

Gebruikte assay: Ion Ampliseq™ OncoAmp V2 (custom design).

*Full transcript gecoverd in dit genpanel. Van andere genen worden alleen regio's die frequent gemuteerd zijn gesequenced en niet de complete coderende sequentie. Amplificaties kunnen gedetecteerd worden voor genen die met minstens 5 amplicons zijn gecoverd.

Gen	ENST nummer	Coverage (codons)
AKT1	ENST00000349310.3	codon 1-58, 146-176, 235-268, 438-454
ALK	ENST00000389048.3	codon 228-256, 386-423, 518-548, 688-730, 1173-1176, 1252-1276
BRAF	ENST00000288602.6	codon 81-165, 288-326, 447-477, 582-620, 728-767
CDH1*	ENST00000261769.5	codon 1-883
CDKN2A	ENST00000304494.5	codon 52-119
CDK4	ENST00000257904.6	codon 43-304
CDK6	ENST00000265734.4	codon 58-123, 163-179, 180-232, 279-320
CTNNB1	ENST00000349496.5	codon 6-52
EGFR*	ENST00000275493.2	codon 1-1211
ERBB2	ENST00000269571.5	codon 26-75, 302-340, 739-805, 832-883, 1139-1177
ERBB3	ENST00000267101.3	codon 184-204, 331-369, 495-537, 873-897, 1089-1167
ERBB4	ENST00000342788.4	codon 120-140, 169-185, 219-247, 262-332, 336-374, 577-623, 908-955
ESR1	ENST00000440973.1	codon 1-58, 152-170, 216-264, 337-411, 519-596
FGFR1	ENST00000447712.2	codon 1-30, 121-149, 250-289, 384-428, 625-659, 765-823
FGFR2	ENST00000358487.5	codon 1-36, 250-275, 279-313, 363-407, 525-557, 733-767
FGFR3	ENST00000440486.2	codon 1-36, 245-283, 360-418, 618-664, 678-720, 763-807
FGFR4	ENST00000292408.4	codon 119-145, 420-506, 649-668, 754-803
FLT3	ENST00000241453.7	codon 1-14, 169-204, 438-471, 568-612, 649-684, 809-847
GNAS	ENST00000371085.3	codon 196-219
HRAS	ENST00000311189.7	codon 1-87, 151-190
KDR	ENST00000263923.4	codon 230-303, 472-512, 873-904, 949-990, 1136-1170, 1177-1220, 1284-1357
KIT	ENST00000288135.5	codon 29-88, 488-513, 523-591, 631-704, 715-739, 788-865
KRAS	ENST00000311936.3	codon 1-92, 98-150
MDM2*	ENST00000462284.1	codon 1-498
MET	ENST00000397752.3	codon 147-201, 335-391, 510-567, 964-1009, 1088-1131, 1212-1260
MTOR	ENST00000361445.4	codon 1-54, 597-667, 1188-1218, 1659-1710, 2118-2175, 2546-2550
MYC	ENST00000377970.2	codon 1-35, 233-367, 391-455
MYCN	ENST00000281043.3	codon 1-27, 255-381
NRAS	ENST00000369535.4	codon 1-88
PDGFRA	ENST00000257290.5	codon 254-304, 552-586, 632-702, 814-854, 1042-1090
PIK3CA	ENST00000263967.3	codon 61-109, 316-353, 418-433, 523-554, 678-729, 1009-1069
PTEN*	ENST00000371953.3	codon 1-404
RET	ENST00000355710.3	codon 588-664, 762-787, 870-933
RUNX1	ENST00000437180.1	codon 1-19, 118-169, 197-268, 293-322
TOP2A	ENST00000423485.1	codon 33-59, 264-296, 580-614, 927-933, 1180-1240, 1428-1489
TP53*	ENST00000269305.4	codon 1-394
VHL*	ENST00000256474.2	codon 1-214

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.