

Next Generation Sequencing

Ion AmpliSeq™ Custom Panel NGS_MDX_v4 (CL18)

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_004333.6 | 11 (439-473), 15 (582-611) |
| EGFR | NM_005228.5 | 18 (695-726), 19 (729-761), 20 (762-800), 21 (856-875) |
| ERBB2 | NM_004448.3 | 19 (753-769), 20 (770-797), 21 (840-882) |
| GNA11 | NM_002067.5 | 5 (203-219) |
| GNAQ | NM_002072.5 | 5 (206-245) |
| HRAS | NM_005343.4 | 2 (7-35), 3 (59-92) |
| IDH1 | NM_005896.4 | 4 (101-138) |
| IDH2 | NM_002168.4 | 4 (159-178) |
| KIT | NM_000222.3 | 9 (495-514), 11 (550-587), 13 (628-661), 17 (803-828) |
| KRAS | NM_004985.5 | 2 (6-37), 3 (38-66), 4 (114-150) |
| MET | NM_000245.4 | 14 (964-979, 994-1010), IVS13(-74-1), IVS14(+1-54) |
| MYD88 | NM_002468.5 | 5 (260-280) |
| NRAS | NM_002524.5 | 2 (4-31), 3 (43-69), 4 (113-150) |
| PDGFRA | NM_006206.6 | 12 (554-596), 14 (652-668), 18 (831-854) |
| PIK3CA | NM_006218.4 | 8 (418-422, 450-468), 10 (523-549), 21 (1018-1051) |
| POLE | NM_006231.4 | 9 (268-303), 12 (370-404), 13 (410-439), 14 (454-478) |
| AMELX | - | - |
| AMELY | - | - |