

**Gebruikte assay: Melanocytaire Laesie (custom design).**

Gen	NM_nummer	Coverage (codons)
APC	NM_000038.5	codon 1-2844
BAP1	NM_004656.2	codon 1-116, 118-730
BRAF	NM_004333.5	codon 439-474, 581-620
CCND1	NM_053056.2	codon 15-41, 99-125, 142-173, 200-230
CDKN2A	NM_000077.4	codon 1-157
CTNNB1	NM_001904.3	codon 5-81
CYSLTR2	NM_020377.2	codon 126-156
EGFR	NM_005228.4	codon 96-127, 251-282, 575-601, 695-726, 729-875
EIF1AX	NM_001412.3	codon 1-29, 33-145
ERBB2	NM_004448.3	codon 90-118, 345-377, 650-678, 704-734, 737-762, 770-802, 840-872, 884-903
GNA11	NM_002067.4	codon 163-198, 203-224
GNAQ	NM_002072.4	codon 166-195, 203-215, 217-245
GNAS	NM_000516.5	codon 196-236
HRAS	NM_005343.3	codon 6-33, 45-77
IDH1	NM_005896.3	codon 102-134
IDH2	NM_002168.3	codon 131-178
JAK1	NM_002227.2	codon 393-444, 583-633, 853-883
JAK2	NM_004972.3	codon 443-504, 593-710
KIT	NM_000222.2	codon 450-513, 550-591, 627-663, 788-828
KRAS	NM_004985.4	codon 1-65, 114-145
MAP2K1	NM_002755.3	codon 28-81, 102-135, 193-225, 232-295
MAP2K2	NM_030662.3	codon 37-73, 108-175, 195-220
MET	NM_000245.3	codon 158-190, 360-392, 807-838, 958-1009, 1095-1113, 1226-1257
NF1	NM_001042492.2	codon 1-37, 39-464, 468-850, 858-958, 966-1037, 1073-1441, 1448-2840
NRAS	NM_002524.4	codon 1-150
PLCB4	NM_000933.3	codon 621-643
PRKAR1A	NM_002734.4	codon 1-382
PTEN	NM_000314.6	codon 1-239, 241-273, 292-404
SF3B1	NM_012433.3	codon 612-642
TERT	NM_198253.2	promotor regio inclusief 2 hotspots (C228T en C250T)
TP53	NM_000546.5	codon 1-61, 63-96, 98-394

**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.