Allgemeine Informationen



Patient / Ratsuchender		Einsender / Klinik	ζ.		
Name:		Name:			
Vorname:		Vorname:			
Geburtsdatum:		Einrichtung:			
Geschlecht: ☐ männlich ☐ weiblich		Straße:			
Externe ID:		PLZ/Stadt:			
		Land:			
Einwilligungserklärung Mit dieser Unterschrift bestätige ich nach erfolgter Aufklärung gemäß GenDG und unter Kenntnis meines Widerrufsrechts meine Einwilligung mit der/den genetischen Analyse(n)		Telefon:			
und der dafür erforderlichen Probenentnahme. Ich wurde darüber aufgeklärt und stimme zu, dass meine personenbezogenen Daten		E-Mail:			
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 bin einverstanden, dass meine Untersuchungsergebnisse innerhalb des Aufbewahrungszeitraumes neu bewertet werden können. Bei Änderungen wird mein Arzt per E-Mail informiert.		USt-IdNr.: Sofern Sie eine Umsatzst	teuer-Identifikationsnummer besitzen, geben S	Sie diese bitte an.	
		Rechnung	□ an Einsender / Klinik□ an Patient:(KVA-Nr.:)
		Name:			
	rhobenen Daten von der CeGaT GmbH genutzt und übermittelt werden. Nähere	Vorname:			
	d Ihren diesbezüglichen Rechten unter	Straße:			
Hinweis		PLZ/Stadt:			
	äßigen Abständen gemäß des aktuellen Stands inn, dass sich die auf diesem Einsendeformular	Land:			
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.		E-Mail:			
		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.			
Ich erteile meine Einwilligung zur Anforderung von Befunden und Tumormaterial.		10 Jahren hinaus aufbev	vahrt werden.	□ Ja □	1 Nein
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. Bei Diagnostik für Minderjährige bestätige ich das Vorliegen des Einverständnisses aller Sorgeberechtigen.		Mit der Aufbewahrung und Verwendung von Untersuchungsmaterial und/oder Befunden für wissenschaftliche Zwecke inkl. Publikationen in pseudonymisierter Form bin ich einverstanden.			
		. ,	e möchte ich informiert werden:		Nein
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.		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: https://www.cegat.de/acmg-gene/). Ein Anspruch auf eine vollständige Analyse dieser Gene besteht nicht. Sollten keine Zusatzbefunde erhoben werden, bedeutet dies keinen Ausschluss entsprechender Risiken.			
Patient / Vertreter (Druckbuchstaben) X Patient / Vertreter (Datum, Unterschrift)	Arzt (Druckbuchstaben) X Arzt (Datum, Unterschrift)	untersucht. Trotz unauff relevante Keimbahnvaria die Tumornachsorge, wei sein. Wir berichten dal (therapierelevante bzw. p	fälliger Familienanamnese ist es mög ante detektiert wird. Diese kann für die Th itere Tumorvorsorge, sowie für Familiena her grundsätzlich über klinisch releva bathogene/wahrsch. pathogene Verändei izit widersprochen wird. Die Ergebnisse	ılich, dass eine erapie, aber ggf. a angehörige von Re ante Keimbahnva rungen) in ausgev	klinisch auch für elevanz arianten wählten
Arztstempel / Klinik ggf. Barcod	de		OG wird der Befund der genetischen U ttelt. Bitte geben Sie hier die E-Mail-A		
		E-Mail:			
		(DAkks	ACCREDITED A	eGaT ist von der deut kkreditierungsstelle DIN EN ISO 15189: em College of Amer	nach :2014,





CeGaT ist von der deutschen Akkreditierungsstelle nach DIN EN ISO 15189:2014, dem College of American Pathologists (CAP) sowie CLIA akkreditiert.





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 nicht betroffen betroffen Überträger □ TO Elternpaar Bereits veranlasste/durchgeführte somatische Genanalysen Verwandtenehe Schwangerschaft Abort, Totgeburt Geschlecht unbekannt Eineiige Zwillinge □ Arztbrief beigelegt Zweieiige Zwillinge ☐ Befund der Pathologie/Zytologie/Zytogenetik/Durchflußzytometrie Transplantationen (Knochenmark, Gewebe, Stammzellen)

Nein Ja, (bitte spezifizieren) ____ **Untersuchungsmaterial Normalgewebe** Hautstanze Blut ml (1-2 ml EDTA-Blut) Mundschleimhaut DNA ____ μg (>2 μg DNA, Konzentr. ≥ 50ng/μl): _____ Fibroblastenkultur ■ Sonstiges: DNA-Nummer: ___ □ Speichelprobe Untersuchungsmaterial Tumor (mindestens 20 % Tumorgehalt) ☐ FFPE (Formalin-Fixed, Paraffin-Embedded) □ EDTA-Knochenmark, Anteil der neoplastischen Zellen: _____ (essentiell für die Diagnostik) Blocknummer (bei FFPE): ___ ☐ Tumorprobe von ______ ☐ Objektträger (mindestens 10 Slides) anfordern bei: ___ Tumor DNA (>200 ng DNA) und zugehörige Tumor-RNA (> 200 ng RNA) Primärtumor □ Tumorprobe gefroren Metastase; Angaben zum Primärtumor: □ Tumorprobe in RNAlater Liquid biopsy (cfDNA) - 3x 10ml cfDNA Tubes Bei Liquid biopsy Proben handelt es sich um Probenmaterial des-Gewebe: ___ sen Abnahme nur mittels spezieller, die zellfreie DNA stablisieren-Tumorstadium/Zytogenetik: der, Entnahmeröhren erfolgen kann. Sollten Sie eine Untersuchung über cfDNA planen, so verwenden Sie bitte derartige Röhrchen. Datum Tumorresektion: Wir stellen diese gern zur Verfügung, nehmen Sie bitte hierfür rechtzeitig mit uns Kontakt auf (sales@cegat.de). Tumorgehalt: ___ Bitte beachten Sie, dass bei geringem Tumor-DNA-Anteil (<20%) die Bitte beachten Sie: Analyse nicht oder nur sehr eingeschränkt durchführbar ist. • Minimaler Tumoranteil 20% - ein höherer Tumorgehalt ist vorteilhaft für die Analyse • Bitte geben Sie die aktuellste/wichtigste Gewebeprobe an

Untersuchungsauftrag



☐ CancerNeo® (Tumor Neoantigen Vorhersage, TUM02NA)

- Exom-Sequenzierung von Tumor- und Normalgewebe
- Detaillierte Bewertung der behandlungsrelevanten Varianten, die in 749 tumorrelevanten Genen entdeckt wurden.
- · Medizinischer Bericht mit
 - Validierter Liste von Varianten mit potenzieller therapeutischer Relevanz
 - Behandlungsmöglichkeiten auf der Grundlage somatischer Varianten
 - TMB-Bestimmung/MSI-Vorhersage
 - Umfassende Darstellung krebsrelevanter Signalwege
 - Erkennung von Kopienzahl-Varianten (CNVs)
- Sequenzierung des Tumor-Transkriptoms
- HLA-Klasse-I-Typisierung und HLA-Klasse-II-Typisierung
- Vorhersage von Peptidepitopen (Neoepitope) der HLA-Klasse I, die tumorspezifische Varianten überspannen
- Auswahl der relevantesten Neoepitope, die auf den HLA-Klasse I und HLA-Klasse II binden
- Zweiter medizinischer Bericht mit ausgewählten Peptiden für die Impfstoffentwicklung

CancerFusionRx® (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.

□ Pharmakogenetik (PGX) (22 Gene, es fallen zusätzliche Kosten an)

ABCG2, CACNA1S, CYP2B6, CYP2C19, CYP2C9, CYP2D6, CYP3A4,
CYP3A5, CYP4F2, DPYD, G6PD, HLA-A, HLA-B, IFNL3, MT-RNR1, NUDT15,
POR, RYR1, SLCO1B1, TPMT, UGT1A1, VKORC1

Ich möchte einen zusätzlichen Befund erhalten bei dem genetische Veränderungen in 22 Genen, die die Wirkung von Arzneimitteln beeinflussen, berichtet werden.

☐ Zusätzliche Panel-Sequenzierung (TUM01) (es fallen zusätzliche Kosten an)

Der medizinische Bericht wird auf der Grundlage der TUM01-Panel-Sequenzierung erstellt. Die Panel-Sequenzierung beinhaltet 749 tumorrelevante Gene, einschließlich ausgewählter Fusionen in 33 Genen. Die zusätzliche Panel-Sequenzierung ändert den Bericht inhaltlich nicht, ermöglicht aber eine viel höhere Abdeckung, die es erlaubt, subklonale Varianten zu erkennen.

Immunhistochemie-Analysen (IHC) (es fallen zusätzliche Kosten an) Die IHC-Analysen werden ggf. extern durchgeführt. Hinweis: IHC-Färbung erfordert zusätzliche Tumorobjektträger. □ PD-L1 IHC-Färbung von PD-L1 (1 zusätzlicher Objektträger) □ HLA Klasse I und II IHC-Färbung von MHCI/MHCII (2 zusätzliche Objektträger) □ IHC-Färbung von CAR T-ZeII-Panel: IHC-Färbung von GD2, EGFR, IL13Ralpha, CD276, HER2, PSMA, ROR1, CD47 (10 zusätzliche Objektträger) □ Methylierung des MGMT-Promotors (3 zusätzliche Objektträger)

lm	pfeinrichtung:
	CancerNeo® unterstützt das Design von Krebsimpfstoffen, die die Reaktion des Immunsystems auf Krebszellen stärken.
	Bitte beachten Sie: Während das Angebot von CeGaT darin besteht, die in einer personalisierten Krebsimpfung verwendeten Neoantigene zu identifizieren, ist die Herstellung des Impfstoffs sowie die Vakzinierung nicht Teil des Angebots von CeGaT. Um sicherzustellen, dass Sie sich dessen bewusst sind, möchten wir uns darüber informieren, wo die Vakzinierung durchgeführt wird:
	Ich möchte den Namen der Impfeinrichtung nicht angeben
	Die Impfeinrichtung ist:
An	nmerkungen:

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

www.cegat.de/diagnostic-support · diagnostic-support@cegat.de · Telefon +49 (0) 7071 565 44-55

Genlisten



Genliste für DNA-basierte Analyse (749 Gene, CancerPrecision®, TUM01)

AAK1, ABCB1, ABCG2, ABL1, ABL2, ABRAXAS1, ACD, ACVR1, ADGRA2, ADRB1, ADRB2, AIP, AIRE, AJUBA, AKT1, AKT2, AKT3, ALK, ALOX12B, AMER1, ANKRD26, APC, APLNR, APOBEC3A, APOBEC3B, AR, ARAF, ARHGAP35, ARID1A, ARID1B, ARID2, ARID5B, ASXL1, ASXL2, ATM, ATR, ATRX, AURKA, AURKB, AURKC, AXIN1, AXIN2, AXL, B2M, BAP1, BARD1, BAX, BCHE, BCL10, BCL11A, BCL11B, BCL2, BCL3, BCL6, BCL9, BCL9L, BCOR, BCORL1, BCR, BIRC2, BIRC3, BIRC5, BLM, BMI1, BMPR1A, BRAF, BRCA1, BRCA2, BRD3, BRD4, BRD7, BRIP1, BTK, BUB1B, CALR, CAMK2G, CARD11, CASP8, CBFB, CBL, CBLB, CBLC, CCDC6, CCND1, CCND2, CCND3, CCNE1, CD274, CD79A, CD79B, CD82, CDC73, CDH1, CDH11, CDH2, CDH5, CDK1, CDK12, CDK4, CDK5, CDK6, CDK8, CDKN1A, CDKN1B, CDKN1C, CDKN2A, CDKN2B, CDKN2C, CEBPA, CENPA, CEP57, CFTR, CHD1, CHD2, CHD4, CHEK1, CHEK2, CIC, CIITA, CKS1B, CNKSR1, COL1A1, COMT, COQ2, CREB1, CREBBP, CRKL, CRLF2, CRTC1, CSF1R, CSF3R, CSMD1, CSNK1A1, CTCF, CTLA4, CTNNA1, CTNNB1, CTR9, CTRC, CUX1, CXCR4, CYLD, CYP1A2, CYP2A7, CYP2B6, CYP2C19, CYP2C8, CYP2C9, CYP2D6, CYP3A4, CYP3A5, CYP4F2, DAXX, DCC, DDB2, DDR1, DDR2, DDX11, DDX3X, DDX41, DEK, DHFR, DICER1, DIS3L2, DNMT1, DNMT3A, DOT1L, DPYD, E2F3, EBP, 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, 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, FGFBP1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FH, FLCN, FLI1, FLT1, FLT3, FLT4, FOXA1, FOXE1, FOXL2, FOXO1, FOXP1, FOXQ1, FRK, FRS2, FUBP1, 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, H3C2, HABP2, 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, ID2, ID3, IDH1, IDH2, IDO1, IFNGR1, IFNGR2, IGF1R, IGF2, IGF2R, IKBKB, IKBKE, IKZF1, IKZF3, IL1B, IL1RN, ING4, INPP4A, INPP4B, INPPL1, INSR, IRF1, IRF2, IRS1, IRS2, ITPA, JAK1, JAK2, JAK3, JUN, KAT6A, KDM5A, KDM5C, KDM6A, KDR, KEAP1, KIAA1549, KIF1B, KIT, KLF2, KLF4, KLHL6, KLLN, KMT2A, KMT2B, KMT2C, KMT2D, KRAS, KSR1, LATS1, LATS2, LCK, LIG4, LIMK2, I RP1B I RRK2 I TK I YN I 7TR1 MAD2I 2 MAF MAGI1 MAGI2 MAMI 1 MAP2K1 MAP2K2, MAP2K3, MAP2K4, MAP2K5, MAP2K6, MAP2K7, MAP3K1, MAP3K13, MAP3K14, MAP3K3, MAP3K4, MAP3K6, MAP3K8, MAPK1, MAPK11, MAPK12, MAPK14, MAPK3, MAX, MBD1, MBD4, MC1R, MCL1, MDC1, MDH2, MDM2, MDM4, MECOM, MED12, MEF2B, MEN1, MERTK, MET, MGA, MGMT, MITF, MLH1, MLH3, MLLT10, MLLT3, MN1, MPL, MRE11, MS4A1, MSH2, MSH3, MSH4, MSH5, MSH6. MSR1, MST1R, MTAP, MTHFR, MTOR, MT-RNR1, MTRR, MUC1, MUTYH, MXI1, MYB, MYC, MYCL, MYCN, MYD88, MYH11, MYH9, 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, NUMA1, NUP98, NUTM1, OBSCN, OPRM1, PAK1, PAK3, PAK4, 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, PML, PMS1. PMS2. POLD1. POLE. POLH. POLQ. POT1. PPM1D. PPP2R1A. PPP2R2A. PREX2, PRKAR1A, PRKCA, PRKCI, PRKDC, PRKN, PRMT5, PRSS1, PSMB1, PSMB10, PSMB2, PSMB5, PSMB8, PSMB9, PSMC3IP, PSME1, PSME2, PSME3, PSPH, 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, RFC2, RFWD3, RFX5, RFXANK, RFXAP, RHBDF2, RHEB, RHOA, RICTOR, RINT1, RIPK1, RIT1, RNASEH2B, RNASEL, RNF43, ROS1, RPS20, RPS6KB1, RPS6KB2, RPTOR, RSF1, RUNX1, RYR1, SAMHD1, SAV1, SBDS, SCG5, SDHA, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, SEC23B, SERPINB9, SETBP1, SETD2, SETDB1, SF3B1, SGK1, SH2B1, SH2B3, SHH, SIK2, SIN3A, SKP2, SLC19A1, SLC26A3, SLCO1B1, SLIT2, SLX4, SMAD3, SMAD4, SMARCA4, SMARCB1, SMARCE1, SMC1A, SMC3, SMO, SOCS1, SOS1, SOX11, SOX2, SOX9, SPEN, SPINK1, SPOP, SPRED1, SRC, SRD5A2, SRGAP1, SRSF2, SSTR2, SSX1, STAG1, STAG2, STAT1, STAT3, STAT5A, STAT5B, STK11, SUFU, SUZ12, SYK, TAF1, TAF15, TAP1, TAP2, TAPBP, TBK1, TBL1XR1, TBX3, TCF3, TCF4, TCL1A, TEK, TERC, TERF2IP, TERT, TET1, TET2, TFE3, TGFB1, TGFBR2, TMEM127, TMPRSS2, TNFAIP3, TNFRSF13B, TNFRSF14, TNFRSF8, TNFSF11, TNK2, TOP1, TOP2A, TP53, TP53BP1, TP63, TPMT, TPX2, TRAF2, TRAF3, TRAF5, TRAF6, TRAF7, TRIM28, TRRAP, TSC1, TSC2, TSHR, TTK, TYMS, U2AF1, UBE2T, UBR5, UGT1A1, UGT2B15, UGT2B7, UIMC1, UNG, USP9X, VEGFA, VEGFB, VHL, VKORC1, 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, BCR, BRAF, BRD4, EGFR, ERG, ETV4, ETV6, EWSR1, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FUS, MET, MYB, MYC, NOTCH2, NTRK1, PAX3, PDGFB, RAF1, RARA, RET, ROS1, SSX1, SUZ12, TAF15, TCF3, TFE3, TMPRSS2

Nur in TUM01 enthalten: zusätzliche DNA-basierte Detektion von ausgewählten Fusionen in den Genen NTRK2. NTRK3

Genliste für RNA-basierte Fusionstranskriptanalyse (CancerFusionRx®, STR01)

Genliste für de-novo Fusionstranskripterkennung

ABL1, ACTB, AFAP1, AGK, AKAP12, AKAP4, AKAP9, AKT2, AKT3, ALK, ASPSCR1, ATF1, ATP1B1, ATRX, BAG4, BCL2, BCOR, BCORL1, BCR, BICC1, BRAF, BRD3, BRD4, c11orf95, CAMTA1, CCAR2, CCDC6, CCDC88A, CCNB3, CCND1, CD74, CIC, CLTC, CNTRL, COL1A1, CREB1, CREB3L1, CREB3L2, CRTC1, DDIT3, DNAJB1, EGFR, EML4, EPC1, ERBB2, ERBB4, ERG, ESR1, ETV1, ETV4, ETV5, ETV6, EWSR1, EZR, FEV, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FLI1, FN1, FOXO1, FOXO4, FUS, GLI1, GOPC, GPR128, HMGA2, JAZF1, KIAA1549, KIF5B, LMNA, LPP, MAGI3, MAML1, MAML2, MAML3, MET, MGA, MGMT, MIR143, MITF, MKL2, MYB, MYC, NAB2, NCOA1, NCOA2, NCOA4, NFIB, NOTCH2, NPM1, NR4A3, NRG1, NRG2, NSD3, NTRK1, NTRK2, NTRK3, NUTM1, PAX3, PAX7, PAX8, PDGFB, PDGFRA, PDGFRB, PHF1, PIK3CA, PLAG1, PML, POU5F1, PPARGC1A, PPP1CB, PRKACA, PRKAR1A, PTPRZ1, QKI, RAF1, RANBP2, RARA, RELA, RELCH, RET, ROS1, RREB1, RSPO2, RSPO3, SDC1, SDC4, SHTN1, SLC34A2, SND1, SQSTM1, SS18, SSX1, SSX2, SSX4, STAT6, STRN, SUZ12, TACC1, TACC3, TAF15, TCF12, TERT, TFE3, TFG, THADA, TMPRSS2, TPM3, TPR, TRIM24, TRIM33, TRIO, VGLL2, WT1, WWTR1, YAP1, YWHAE, ZMYM2, ZNF703

Genliste für ausgewählte Bruchpunkte in diesen Fusiongenen

AFAP1-NTRK2, ATP1B1-NRG1, BCOR-CCNB3, BRD3-NUTM1, BRD4-NUTM1, CCDC6-RET, CCDC88A-ALK, CD74-NRG1, CD74-ROS1, CLTC-ALK, DNAJB1-PRKACA, EGFR-PPARGC1A, EML4-ALK, ETV6-NTRK2, ETV6-NTRK3, EWSR1-ATF1, EWSR1-ERG, EWSR1-FLI1, EWSR1-WT1, EZR-ROS1, FGFR2-BICC1, FGFR1-TACC1, FGFR2-TACC3, FIGHS1-WT1, EZR-ROS1, FGFR2-BICC1, KIF5B-RET, MGA-NUTM1, NAB2-STAT6, NCO44-RET, NPM1-ALK, NSD3-NUTM1, PAX3-FOXO1, PAX7-FOXO1, PPP1CB-ALK, PRKAR1A-RET, QKI-NTRK2, SDC4-NRG1, SDC4-ROS1, SLC34A2-ROS1, SND1-BRAF, SS18-SSX1, SS18-SSX2, 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 ex25-26, EGFR del ex25-27, EGFR del ex26-27, EGFR VII, EGFR VIII, MET ex14 skipping