UNTERSUCHUNGSAUFTRAG

CancerPrecision®

Allgemeine Informationen

Zentrum für Humangenetik Tübingen

Patient / Ratsuchender

Name: _____

Vorname: _____

Geburtsdatum: _____

Geschlecht (zum Zeitpunkt der Geburt): ☐ männlich ☐ weiblich

Geschlechtsidentität (falls abweichend von oben):

☐ Frau ☐ Mann ☐ nicht-binär ☐ Weiteres: _____

Externe ID: _____

Einsender / Klinik

Name, Vorname: _____

Einrichtung: _____

Straße: _____

PLZ/Stadt: _____

Telefon: _____

E-Mail: _____

Rechnung

☐ an Patient (KVA-Nr.: _____)

☐ an Einsender / Klinik ☐ an Einsender / Klinik gemäß §116b

☐ GKV (bitte Überweisungsschein Muster 10 beifügen)

Name: _____

Vorname: _____

Straße: _____

PLZ/Stadt: _____

Land: _____

E-Mail: _____

Einwilligungserklärung

Mit dieser Unterschrift bestätige ich nach erfolgter Aufklärung gemäß GenDG und unter Kenntnis meines Widerrufsrechts meine Einwilligung mit der/den genetischen Analyse(n) und der dafür erforderlichen Probenentnahme.

Ich wurde darüber aufgeklärt und stimme zu, dass meine personenbezogenen Daten und die in der Analyse erhobenen Daten unter Beachtung des Datenschutzes und der ärztlichen Schweigepflicht aufgezeichnet, ausgewertet und ggf. in pseudonymisierter Form in wissenschaftlichen Datenbanken gespeichert und der Untersuchungsauftrag oder Teile davon, falls erforderlich, an ein spezialisiertes Kooperationslabor weitergeleitet werden.

Ich willige hiermit ein, dass alle erhobenen Daten vom Zentrum für Humangenetik elektronisch gespeichert, verarbeitet, genutzt und übermittelt werden. Nähere Informationen zum Datenschutz und Ihren diesbezüglichen Rechten unter www.humangenetik-tuebingen.de/datenschutz

Hinweis

Wir aktualisieren unsere Panels in regelmäßigen Abständen gemäß des aktuellen Stands der Wissenschaft. Wir weisen daher darauf hin, dass sich die auf diesem Einsendeformular angegebene Zusammenstellung von Genen eines Gen-Sets zum Zeitpunkt der Laboranalyse geringfügig geändert haben könnte (Hinzunahme/Wegnahme von Genen). Mit der Unterschrift des Arztes auf dem Einsendeformular erklärt sich dieser auch mit einer ggf. geänderten Zusammensetzung des angeforderten Gen-Sets einverstanden.

Wir behalten uns vor, über die zum Einsatz kommende Sequenzier-Technologie (Sanger/NGS) individuell zu entscheiden. Wir weisen darauf hin, dass bei Anforderung von NGS-Panel-Diagnostik aus technischen Gründen mehr als die angeforderten Gene sequenziert werden.

Ich erteile meine Einwilligung zur Anforderung von Befunden und Tumormaterials.

Diese Einwilligungserklärung kann ich jederzeit ohne Angabe von Gründen widerrufen. Ich hatte die notwendige Bedenkzeit.

Als behandelnder Arzt/behandelnde Ärztin bestätige ich, dass ich qualifiziert bin die genetische Diagnostik des o.g. Patienten zu beauftragen.

Sofern der Patient das Einsendeformular nicht unterschrieben hat: Als behandelnder Arzt/behandelnde Ärztin bestätige ich, den Patienten gem. GenDG über die genetische Untersuchung aufgeklärt zu haben und dass mir die Einwilligung des Patienten schriftlich vorliegt.

Minderjährige: Zur genetischen Untersuchung Minderjähriger ist die Einwilligung beider Sorgeberechtigter erforderlich. Mit Ihrer Unterschrift als nach GenDG verantwortliche ärztliche Person erklären Sie, dass Ihnen die Einwilligung aller Sorgeberechtigten vorliegt.

Im Folgenden wird ein Nichtankreuzen wie „Nein“ gewertet.

Mit der Aufbewahrung von Probenmaterial zum Zweck der Nachprüfbarkeit, der Qualitätssicherung bzw. für ergänzende Untersuchungen (für max. 10 Jahre) bin ich einverstanden. ☐ Ja ☐ Nein

Die Untersuchungsergebnisse sollen über die gesetzliche Frist von 10 Jahren hinaus aufbewahrt werden. ☐ Ja ☐ Nein

Mit der Aufbewahrung und Verwendung von Untersuchungsmaterial und/oder Befunden für wissenschaftliche Zwecke inkl. Publikationen in pseudonymisierter Form bin ich einverstanden. ☐ Ja ☐ Nein

Über Zusatzbefunde möchte ich:

☐ informiert werden ☐ NICHT informiert werden

In seltenen Fällen können genetische Veränderungen nachgewiesen werden, die nicht im Zusammenhang mit dem Untersuchungsauftrag stehen (sog. Zusatzbefunde). Das Berichten solcher Zusatzbefunde beschränkt sich auf pathogene Veränderungen (ACMG Klassen 4 und 5) in ausgewählten Genen, für die eine Behandlungskonsequenz für den Patient/die Patientin oder die Familie besteht (orientiert an den aktuell gültigen Richtlinien des American College of Medical Genetics and Genomics; Details zu den Genen und assoziierten Erkrankungen sind auf unserer Homepage gelistet: www.humangenetik-tuebingen.de/acmg-gene). Ein Anspruch auf eine vollständige Analyse dieser Gene besteht nicht. Sollten keine Zusatzbefunde erhoben werden, bedeutet dies keinen Ausschluss entsprechender Risiken.

Bei der veranlassten Analyse wird auch Keimbahngewebe (i.d.R. Leukozyten-DNA) untersucht. Trotz unauffälliger Familienanamnese ist es möglich, dass eine klinisch relevante Keimbahnvariante detektiert wird. Diese kann für die Therapie, aber ggf. auch für die Tumornachsorge, weitere Tumorvorsorge, sowie für Familienangehörige von Relevanz sein. Wir berichten daher grundsätzlich über klinisch relevante Keimbahnvarianten (therapierelevante bzw. pathogene/wahrsch. pathogene Veränderungen) in ausgewählten Genen, sofern nicht explizit widersprochen wird. Die Ergebnisse sollten im Rahmen einer genetischen Beratung besprochen werden.

Nach deutschem GenDG wird der Befund der genetischen Untersuchung dem aufklärenden Arzt übermittelt. Bitte geben Sie hier die E-Mail-Adresse des aufklärenden Arztes an:

E-Mail: _____

Patient / Vertreter
(Druckbuchstaben)

X

Patient / Vertreter
(Datum, Unterschrift)

Arzt
(Druckbuchstaben)

X

Arzt
(Datum, Unterschrift)

DAkkS Deutsche Akkreditierungsstelle D-ML-21320-01-00

Das Zentrum für Humangenetik Tübingen ist von der deutschen Akkreditierungsstelle nach DIN EN ISO 15189:2014 akkreditiert.

Arztstempel / Klinik ggf. Barcode

UNTERSUCHUNGSAUFTRAG

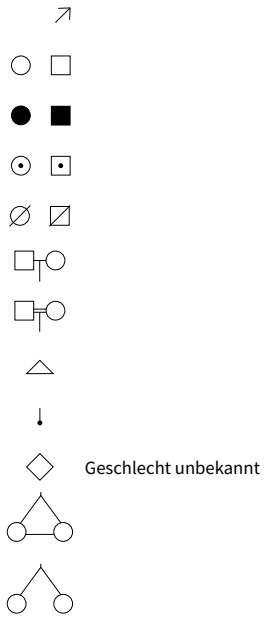
CancerPrecision®

Indikation und Anamnese

Zentrum für Humangenetik Tübingen

Für die gezielte Bearbeitung bitten wir Sie, den Anamnesebogen so ausführlich wie möglich auszufüllen und die Ihnen vorliegenden Arztbriefe und Befunde in Kopie beizulegen.

Indikation / Verdachtsdiagnose / Krankheitsverlauf / Stammbaum



Bereits veranlasste/durchgeführte somatische Genanalysen

☐ **Arztbrief beigelegt**

☐ **Befund der Pathologie/Zytologie/Zytogenetik/Durchflußzytometrie**

Transplantationen (Knochenmark, Gewebe, Stammzellen) ☐ Nein ☐ Ja, (bitte spezifizieren) _____

Untersuchungsmaterial: Liquid biopsy (cfDNA) **(Keine GKV-Leistung)**

Bei Liquid biopsy Proben handelt es sich um Probenmaterial dessen Abnahme nur mittels spezieller, die zellfreie DNA stablisierender, Entnahmeröhren erfolgen kann. Sollten Sie eine Untersuchung über cfDNA planen, so verwenden Sie bitte derartige Röhrchen. Wir stellen diese gern zur Verfügung, nehmen Sie bitte hierfür rechtzeitig mit uns Kontakt auf (info@humangenetik-tuebingen.de).

Bitte beachten Sie, dass bei geringem Tumor-DNA-Anteil (< 20%) die Analyse nicht oder nur sehr eingeschränkt durchführbar ist.

☐ 3x 10ml cfDNA Tubes

Untersuchungsmaterial Tumor (mindestens 20 % Tumorgehalt)

☐ FFPE (Formalin-Fixed, Paraffin-Embedded)

Blocknummer (bei FFPE): _____

☐ Objektträger (mindestens 10 Slides)

☐ Tumor DNA (>200 ng DNA)

☐ Tumorprobe gefroren

☐ Tumorprobe in RNAlater

☐ EDTA-Knochenmark, Anteil der neoplastischen Zellen: _
(essentiell für die Diagnostik)

☐ Tumorprobe von _____

anfordern bei: _____

Angaben zum eingesendeten Tumorgewebe

Beim eingesendeten Tumormaterial handelt es sich um:

☐ Primärtumor

☐ Metastase; Angaben zum Primärtumor:

_____

Gewebe: _____

Tumorstadium/Zytogenetik: _____

Datum Tumorresektion: _____

Tumorgehalt: _____ %

Untersuchungsmaterial Normalgewebe

Blut ____ ml (1-2 ml EDTA-Blut)

DNA ____ µg (>2 µg DNA, Konzentr. ≥ 50ng/µl): _____

DNA-Nummer: _____

☐ Speichelprobe

☐ Hautstanze

☐ Mundschleimhaut

☐ Fibroblastenkultur

☐ Sonstiges:

_____

Zentrum für Humangenetik Tübingen

❑ **Somatische Tumordiagnostik (CancerPrecision®, TUM01):**

- Vergleich zwischen Tumor und Normalgewebe mittels Panel-Sequenzierung mit hoher Abdeckung
- Validierte Liste von Varianten mit potentieller therapeutischer Relevanz
- Behandlungsoptionen basierend auf identifizierten somatischen Varianten
- TMB-Bestimmung/MSI-Vorhersage/HRD-Berechnung
- Erkennung von HPV- und EBV-Integrationsereignissen
- Graphische Darstellung von tumorrelevanten Signalwegen
- Detektion von Kopienzahlveränderungen (CNV Analyse) und graphische Darstellung
- Detaillierte Auflistung relevanter Medikamente inkl. Zulassungsbedingungen der FDA/EMA
- Detektion ausgewählter pharmakogenetisch relevanter Keimbahnvarianten

❑ **RNA-basierte Fusionstranskript-Analyse (STR01):**

Gezielte Anreicherung relevanter Regionen auf RNA-Basis zum Nachweis von Fusionen und Translokationen. Erkannte Strukturvarianten werden in den medizinischen Bericht aufgenommen.

Angeforderte Analyse:

Sofern mehrere Tumorproben eingeschickt werden (z.B. FFPE-Probe und Liquid Biopsy / mehrere FFPE-Proben von unterschiedlichen Tumoren, Metastasen, etc.) bitte die Proben spezifizieren für die die Untersuchung angefordert ist:

❑ **Untersuchung mehrerer Tumorproben parallel (TUM01DB „double best"). Angeforderte Proben: _____**

❑ **FFPE Tumorprobe _____ als primäres Probenmaterial. Die anderen dienen als Backup.**

❑ **Liquid Biopsy als primäres Probenmaterial. Die anderen dienen als Backup.**

Immunhistochemische Untersuchung (IHC) (es fallen zusätzliche Kosten an):

Die IHC Untersuchung wird extern durchgeführt.
Bitte beachten: Die IHC Untersuchung erfordert zusätzliche FFPE Schnitte. Dies ist nicht notwendig, wenn ein FFPE Block eingesandt wurde.

❑ **PD-L1**

IHC Färbung für: PD-L1 (1 zusätzlicher FFPE Schnitt)

Zusätzliche Untersuchungen

❑ **Methylierung des MGMT-Promotors** (3-5 zusätzliche FFPE Schnitte)

❑ **Pharmakogenetik (PGX) (Keine GKV-Leistung)**
Ich möchte einen zusätzlichen Befund erhalten bei dem genetische Veränderungen, die die Wirkung von Arzneimitteln beeinflussen, berichtet werden. Details finden Sie auf unserer Website: www.humangenetik-tuebingen.de/pgx

Anmerkungen / Zusätzliche Untersuchungen:

Für Rückfragen und Beratung stehen wir Ihnen gern jederzeit zur Verfügung.
Bitte wenden Sie sich an unser Diagnostik-Support-Team.

www.humangenetik-tuebingen.de/diagnostic-support
diagnostic-support@humangenetik-tuebingen.de
Telefon 07071 565 44 00

Zentrum für Humangenetik Tübingen

Genliste (787 Gene, TUM01) für DNA-basierte Analyse

ABCB1, ABCG2, ABL1, ABL2, ABRAXAS1, ACD, ACVR1, ACVR2A, ADGRA2, ADRB1, ADRB2, AIP, AIRE, AJUBA, AKT1, AKT2, AKT3, ALK, ALOX12B, AMER1, ANKRD26, APC, APLNR, APOBEC3A, APOBEC3B, AR, ARAF, ARFRP1, ARHGAP35, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, ASXL1, ASXL2, ATM, ATR, ATRX, AURKA, AURKB, AURKC, AXIN1, AXIN2, AXL, B2M, B4GALNT1, BAP1, BARD1, BAX, BCHE, BCL10, BCL11A, BCL11B, BCL2, BCL2L1, BCL2L11, BCL3, BCL6, BCL9, BCOR, BCORL1, BCR, BIRC2, BIRC3, BIRC5, BLM, BMI1, BMPR1A, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRD3, BRD4, BRD7, BRIP1, BTK, BTN3A1, BUB1B, CACNA1S, CALR, CARD11, CASP8, CBFB, CBL, CBLB, CBLC, CCDC6, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CD274, CD276, CD70, CD79A, CD79B, CD82, CDC42, CDC73, CDH1, CDH11, CDH2, CDH3, CDH5, CDK1, CDK12, CDK2, CDK4, CDK5, CDK6, CDK8, CDKN1A, CDKN1B, CDKN1C, CDKN2A, CDKN2B, CDKN2C, CEACAM5, CEBPA, CENPA, CEP57, CFTR, CHD1, CHD2, CHD4, CHEK1, CHEK2, CIC, CIITA, CLDN18, CNKSR1, COL1A1, COMT, COQ2, CREB1, CREBBP, CRKL, CRLF2, CRTC1, CSF1R, CSF3R, CSMD1, CSNK1A1, CTAG1B, CTCF, CTLA4, CTNNA1, CTNNB1, CTR9, CTRC, CUL3, CUX1, CXCR4, CYLD, CYP1A2, CYP2A7, CYP2B6, CYP2C19, CYP2C8, CYP2C9, CYP2D6, CYP3A4, CYP3A5, CYP4F2, DAXX, DCC, DDB2, DDR1, DDR2, DDX11, DDX3X, DDX41, DHFR, DICER1, DIS3L2, DLL3, DNMT1, DNMT3A, DOT1L, DPYD, E2F3, EED, EFL1, EGFR, EGLN1, EGLN2, EIF1AX, ELAC2, ELF3, EME1, EML4, EMSY, EP300, EPAS1, EPCAM, EPHA2, EPHA3, EPHB4, EPHB6, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ERCC1, ERCC2, ERCC3, ERCC4, ERCC5, ERG, ERRFI1, ESR1, ESR2, ETNK1, ETV1, ETV4, ETV5, ETV6, EWSR1, EXO1, EXT1, EXT2, EZH1, EZH2, EZHIP, F3, FAN1, FANCA, FANCB, FANCC, FANCD2, FANCE, FANCF, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FAS, FAT1, FBXO11, FBXW7, FEN1, FES, FGF10, FGF14, FGF19, FGF2, FGF23, FGF3, FGF4, FGF5, FGF6, FGF9, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FH, FLCN, FLI1, FLT1, FLT3, FLT4, FOLH1, FOLR1, FOXA1, FOXE1, FOXL2, FOXO1, FOXQ1, FRK, FRS2, FUS, FYN, G6PD, GALNT12, GATA1, GATA2, GATA3, GATA4, GATA6, GGT1, GLI1, GLI2, GLI3, GNA11, GNA13, GNAQ, GNAS, GNB3, GPC3, GPER1, GREM1, GRIN2A, GRM3, GSK3A, GSK3B, GSTP1, H3-3A, H3-3B, H3C1, H3C2, H3C3, HABP2, HAVCR2, HCK, HDAC1, HDAC2, HDAC6, HGF, HIF1A, HLA-A, HLA-B, HLA-C, HLA-DPA1, HLA-DPB1, HLA-DQA1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DRB1, HMGA2, HMGCR, HMGN1, HNF1A, HNF1B, HOXB13, HRAS, HSD3B1, HSP90AA1, HSP90AB1, HTR2A, ICOSLG, ID2, ID3, IDH1, IDH2, IDO1, IFNGR1, IFNGR2, IFNL3, IGF1, IGF1R, IGF2, IGF2R, IKBKB, IKBKE, IKZF1, IKZF3, IL1B, IL1RN, IL7R, INPP4A, INPP4B, INPPL1, INSR, IRF1, IRF2, IRS1, IRS2, IRS4, ITPA, JAK1, JAK2, JAK3, JUN, KAT6A, KDM5A, KDM5C, KDM6A, KDR, KEAP1, KIAA1549, KIF1B, KIT, KLF2, KLF4, KLHL6, KLLN, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, KRAS, KSR1, LAG3, LAMP1, LATS1, LATS2, LCK, LIG4, LIMK2, LRP1B, LRRK2, LTK, LYN, LZTR1, MAD2L2, MAF, MAGEA1, MAGEA12, MAGEA3, MAGEA4, MAGEA8, MAGI1, MAGI2, MAML1, MAP2K1, MAP2K2, MAP2K3, MAP2K4, MAP2K5, MAP2K6, MAP2K7, MAP3K1, MAP3K13, MAP3K14, MAP3K3, MAP3K4, MAP3K6, MAP3K8, MAPK1, MAPK11, MAPK12, MAPK14, MAPK3, MAX, MBD4, MC1R, MCL1, MDC1, MDH2, MDM2, MDM4, MECOM, MED12, MEF2B, MEN1, MERTK, MET, MGA, MGMT, MITF, MLH1, MLH3, MLLT10, MLLT3, MMP2, MMS22L, MN1, MPL, MRE11, MS4A1, MSH2, MSH3, MSH4, MSH5, MSH6, MSLN, MSR1, MST1R, MTAP, MTHFR, MTOR, MT-RNR1, MTRR, MUC1, MUTYH, MXI1, MYB, MYC, MYCL, MYCN, MYD88, MYH11, MYH9, MYOD1, NAT2, NBN, NCOA1, NCOA3, NCOR1, NF1, NF2, NFE2L2, NFKB1, NFKB2, NFKBIA, NFKBIE, NIN, NKX2-1, NLRC5, NOTCH1, NOTCH2, NOTCH3, NOTCH4, NPM1, NQO1, NR1I3, NRAS, NRG1, NSD1, NSD2, NSD3, NT5C2, NTHL1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUDT15, NUMA1, NUP98, NUTM1, OBSCN, OPRM1, PAK1, PAK3, PAK4, PAK5, PALB2, PALLD, PARP1, PARP2, PARP4, PAX3, PAX5, PAX7, PBK, PBRM1, PBX1, PDCD1, PDCD1LG2, PDGFA, PDGFB, PDGFC, PDGFD, PDGFRA, PDGFRB, PDK1, PDPK1, PGR, PHF6, PHOX2B, PIAS4, PIGA, PIK3C2A, PIK3C2B, PIK3C2G, PIK3CA, PIK3CB, PIK3CD, PIK3CG, PIK3R1, PIK3R2, PIK3R3, PIM1, PLCG1, PLCG2, PLK1, PMEL, PML, PMS1, PMS2, POLB, POLD1, POLE, POLH, POLQ, POR, POT1, PPARG, PPM1D, PPP2R1A, PPP2R2A, PRAME, PREX2, PRKAR1A, PRKCA, PRKCI, PRKDC, PRKN, PRMT5, PRR4, PSMB1, PSMB10, PSMB2, PSMB5, PSMB8, PSMB9, PSMC3IP, PSME1, PSME2, PSME3, PTCH1, PTCH2, PTEN, PTGS2, PTK2, PTK7, PTPN11, PTPN12, PTPRC, PTPRD, PTPRS, PTPRT, RABL3, RAC1, RAC2, RAD21, RAD50, RAD51, RAD51B, RAD51C, RAD51D, RAD54B, RAD54L, RAF1, RALGDS, RARA, RASA1, RASAL1, RB1, RBM10, RECQL4, REST, RET, RFWD3, RFX5, RFXANK, RFXAP, RHBDF2, RHEB, RHOA, RICTOR, RIF1, RINT1, RIPK1, RIT1, RNASEL, RNF43, ROS1, RPS20, RPS6KB1, RPS6KB2, RPTOR, RSF1, RSPO1, RSPO2, RSPO3, RSPO4, RUNX1, RYR1, SAMHD1, SAV1, SBDS, SCG5, SDHA, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, SEC23B, SERPINB9, SETBP1, SETD2, SETDB1, SF3B1, SGK1, SH2B3, SHH, SHLD2, SIK2, SKP2, SLC19A1, SLC26A3, SLC45A2, SLCO1B1, SLFN11, SLIT2, SLX4, SMAD3, SMAD4, SMARCA2, SMARCA4, SMARCB1, SMARCE1, SMC1A, SMC3, SMO, SOCS1, SOS1, SOX11, SOX2, SOX9, SPEN, SPINK1, SPOP, SPRED1, SRC, SRD5A2, SRGAP1, SRSF2, SSTR2, SSX1, STAG2, STAT1, STAT3, STAT5A, STAT5B, STK11, SUCLG2, SUFU, SUZ12, SYK, TACSTD2, TAF1, TAF15, TAP1, TAP2, TAPBP, TBK1, TBX3, TCF3, TCF4, TCL1A, TEK, TERC, TERF2IP, TERT, TET1, TET2, TFE3, TGFB1, TGFBR2, TMEM127, TMPRSS2, TNFAIP3, TNFRSF13B, TNFRSF14, TNFRSF8, TNFSF11, TOP1, TOP2A, TP53, TP53BP1, TP63, TPMT, TPX2, TRAF2, TRAF3, TRAF5, TRAF7, TRIM28, TRRAP, TSC1, TSC2, TSHR, TTK, TYMS, U2AF1, UBE2T, UBR5, UGT1A1, UGT2B15, UGT2B7, UIMC1, USP9X, VEGFA, VEGFB, VHL, VKORC1, VTCN1, WRN, WT1, XIAP, XPA, XPC, XPO1, XRCC1, XRCC2, XRCC3, XRCC5, XRCC6, YAP1, YES1, ZFHX3, ZNF217, ZNF703, ZNRF3, ZRSR2

DNA-basierte Detektion von ausgewählten strukturellen Veränderungen in den Genen

ALK, BCL2, BCOR, BCR, BRAF, BRD4, CDKN2A, CDKN2B, EGFR, ERG, ETV4, ETV6, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FUS, MET, MSH2, MYB, MYC, NFE2L2, NOTCH2, NRG1, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PAX3, PDGFB, RAF1, RARA, RET, ROS1, SSX1, SUZ12, TAF15, TCF3, TFE3, TMPRSS2

☐ **Analyse Mikrosatelliteninstabilität (MSI) via PCR**
(Marker: BAT25, BAT26, NR21, NR22, NR27)

RNA-basierte Fusionstranskriptanalyse (STR01)

Genliste für *de-novo* Fusionstranskripterkennung:

ABL1, ACTB, AFAP1, AGK, AKAP4, AKAP9, AKAP12, AKT1, AKT2, AKT3, ALK, ARHGAP6, ARHGAP26, ASPL, ASPSCR1, ATF1, ATP1B1, ATRX, AVIL, AXL, BAG4, BCL2, BCOR, BCORL1, BCR, BEND2, BICC1, BRAF, BRD3, BRD4, c11orf95, CAMTA1, CCAR2, CCDC6, CCDC88A, CCDC170, CCNB3, CCND1, CD44, CD74, CEP85L, CIC, CLDN18, CLIP1, CLTC, CNTRL, COL1A1, CREB1, CREB3L1, CREB3L2, CRTC1, CTNNB1, DDIT3, DNAJB1, EGFR, EML4, EPC1, EPCAM, ERBB2, ERBB4, ERG, ESR1, ESRRA, ETV1, ETV4, ETV5, ETV6, EWSR1, EZR, FEV, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLI1, FN1, FOXO1, FOXO4, FOXR2, FUS, GLI1, GOPC, GPR128, HEY1, HMGA2, HTRA1, IGF1R, INSR, JAK2, JAZF1, KIAA1549, KIF5B, KIT, LEUTX, LMNA, LPP, LTK, MAGI3, MAML1, MAML2, MAML3, MAMLD1, MAP3K8, MARS1, MAST1, MAST2, MEAF6, MET, MGA, MGMT, MITF, MKL2, MN1, MSH2, MYB, MYBL1, MYC, NAB2, NCOA1, NCOA2, NCOA3, NCOA4, NFATC2, NFIB, NOTCH2, NPM1, NR4A3, NRG1, NRG2, NSD3, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PAX3, PAX7, PAX8, PBX1, PDGFB, PDGFD, PDGFRA, PDGFRB, PHF1, PIK3CA, PLAG1, PML, POU5F1, PPARG, PPARGC1A, PPP1CB, PRKACA, PRKAR1A, PRKCA, PRKCB, PRKD1, PRKD2, PRKD3, PTPRZ1, QKI, RAD51B, RAF1, RANBP2, RARA, RELA, RELCH, RET, ROS1, RPS6KB1, RREB1, RSPO2, RSPO3, SDC1, SDC4, SH3PXD2A,SLC1A2, SHTN1, SLC34A2, SLC44A1, SLC45A3, SND1, SQSTM1, SS18, SSX1, SSX2, SSX4, STAT6, STRN, SUZ12, TACC1, TACC2, TACC3, TAF2N, TAF15, TCF3, TCF12, TERT, TFE3, TFEB, TFG, THADA, TMPRSS2, TPM3, TPR, TRIM24, TRIM33, TRIO, TTYH1, VGLL2, VGLL3, VMP1, WT1, WWTR1, YAP1, YWHAE, ZC3H7B, ZMYM2, ZNF703

Genliste für ausgewählte Bruchpunkte in diesen Fusiongenen:

AFAP1-NTRK2, ALK, ATP1B1-NRG1, BCOR-CCNB3, BRD3-NUTM1, BRD4-NUTM1, CCDC6–RET, CCDC88A-ALK, CD74-NRG1, CD74-ROS1, CLTC-ALK, DNAJB1-PRKACA, EGFR-PPARGC1A, EML4-ETV6-NTRK2, ETV6-NTRK3, EWSR1-ATF1, EWSR1-ERG, EWSR1-FLI1, EWSR1-WT1, EZR-ROS1, FGFR1-TACC1, FGFR2-BICC1, FGFR2-TACC3, FGFR3-TACC3, KIAA1549-BRAF, KIF5B-ALK, KIF5B–RET, MGA-NUTM1, NAB2-STAT6, NCOA4–RET, NPM1-ALK, NSD3-NUTM1, PAX3-FOXO1, PAX7-FOXO1, PPP1CB-ALK, PRKAR1A-RET, QKI-NTRK2, RANBP2-ALK, RPS6KB1–VMP1, SDC4-NRG1, SDC4-ROS1, SLC34A2-ROS1, SND1-BRAF, SS18-SSX1, SS18-SSX2, STRN-ALK, TMPRSS2-ERG, TPM3-ALK, TPM3-NTRK1, TPM3-ROS1, TPR-NTRK1, TRIM24-BRAF, TRIM24-NTRK2, TRIM33-RET, TRIO-TERT

Liste für spezifische Transkriptvarianten:

EGFR del ex2-3, EGFR del ex2-4, EGFR del ex2-14, EGFR del ex2-22 (mLEEK), EGFR del ex5-6, EGFR del ex6-7, EGFR del ex9, EGFR del ex9-10, EGFR del ex10, EGFR del ex12, EGFR del ex25-26, EGFR del ex25-27, EGFR del ex26-27, EGFR VII, EGFR VIII, ERBB2 ex 16 skipping, FGFR2IIIb, MET ex14 skipping, NFE2L2 ex 2 skipping, PDGFRA del ex 8-9