

Next Generation Sequencing

Ion AmpliSeq™ Custom Panel NGS_MDX_v3 (CL17)

Deze assay omvat alleen de hotspot regio's (regio's die frequent gemuteerd zijn in deze genen) en geeft geen informatie over de complete coderende sequentie van de weergegeven genen.

Een gemiddelde coverage van >100 reads geeft een sensitiviteit van 10% mutant allel.

Gen	Referentie sequentie	Geanalyseerde exonen (codons)
BRAF	NM_004333	15 (582-611)
EGFR	NM_005228	18 (695-726), 19 (729-761), 20 (762-800), 21 (856-875)
ERBB2	NM_004448	20 (770-797)
GNA11	NM_002067	5 (203-219)
GNAQ	NM_002072	5 (206-245)
HRAS	NM_005343	2 (7-35), 3 (59-92)
IDH1	NM_005896	4 (101-138)
IDH2	NM_002168	4 (159-178)
KIT	NM_000222	9 (495-514), 11 (550-587), 13 (628-661), 17 (803-828)
KRAS	NM_004985	2 (6-37), 3 (38-66), 4 (114-150)
MET	NM_000245	14 (964-979, 994-1010), IVS13(-74-1), IVS14(+1-54)
MYD88	NM_002468	5 (260-280)
NRAS	NM_002524	2 (4-31), 3 (43-69), 4 (113-150)
PDGFRA	NM_006206	12 (554-596), 14 (652-668), 18 (831-854)
PIK3CA	NM_006218	10 (523-549), 21 (1018-1051)
AMELX	-	-
AMELY	-	-