

**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	NM nummer	Coverage (codons)
AKT1	NM_001014432.1	codon 1-58, 146-176, 235-268, 438-454
ALK	NM_004304.4	codon 228-256, 386-423, 518-548, 688-730, 1173-1176, 1252-1276
BRAF	NM_004333.5	codon 81-165, 288-326, 447-477, 582-620, 728-767
CDH1*	NM_004360.4	codon 1-883
CDKN2A	NM_000077.4	codon 52-119
CDK4	NM_000075.3	codon 43-304
CDK6	NM_001259.7	codon 58-123, 163-179, 180-232, 279-320
CTNNB1	NM_001904.3	codon 6-52
EGFR*	NM_005228.4	codon 1-1211
ERBB2	NM_004448.3	codon 26-75, 302-340, 739-805, 832-883, 1139-1177
ERBB3	NM_001982.3	codon 184-204, 331-369, 495-537, 873-897, 1089-1167
ERBB4	NM_005235.2	codon 120-140, 169-185, 219-247, 262-332, 336-374, 577-623, 908-955
ESR1	NM_001122742.1	codon 1-58, 152-170, 216-264, 337-411, 519-596
FGFR1	NM_023110.2	codon 1-30, 121-149, 250-289, 384-428, 625-659, 765-823
FGFR2	NM_000141.4	codon 1-36, 250-275, 279-313, 363-407, 525-557, 733-767
FGFR3	NM_000142.4	codon 1-36, 245-283, 360-418, 618-664, 678-720, 763-807
FGFR4	NM_213647.2	codon 119-145, 420-506, 649-668, 754-803
FLT3	NM_004119.2	codon 1-14, 169-204, 438-471, 568-612, 649-684, 809-847
GNAS	NM_000516.5	codon 196-219
HRAS	NM_005343.3	codon 1-87, 151-190
KDR	NM_002253.3	codon 230-303, 472-512, 873-904, 949-990, 1136-1170, 1177-1220, 1284-1357
KIT	NM_000222.2	codon 29-88, 488-513, 523-591, 631-704, 715-739, 788-865
KRAS	NM_004985.4	codon 1-92, 98-150
MDM2*	NM_002392.5	codon 1-498
MET	NM_000245.3	codon 147-201, 335-391, 510-567, 964-1009, 1088-1131, 1212-1260
MTOR	NM_004958.3	codon 1-54, 597-667, 1188-1218, 1659-1710, 2118-2175, 2546-2550
MYC	NM_002467.5	codon 1-35, 233-367, 391-455
MYCN	NM_005378.5	codon 1-27, 255-381
NRAS	NM_002524.4	codon 1-88
PDGFRA	NM_006206.5	codon 254-304, 552-586, 632-702, 814-854, 1042-1090
PIK3CA	NM_006218.3	codon 61-109, 316-353, 418-433, 523-554, 678-729, 1009-1069
PTEN*	NM_000314.6	codon 1-404
RET	NM_020975.5	codon 588-664, 762-787, 870-933
RUNX1	NM_001754.4	codon 1-19, 118-169, 197-268, 293-322
TOP2A	NM_001067.3	codon 33-59, 264-296, 580-614, 927-933, 1180-1240, 1428-1489
TP53*	NM_000546.5	codon 1-394
VHL*	NM_000551.3	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.