

Next Generation Sequencing

Ion AmpliSeq™ Lung and Colon Research Panel v2 (CL22)

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)
AKT1	NM_005163	3 (17-52)
ALK	NM_004304	22 (1151-1172), 23 (1173-1215), 25 (1252-1278)
BRAF	NM_004333	11 (439-473), 15 (582-611)
CTNNB1	NM_001904	3 (10-48)
DDR2	NM_006182	5 (63-65, 93-135), 8 (228-264), 12 (440-483), 13 (503-537), 14 (577-606), 15 (622-664), 17 (762-789)
EGFR	NM_005228	12 (473-500), 18 (695-726), 19 (729-761), 20 (762-800), 21 (856-875)
ERBB2	NM_004448	19 (753-769), 20 (770-797), 21 (840-882)
ERBB4	NM_005235	3 (137-141), 4 (168-186), 6 (226-247), 7 (255-290), 8 (296-323), 9 (334-367), 15 (581-623), 23 (920-948)
FBXW7	NM_018315	4 (185-207), 7 (299-323), 8 (355-393), 9 (399-429), 10 (487-514)
FGFR1	NM_023110	4 (121-150), 8 (250-275)
FGFR2	NM_000141	7 (251-275, 297-313), 9 (363-399), 12 (546-558)
FGFR3	NM_000142	7 (248-277), 9 (368-402), 14 (632-653), 16 (691-719), 18 (772-807)
KRAS	NM_004985	2 (6-37), 3 (38-66), 4 (114-150)
MAP2K1	NM_002755	2 (44-82)
MET	NM_000245	2 (160-188, 340-378), 14 (964-994), 16 (1088-1114), 19 (1228-1256)
NOTCH1	NM_017617	26 (1566-1602), 27 (1674-1680)
NRAS	NM_002524	2 (4-31), 3 (43-69), 4 (113-150)
PIK3CA	NM_006218	10 (523-549), 14 (677-720), 21 (1018-1051), 21 (1066-1069)
PTEN	NM_000314	1 (1-25), 3 (56-70), 6 (165-184), 7 (213-215, 231-267), 8 (283-300, 313-342)
SMAD4	NM_005359	3 (99-136), 5 (166-202), 6 (242-263), 8 (308-319), 9 (327-265), 10 (384-424), 11 (444-474), 12 (494-532)
STK11	NM_000455	1 (23-64), 4 (192-199), 5 (200-207), 6 (254-285), 8 (318-361)
TP53	NM_000546	2 (1-20), 4 (68-113), 5 (126-138, 150-187), 6 (188-223), 7 (225-258), 8 (263-307), 10 (332-367)