTCH1 NOTCH4 NRG1 NTRK1 NTRK2 NTRK3 NUTM1 PDGFRA PDGFRB PIK3CA PPARG PRKACA PRKACA PREN RAD51B RAF1 RELA RET ROS1 RSP02 RSP03 TERT

CNV Loss	and CDS (n	=206)					CDS Only Genes (n=21)	TMB only g	genes (n=86)	
ABRAXAS1 ACVR1B ACVR2A ADAMTS12 ADAMTS2 AMER1 APC ARHGAP35 ARID1A ARID1B ARID2 ARID5B ASXL1 ASXL2 ATM ATR ATRX AXIN1 AXIN1 BARD1 BARD1 BARD1 BCOR BLM BMPR2 BRCA1 BRCA2 BRIP1 CASP8 CBFB	CD274 CD276 CD276 CDC73 CDH1 CDH10 CDK12 CDKN1A CDKN1B CDKN2A CDKN2C CHEK1 CHEK2 CIC CREBBP CSMD3 CTCF CTLA4 CUL3 CUL4B CYLD CYP2C9 DAXX DDX3X DICER1 DNMT3A DOCK3 DPC1	DSC3 ELF3 ENO1 EP300 EPCAM EPHA2 ERAP1 ERAP2 ERCC2 ERCC4 ERRFI1 ETV6 FANCA FANCC FANCD FANCB FANCF FANCF FANCF FANCI FAN	HLA-A HLA-B HNF1A INPP4B JAK1 JAK2 JAK3 KDM5C KDM6A KEAP1 KMT2A KMT2B KMT2B LATS1 LATS1 LATS2 MAP2K4 MAP2K7 MAP3K1 MAP3K4 MAPK8 MEN1 MGA MLH1 MLH3 MRE11 MSH2 MSH6	MTAP MUTYH NBN NCOR1 NF1 NF2 NOTCH1 NOTCH2 NOTCH3 NOTCH4 PALB2 PARP1 PARP2 PARP3 PARP4 PBRM1 PDCD1 PDCD1LG2 PDIA3 PDG PHF6 PIK3R1 PMS1 PMS2 POLD1 POLE POT1 PPM1D PPP2R2A	PRDM1 PRDM9 PRKAR1A PTCH1 PTEN PTEN PTPRT RAD50 RAD51 RAD51B RAD51C RAD51D RAD52 RAD54L RASA1 RASA2 RB1 RBM10 RECQL4 RNASEH2B RNF43 RPA1 RUNX1 SDHB SDHD SETD2 SLX4 SMAD2	SMAD4 SMARCA4 SMARCB1 SOX9 SPEN STAG2 STK11 SUFU TAP1 TAP2 TBX3 TCF7L2 TET2 TGFBR2 TNFAIP3 TNFRSF14 TP53 TP63 TPP3 TSC1 TSC2 USP9X VHL WT1 XRCC2 XRCC3 ZFHX3 ZMYM3 ZFSR2	CALR CITTA CYP2D6 ERCCS FAS ID3 KLHL13 MTUS2 PSMB10 PSMB8 PSMB9 RNASEH2C RPL22 RPL5 RUNX1T1 SDHC SOCS1 STAT1 TMEM132D UGT1A1 ZBTB20	A1CF ACSM2B ADAM18 ANO4 ARMC4 BRINP3 C6 C8A C8B CANX CASR CD163 CNTNAP4 CNTNAP5 COL11A1 DCAF4L2 DCDC1 GALNT17 GPR158 GRID2 HCN1 HLA-C KCND2 KCNH7 KEL KIR3DL1 KRTAP2-1 KRTAP6-2	LRRC7 MARCO NLRC5 NOL4 NRXN1 NYAP2 OR10G8 OR2G6 OR2L13 OR2L2 OR2L8 OR2M3 OR2T3 OR2T3 OR2T3 OR2T4 OR2W3 OR4C15 OR4C6 OR4C6 OR4M1 OR4M2 OR5D18 OR5E1 OR5E1 OR5E1 OR5E1 OR5E2 OR6E1 OR8H2 OR8H2 OR8H2 OR8H2	ORC4 PAK5 PCDH17 PDE1A PDE1C PLXDC2 PPFIA2 RBP3 REG1B REG3A REG3G RPTN RUNDC3B SH3RF2 SLC18A1 SYT10 SYT16 TAPBP TPTE TRHDE TRHM8 TRIM51 ZIM51 ZNF479 ZNF536

Capaz de identificar variantes patogénicas evaluando 161 genes de probada utilidad en cáncer.

#### Este test incluye:

- Amplia cobertura de los dominios cinasa en receptores Tirosina cinasa, lo que incrementa las posibilidades de detectar mutaciones funcionales relevantes además de variantes patológicas prevalentes e informativas para la decisión del tratamiento (ALK, BRAF, DDR2, EGFR, KIT, ROS1, NTKR, MET, PDGFRA, RET, ERBB2, PIK3, IDH1).
- Amplia cobertura de genes relacionados con rutas de reparación del DNA (31 genes).
- Amplia cobertura de genes como MAPK, PIK3, así como genes relacionados con el ciclo celular.





# 1.3 OncoProfile 161

Hotspot gene	es			Full-length g	jenes	
AKT1 AKT2 AKT3 ALK AR ARAF AXL BRAF BTK CBL CCND1 CDK4 CDK6 CHEK2 CSF1R CTNNB1 DDR2 EGFR ERBB2 ERBB3 ERBB4	ESR1 EZH2 FGFR1 FGFR2 FGFR3 FGFR4 FLT3 FOXL2 GATA2 GNA11 GNAQ GNAS H3F3A HIST1H3B HNF1A HRAS IDH1 IDH2 JAK1 JAK2 JAK3 KDR	KIT KNSTRN KRAS MAGOH MAP2K1 MAP2K2 MAP2K4 MAPK1 MAX MDM4 MED12 MET MTOR MYC MYCN MYD88 NFE2L2 NRAS NTRK1 NTRK2 NTRK3	PDGFRB PIK3CB PIK3CA PPP2R1A PTPN11 RAC1 RAF1 RET RHEB RHOA ROS1 SF3B1 SMAD4 SMO SPOP SRC STAT3 TERT TOP1 U2AF1 XPO1	ARID1A ATM ATR ATRX BAP1 BRCA1 BRCA2 CDK12 CDKN1B CDKN2A CDKN2B CHEK1 CREBBP FANCA FANCD2 FANCI	FBXW7 MLH1 MRE11 MSH6 MSH2 NBN NF1 NF2 NOTCH1 NOTCH2 NOTCH3 PALB2 PIK3R1 PMS2 POLE PTCH1	PTEN RAD50 RAD51 RAD51B RAD51C RAD51D RNF43 RB1 SETD2 SLX4 SMARCA4 SMARCB1 STK11 TP53 TSC1 TSC2

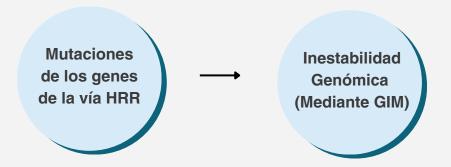
Copy number genes		Gene Fusi (inter-and	ons (n=51) intragenic)	
AKT1 AKT2 AKT3 ALK AXL AR BRAF CCND1 CCND2 CCND3 CCNE1 CDK2 CDK4 CDK6 EGFR ERBB2 ESR1 FGF19 FGF3 FGFR1 FGFR2 FGFR3	FGFR4 FLT3 IGF1R KIT KRAS MDM2 MDM4 MET MYC MYCL MYCN NTRK1 NTRK2 NTRK3 PDGFRA PDGFRB PIK3CB PIK3CA PPARG RICTOR TERT	AKT2 ALK AR AXL BRCA1 BRCA2 BRAF CDKN2A EGFR ERBB2 ERBB4 ERG ESR1 ETV1 ETV4 ETV5 FGFR1	FGFR2 FGFR3 FGR FLT3 JAK2 KRAS MDM4 MET MYB MYBL1 NF1 NOTCH1 NOTCH4 NRG1 NTRK1 NTRK2 NTRK3	NUTM1 PDGFRA PDGFRB PIK3CA PRKACA PRKACB PTEN PPARG RAD51B RAF1 RB1 RELA RET ROS1 RSPO2 RSPO3 TERT

- Detección sensible de variantes en **52 genes** con una gran relevancia en múltiples tipos de cáncer.
- Genes cuidadosamente seleccionados debido a su utilidad en el manejo y tratamiento de procesos oncológicos.
- Permite obtener resultados simultáneos de DNA y RNA.
- Compatible con muestras de tan solo 10 ng de material genético proveniente de tejido tumoral parafinado.



Hotspot Genes (n=35)				Number (n=19)	Fusion ( (n=23)	Genes
AKT1 ALK AR BRAF 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 SMO	ALK AR BRAF CCND1 CDK4 CDK6 EGFR ERBB2 FGFR1 FGFR2 FGFR3 FGFR4 KIT KRAS MET MYC	MYCN PDGFRA PIK3CA	ABL1 AKT3 ALK AXL BRAF EGFR ERBB2 ERG ETV1 ETV4 ETV5 FGFR1 FGFR2 FGFR3 MET NTRK1	NTRK2 NTRK3 PDGFRA PPARG RAF1 RET ROS1

### Este test analiza:

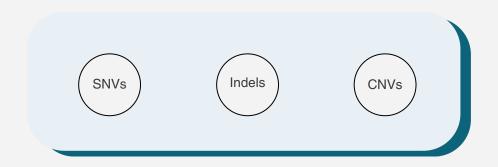


### Este panel cubre 46 genes implicados en la vía HRR:

CDS Genes	s (n=46)	CNV genes	(n=45)
ABRAXAS1 ATM ATR BAP1 BARD1 BLM BRCA1 BRCA2 BRIP1 CDK12 CHEK1 CHEK2 FANCA FANCC FANCD2 FANCE FANCE FANCE FANCI FANCI FANCI FANCL FANCL FANCM MRE11 NBN PALB2 PARP1 PARP2	POLD1 POLE PPP2R2A PTEN RAD50 RAD51 RAD51B RAD51C RAD51D RAD54L RNASEH2A RNASEH2A RNASEH2C RPA1 SLX4 TP53 XRCC2 XRCC3	ABRAXAS1 ATM ATR BAP1 BARD1 BLM BRCA1 BRCA2 BRIP1 CDK12 CHEK1 CHEK2 FANCA FANCC FANCC FANCE FANCE FANCE FANCE FANCI FANCI FANCL FANCM MRE11 NBN PALB2 PARP1 PARP2	POLD1 POLE PPP2R2A PTEN RAD50 RAD51 RAD51B RAD51C RAD51D RAD54L RNASEH2A RNASEH2A RNASEH2A TP53 XRCC2 XRCC3

# 1.6 OncoProfile COLORRECTAL 19

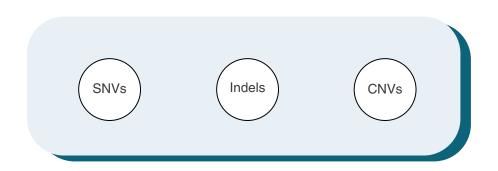
Incluye **19 genes** entre los que se incluye los genes de la *MMR* (mismatch repair pathway) *MLH1, MSH2, MSH6, PMS2*, y otros genes de reconocida utilidad clínica en cáncer colorrectal como *APC, MUTYH, KRAS* y *NRAS*.



Genes	MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, APC, AXIN2, CDH1, CHEK2, EPCAM, MSH3, MUTYH, POLD1, POLE, PTEN, SMAD4, TP53, KRAS, NRAS, BRAF
Tipo de muestra	Muestra de biopsia de tejido (FFPE).  También se admiten muestras de sangre para el estudio de valoración de riesgo de cáncer colorrectal hereditario. Para evaluación de riesgo de cáncer hereditario, se analizan variantes de tipo SNVs e Indels.
Valor de prueba	Estudio genético de tumores sólidos. Confirmación o exclusión de síndrome de Lynch. Manejo del tratamiento del cáncer. Evaluación de riesgo de síndromes de cáncer hereditario asociado a estos genes: Síndrome de Lynch, Polipomatosis adenomatosa familiar (PAF) y Poliposis colorrectal.

A través de muestras de **tejido tumoral parafinado** (FFPE), y mediante técnicas de secuenciación masiva, nuestro test es capaz de evaluar **12 genes** con probada utilidad clínica en material genético extraído de este tipo de muestra.

Este test permite obtener resultados relativos a la heterogeneidad tumoral y detección de clones resistentes a tratamiento.

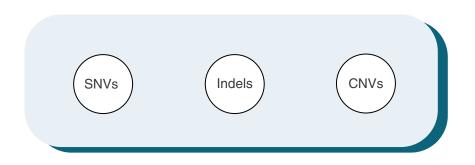


Genes		Fusion Genes
ALK	NRAS	ALK
BRAF	PIK3CA	ROS1
EGFR	RET	RET
ERBB2	ROS1	
KRAS	TP53	
MAP2K1		
MET		

- 12 genes
- Librería única a partir de ADN y ARN
- · 58 amplicons
- >169 hotspots e Indels

Analiza **21 genes** fundamentales en el estudio genético del cáncer **de mama, ovario y próstata**.

Ofrece información sobre variantes patogénicas en los genes *BRCA1 y BRCA2*, junto con todos los genes recomendados por la SEOM (Sociedad Española de Oncología Médica), y otros genes relacionados con la recombinación homóloga del DNA y con utilidad clínica descrita.



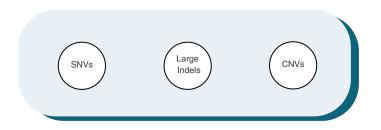
Genes	BRCA1, BRCA2, ATM, BARD1, BRIP1, CDH1, CDK12, CHEK2, FANCD2, MRE11, MLH1, MSH2, NBN, NF1, PALB2, PTEN, RAD50, RAD51C, RAD51D, TP53, PMS2
Tipo de muestra	Muestra de biopsia de tejido (FFPE).  También se admiten muestras de sangre para el estudio de valoración de riesgo de cáncer hereditario asociado a mutaciones en estos genes.  Para evaluación de riesgo de cáncer hereditario se analizan CNVs solo en BRCA1 y BRCA2.
Valor de prueba	Manejo del cáncer (posibilidad de tratamiento con inhibidores PARP).  Evaluación de riesgo de cáncer de mama, ovario y próstata hereditario.  Se utiliza fundamentalmente para el estudio genético del cáncer de mama y ovario pero también tiene valor informativo en el cáncer de próstata.

Las mutaciones en **BRCA1 y BRCA2** se suponen causantes de cerca de un 16% de los cánceres de mama hereditarios, que suponen a su vez entre un 5% y un 10% del total de cánceres de mama en las mujeres.

BRCA1 y BRCA2 son los genes más frecuentemente involucrados y conllevan un considerable riesgo vital de **cáncer de mama** (72% para BRCA1 y 69% para BRCA2, hasta los 80 años).

En la población general, se estima que un 1,3% de las mujeres padecerán un **cáncer de ovarios** a lo largo de su vida. Las mutaciones en *BRCA1* y *BRCA2* se suponen causantes de alrededor de un 15-20% de los cánceres de ovario en general.

El porcentaje de **cánceres de próstata** en los que se encuentran mutaciones en los genes BRCA llega hasta el 40%.



Genes	BRCA1 y BRCA2
Tipo de muestra	Muestra de biopsia de tejido y muestras de sangre. Se requiere tan solo 10ng de DNA.
Valor de prueba	Se utiliza fundamentalmente para el estudio genético del cáncer de mama, ovario y próstata pero también tiene valor informativo en el cáncer de páncreas.  Evaluación del riesgo de sufrir cáncer asociado a mutaciones en los genes BRCA1 y BRCA2.  Manejo del tratamiento del cáncer y decisión relativa a tratamiento con inhibidores PARP.



# 2. BIOPSIAS LÍQUIDAS

- 2.1 OncoProfile Liquid GENERAL 52
- 2.2 Oncoprofile Liquid COLORRECTAL 14
- 2.3 OncoProfile Liquid MAMA 12
- 2.4 OncoProfile Liquid PULMÓN 12

Todas las pruebas de biopsia líquida requieren la obtención de 2 tubos de sangre y se realizan mediante técnicas de secuenciación masiva (NGS).

Se incluyen key targets considerando diversos tipos de variantes (SNVs, InDels, CNVs, Gene Fusions).

Límite de detección para variantes patogénicas somáticas: 0,1% LOD



# 2.1 OncoProfile Liquid GENERAL 52

El test general es capaz de evaluar **52 genes** con probada utilidad clínica en DNA tumoral libre (ctDNA), incluyendo targets clave reconocidos por expertos (SNVs, InDels, CNVs y fusiones génicas).

Este test permite obtener resultados relevantes en pacientes relativos a: heterogeneidad tumoral, detección de clones resistentes a tratamiento y detección de recurrencia antes que las pruebas de imagen.

Hotspot Genes			CNVs	Fusion Genes	
AKT1	ERBB3	KIT	SF3B1	CCND1	ALK
ALK	ERG	KRAS	SMAD4	CCND2	BRAF
APC	ESR1	MAP2K1	SMO	CCND3	ERG
AR	ETV1	MAP2K2	TP53	CDK4	ETV1
ARAF	FBXW7	MET		CDK6	FGFR1
BRAF	FGFR1	MTOR		EGFR	FGFR2
CCND1	FGFR2	MYC		ERBB2	FGFR3
CCND2	FGFR3	NRAS		FGFR1	MET
CCND3	FGFR4	NTRK1		FGFR2	NTRK1
CDK4	FLT3	NTRK3		FGFR3	NTRK3
CDK6	GNA11	PDGFRA		MET	RET
CHEK2	GNAQ	PIK3CA		MYC	ROS1
CTNNB1	GNAS	PTEN			
DDR2	HRAS	RAF1			
EGFR	IDH1	RET			
ERBB2	IDH2	ROS1			

- 52 genes
- >900 Hotspots e Indels
- 12 CNVs
- Librería única a partir de ADN y ARN
- Cobertura extendida de TP53
- MET exon 14 skipping

- · 272 amplicons
- 96 fusions

# 2.2 Oncoprofile Liquid COLORRECTAL 14

El test incluye **14 genes** con probada utilidad clínica en el DNA tumoral libre (ctDNA) presente en el plasma sanguíneo.

Nuestro test permite obtener resultados relevantes en pacientes relativos a: heterogeneidad tumoral, detección de clones resistentes a tratamiento y detección de recurrencia antes que las pruebas de imagen.

Genes	
AKT1	GNAS
APC	KRAS
BRAF	MAP2K1
CTNNB1	NRAS
EGFR	PIK3CA
ERBB2	SMAD4
FBXW7	TP53

- 14 genes
- 49 amplicons
- 236 Hotspots e Indels

El test evalúa **12 genes** con probada utilidad clínica en el DNA tumoral libre (ctDNA) presente en el plasma sanguíneo.

Nuestro test permite obtener resultados relevantes en pacientes relativos a: heterogeneidad tumoral, detección de clones resistentes a tratamiento y detección de recurrencia antes que las pruebas de imagen.

Genes		
AKT1	FBXW7	
CCND1	FGFR1	
EGFR	KRAS	
ERBB2	PIK3CA	
ERBB3	SF3B1	
ESR1	TP53	

- 12 genes
- · 76 amplicons
- >150 hotspots

- CNVs: CCND1, ERBB2, FGFR1
- Amplia cobertura de TP53

# 2.4 OncoProfile Liquid PULMÓN 12

Nuestro test es capaz de evaluar **12 genes** con probada utilidad clínica en el DNA tumoral libre (ctDNA) presente en el plasma sanguíneo.

Nuestro test permite obtener resultados relevantes en pacientes relativos a: heterogeneidad tumoral, detección de clones resistentes a tratamiento y detección de recurrencia antes que las pruebas de imagen.

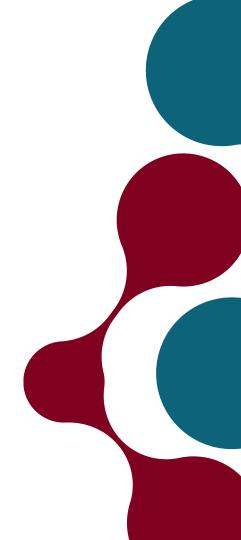
Genes		Fusion Genes
ALK	NRAS	ALK
BRAF	PIK3CA	ROS1
EGFR	RET	RET
ERBB2	ROS1	
KRAS	TP53	
MAP2K1		
MET		

- 12 genes
- · Librería única a partir de ADN y ARN
- 58 amplicons
- >169 hotspots e Indels



# 3. SÍNDROME DEL CÁNCER HEREDITARIO

- 3.1 Inherit-Gene Cancer Test 200+
- 3.2 Inherit-Gene Cancer Test 39



# 3. SÍNDROMES DE CÁNCER HEREDITARIO

#### ENTRE EL 10-15% DE LOS CÁNCERES SON DEBIDOS A MUTACIONES HEREDADAS

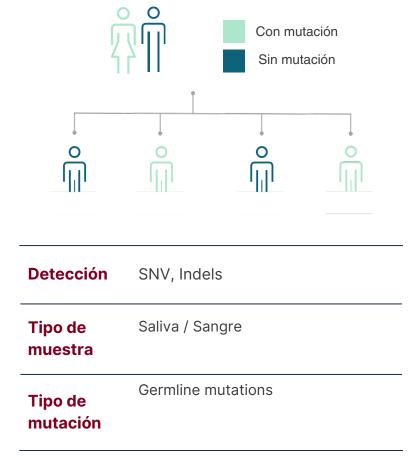
Las mutaciones en la línea germinal no son frecuentes, pero cuando están presentes pueden incrementarnotablemente la probabilidad de desarrollo de cáncer.



La presencia de la mutación no significa que se vaya a desarrollar cáncer pero el conocimiento de nuestro riesgo ayuda a la toma de decisiones tempranas:

- Permite comenzar con procesos de exploración tales como mamografías o colonoscopias mucho antes que en la población general.
- Tomar medidas profilácticas (en el caso que sean recomendadas).
- Ayuda a que otros miembros de su familia conozcan si pueden estar en riesgo.

#### MODELO DE HERENCIA AUTOSÓMICA DOMINANTE



# 3.1 Inherit-Gene Cancer Test 200+

Nuestro panel ofrece una cobertura media >100X para más de 200 genes relacionados con síndromes de cáncer hereditarios.

En nuestro panel contemplamos:

- Los **genes reconocidos por la CDC** (Center for Dissease Control and Prevention) como importantes para la salud pública.
- BRCA2, BRCA1, PALB2, TP53, CDH1, STK11, PTEN y en los que se han identificado variantes genéticas patogénicas que se asocian con riesgos que podemos considerar elevados; por tanto, es común referirse a estos genes como Genes de Alta Penetrancia.
- Genes cuyas variantes patogénicas aparecen asociadas a multitud de tipos de cáncer como PTEN y TP53.

#### **LISTA COMPLETA DE GENES:**

ABRAXAS1, ACD, ACVRL1, AIP, ALK, ANKRD26, APC, AR, ARAF, ATM, ATR, ATRIP, AXIN2, BARD1, BLM, BMPR1A, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRIP1, BUB1B, CBL, CD70, CD82, CDC73, CDH1, CDK4, CDKN1B, CDKN1C, CDKN2A, CDKN2C, CEBPA, CEP57, CFTR, CHEK2, CTC, CTNNA1, CTRC, CYLD, DDB1, DDB2, DDX41, DICER1, DIS3L2, DKC1, DLEC1, DLST, DOCK8, EFL1, EGFR, ELAC2, ELANE, ENG, EPCAM, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, ERCC6, ERCC8, ETV6, EXO1, EXT1, EXT2, EZH2, FAM111B, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FAS, FH, FLCN, GALNT12, GATA1, GATA2, GBA1, GEN1, GDNF, GPC3, GREM1, HABP2, HAX1, HNF1A, HOXB13, HRAS, IKZF1, ITK, KIF1B, KIT, KLLN, KITLG, KRAS, LIG4, LYST, LZTR1, MAD2L2, MAP2K1, MAP2K2, MAX, MBD4, MCIR, MDH2, MEN1, MET, MITF, MLH1, MLH3, MN1, MNX1, MRE11A, MSH2, MSH3, MSH6, MSR1, MUTYH, MXI1, NAF1, NBN, NF1, NF2, NHP2, NOP10, NRAS, NSD1, NSUN2, NTHL1, PALB2, PRNA, PAX5, PDGFB, PDGFRA, PHOX2B, PIK3CA, PMS1, PMS2, POLD1, POLE, POLH, POT1, PPM1D, PRF1, PRKAR1A, PRSS1, PRSS2, PTCH1, PTCH2, PTEN, PTPN11, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAF1, RASA1, RASA2, RB1, RECQL, RECQL2, RECQL4, REST, RET, RHBDF2, RIT1, RNASEL, RNF43, RPL11, RPL15, RPL23, RPL26, RPL27, RPL31, RPL35A, RPL36, RPL5, RPS10, RPS15, RPS17, RPS19, RPS20, RPS24, RPS26, RPS27, RPS27A, RPS28, RPS29, RPS7, RRAS, RTEL, RUNX1, SAMD9, SAMD9L, SBDS, SDHA, SDHAF2,SDHB, SDHC,SDHD, SH2B3,SH2D1A, SHOC2, SLC25A11, SLX4, SMAD4, SMARCA4, MARCB1, SMARCE1, SOS1, SOS2, SPINK1, SPRED1, SRP72, STAT3, STK11, STN1,SUFU, TERC,TERF2,TERT, TGFBR2,TINF2, TMEM127, TP53, TSC1, TSC2, TSHR, TSR2, UBE2T, VHL, WAS, WRAP53, WRN, WT1, XPA,XPC,XRCC2, XRCC

# 3.2 Inherit-Gene Cancer Test 39

Nuestro panel ofrece una cobertura media >100X para **39 genes relacionados con síndromes de cáncer hereditarios.** 

En nuestro panel contemplamos:

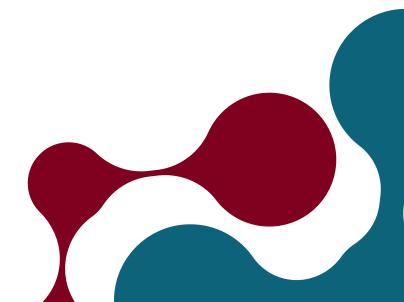
- Los genes reconocidos por la CDC (Center for Dissease Control and Prevention) como importantes para la salud pública.
- BRCA2, BRCA1, PALB2, TP53, CDH1, STK11, PTEN y en los que se han identificado variantes genéticas patogénicas que se asocian con riesgos que podemos considerar elevados; por tanto, es común referirse a estos genes como Genes de Alta Penetrancia.
- Genes cuyas variantes patogénicas aparecen asociadas a multitud de tipos de cáncer como PTEN y TP53.

#### LISTA COMPLETA DE GENES:

APC, ATM, AXIN2, BMPR1A, BRCA1, BRCA2, BRIP1, CDH1, CDK4, CDKN2A (p16INK4a), CDKN2A (P14arf), CHEK2, DICER1, EPCAM, GREM1, GALNT12, HOXB13, MEN1, MITF, MLH1, MSH2, MSH6, MSH3, MUTYH, NBN, NTHL1, PALB2, PMS2, POLD1, POLE, PTEN, RAD51C, RAD51D, RNF43, SMAD4, SMARCA4, STK11, TP53, VHL.



# 4. DETECCIÓN DE MUTACIONES ESPECÍFICAS

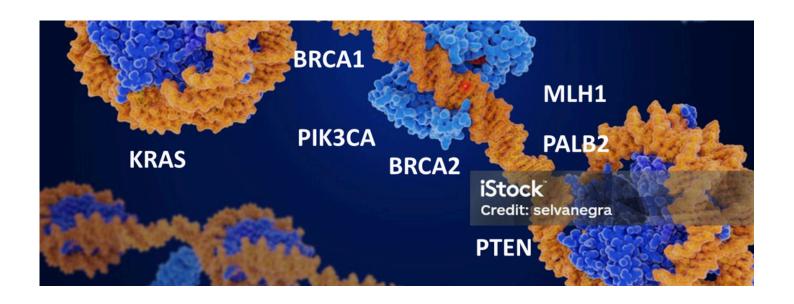


# **4.DETECCIÓN DE MUTACIONES ESPECÍFICAS**

En Oncodynamics, además de ofrecer paneles amplios que incluyen mutaciones, CNVs (variaciones en el número de copias), y otros biomarcadores, también brindamos la opción de realizar detecciones individuales de mutaciones específicas.

Esta capacidad permite una mayor **flexibilidad diagnóstica** y puede ser de gran utilidad en casos en los que se busca confirmar una mutación puntual previamente sospechada o conocida, o bien cuando el contexto clínico requiere un abordaje más dirigido.

Gracias a nuestras tecnologías de secuenciación avanzada, PCR en tiempo real y digital y otras metodologías moleculares, ofrecemos detección de mutaciones con alta sensibilidad y especificidad en una variedad de tipos de cáncer, tanto en biopsias de tejido como en biopsias líquidas. Esto permite una caracterización precisa y personalizada del perfil genómico del tumor.





# 5. DETECCIÓN DE INESTABILIDAD GENÓMICA



# **5.DETECCIÓN DE INESTABILIDAD GENÓMICA**

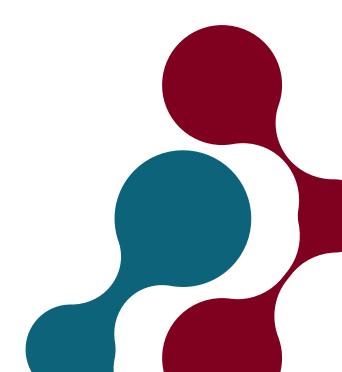


Identificamos marcadores clave de inestabilidad genómica, como la inestabilidad de microsatélites (MSI) y la carga mutacional tumoral (TMB), indicadores fundamentales de la capacidad del tumor para mutar y evolucionar.

A través de informes integrales, Oncodynamics traduce la compleja dinámica del cáncer en información clara y procesable, ofreciendo a los oncólogos una visión holística del perfil molecular, genómico, metabólico y del microambiente tumoral.



# 6. FARMACOGENÓMICA



# **5.FARMACOGENÓMICA**

Nuestras pruebas permiten identificar a pacientes con **variantes genéticas** que afectan la forma en que metabolizan ciertos agentes antineoplásicos, lo que facilita al oncólogo ajustar el tratamiento de forma individualizada antes de que se presenten efectos tóxicos.

Esta estrategia se basa en la farmacogenómica, con un enfoque en biomarcadores genéticos cuya relevancia clínica ha sido validada en estudios prospectivos y reconocida en las guías actuales de oncología médica.

- Dirigido a fármacos quimioterapéuticos de alto impacto
- Basado en polimorfismos genéticos clínicamente relevantes

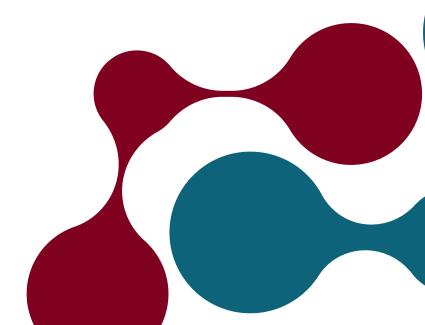
A través de informes integrales, Oncodynamics traduce la compleja dinámica del cáncer en información clara y procesable, ofreciendo a los oncólogos una visión holística del perfil molecular, genómico, metabólico y del microambiente tumoral.

Pruebas qPCR	Genes / Variantes	Aplicación clínica
gb PHARM DPYD	DPYD *2A, *13, HapB3, c.2846A>T	Toxicidad a fluoropirimidinas (5-FU, capecitabina)
gb PHARM TPMT	TPMT *2, *3A, *3B, *3C	Ajuste de dosis de tiopurinas
gb PHARM CYP2C19	CYP2C19 *2, *3, *17	Metabolismo de clopidogrel, IBPs
gb PHARM UGT1A1	UGT1A1 *36, *1, *28, *37	Toxicidad con irinotecán, ictericia
gb PHARM Warfarin	CYP2C9 *2, *3; VKORC1 -1639G>A	Dosis segura de warfarina

### 5. FARMACOGENÓMICA



# 7. ENSAYOS EX-VIVO



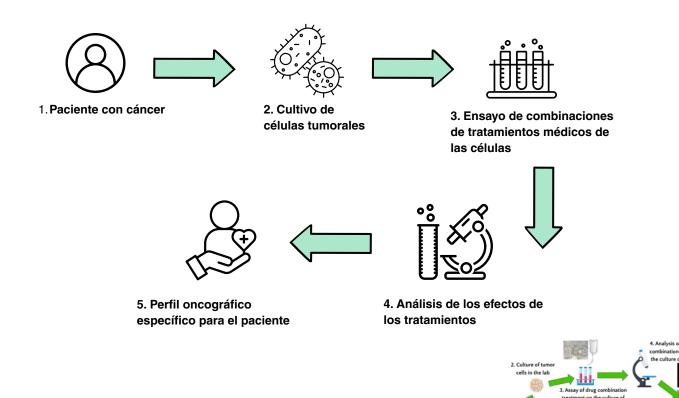
### 7. ENSAYOS EX-VIVO:

Se trata de una técnica innovadora de cultivo celular usando las células del paciente para determinar sensibilidad a quimioterapia. Aprobado por la UE.

En Oncodynamics realizamos pruebas innovadoras de medicina personalizada que permite identificar el tratamiento de quimioterapia más eficaz para un paciente con **cáncer de colon metastásico (mCRC)** antes de administrarlo.

A partir de una muestra de tejido tumoral del propio paciente, se realiza un análisis funcional ex vivo que evalúa la sensibilidad de las **células cancerosas** a diferentes **fármacos quimioterápicos**.

Esta tecnología ayuda a oncólogos y pacientes a tomar decisiones terapéuticas más informadas, aumentando las probabilidades de éxito del tratamiento y reduciendo la exposición a efectos secundarios innecesarios.



Oncogramme
CE/IVD validated

### **Contacto:**

### España

Edificio Tecnológico Aeroespacial, Rúa das Pontes, Zona Franca de Vigo Nigrán, Pontevedra

### México

Dirección: Carretera Estatal No 431 km 1.98 Europark II. Nave 15. CP76246 El Marqués, Querétaro, México

#### Alemania

Dirección: Speditionstraße, 15A, 40221 Düsseldorf, Alemania

### **Estados Unidos:**

USA: One Broadway Road. Cambridge MA. 9th floor.

# **ONCODYNAMICS**