

Gebruikte assay: Ion Ampliseq™ Haematpanel (custom design)

Gen	NM nummer	Coverage (codons)
ABL1	NM_005157.5	codons 184-474
ASXL1	NM_015338.5	codons 574-1542
ATM	NM_000051.3	codons 1-3057
BRAF	NM_004333.5	codons 450-477, 582-611
CALR	NM_004343.3	codons 352-418
CBL	NM_005188.3	codons 366-477
CD79A	NM_001783.3	codons 1-227
CD79B	NM_001039933.2	codons 1-231
CEBPA	NM_004364.4	codons 1-15, 20-359
CRLF2	NM_022148.3	codons 219-252
CSF3R	NM_156039.3	codons 576-622
CXCR4	NM_001008540.2	codons 1-357
DNMT3A	NM_175629.2	codons 881-913
ETV6	NM_001987.4	codons 1-453
EZH2	NM_004456.4	codons 640-649
GATA1	NM_002049.3	codons 1-73
HRAS	NM_005343.3	codons 5-33, 45-91
ID3	NM_002167.4	codons 1-120
IDH1	NM_005896.3	codons 101-138
IDH2	NM_002168.3	codons 131-174
IKZF1	NM_006060.5	codons 1-520
JAK2	NM_004972.3	codons 601-621, 629-659, 665-694
KIT	NM_000222.2	codons 373-395, 412-444, 450-469, 788-826
KRAS	NM_004985.4	codons 4-65, 113-149
MPL	NM_005373.2	codons 491-515
MYD88	NM_002468.4	codons 260-268
NOTCH1	NM_017617.5	codons 1555-1630, 1674-1769, 2061-2556
NOTCH2	NM_024408.3	codons 1626-1662, 2395-2432
NPM1	NM_002520.6	codons 224-295
NRAS	NM_002524.4	codons 1-30, 55-88
PDGFRA	NM_006206.5	codons 837-854
PTPN11	NM_002834.4	codons 47-61, 486-526
RUNX1	NM_001754.4	codons 1-481
SETBP1	NM_015559.3	codons 853-890
SF3B1	NM_012433.3	codons 603-639, 655-678, 694-730, 742-754
SRSF2	NM_003016.4	codons 75-119
STAT3	NM_139276.2	codons 596-666
TET2	NM_001127208.2	codons 1-2003
TNFAIP3	NM_006290.3	codons 1-791
TP53	NM_000546.5	codons 1-394
U2AF1	NM_006758.2	codons 16-40
U2AF2	NM_007279.2	codons 1-476
WT1	NM_024426.5	codons 1-74, 89-518

Disclaimer NGS-analyse:

Deze analyses omvatten geen kiembaanvarianten, behalve indien aangegeven. Er wordt gestreefd naar een gemiddelde coverage van 500x over het gehele genpanel. Varianten met een allelfrequentie onder de 1% of met een absoluut aantal minder dan 25 reads, worden gezien als achtergrondruis en worden niet gerapporteerd. Varianten met een allelfrequentie tussen de 1% en 5% worden besproken door het multidisciplinair team, waarna besloten wordt of ze gerapporteerd worden. Varianten met een allelfrequentie boven de 5% worden gerapporteerd. Er is een vals negatieve marge; indien geen varianten gerapporteerd zijn, is de mogelijke aanwezigheid van somatische varianten niet uitgesloten. De vermelde percentages zijn allelfrequenties van de genoemde variant. Informatie over klinische implicaties wordt in principe vermeld zoals beschreven in MyCancerGenome.org. Of de patiënt in aanmerking komt voor genoemde therapie wordt door de behandelend arts per patiënt besloten.