

TECHNISCHE DATEN UND TESTÜBERSICHT

Die molekulare Diagnostik wird routinemäßig zum besseren Verständnis der molekularen Mechanismen von hämatologischen Krebserkrankungen bei einzelnen Patienten eingesetzt, um die Erkrankung genau zu diagnostizieren und die Prognose der Patienten zu bestimmen.

Heute wissen wir, dass die Ursache von Krebs genetische Alterationen sind, deren Progression sich durch die Zunahme an Mutationen darstellt. Das explosionsartige Wachstum der Genomforschung hat unser Wissen über Krebs in den letzten Jahren dramatisch verbessert und zur Entwicklung von zielgerichteten Therapien geführt, die es Ärzten ermöglichen, jedem Patienten die bestmögliche individualisierte Therapie seiner Krebserkrankung zukommen zu lassen.¹ Dieser Ansatz kann bei der Behandlung von hämatologischen Krebserkrankungen, Sarkomen und pädiatrischen Krebsarten, die durch ein spezifisches Mutationsprofil charakterisiert sind, von Nutzen sein.

VERFAHREN

FoundationOne Heme analysiert und interpretiert die Sequenzinformationen von somatisch veränderten Genen bei humanen hämatologischen Krebsformen (Leukämien, Lymphomen und Myelomen), vielen Sarkomen und pädiatrischen Krebsarten. Die in diesem Assay analysierten Gene codieren für bekannte oder wahrscheinliche Zielstrukturen für bereits zugelassene oder in klinischen Prüfungen befindlichen Therapien oder sind bekannte Treiber der Onkogenese. Dieser Test analysiert die vollständigen kodierenden DNA-Sequenzen von 406 Genen sowie ausgewählten Introns von 31 Genen, die an Umlagerungen beteiligt sind. Außerdem analysiert FoundationOne Heme die RNA-Sequenz (cDNA) von 265 häufig rekombinierten Genen, um Genfusionen besser zu erkennen. Der Test wird regelmäßig aktualisiert, um neue Erkenntnisse auf dem Gebiet der Krebsbiologie zu berücksichtigen².

ERGEBNISBERICHT

Wenn in einem der Gene der aktuellen Genliste eine klinisch relevante Veränderung festgestellt wird, gibt der Bericht nicht nur das Gen und die Veränderung an, sondern liefert auch eine für die Krebsform des Patienten spezifische Interpretation.

AKTUELLE GENLISTE

FoundationOne Heme entschlüsselt die gesamte codierende Sequenz von 406 Genen, ausgewählten Introns von 31 Genen, die an Umlagerungen beteiligt sind und verwendet die RNA-Sequenzierung zur Analyse von 265 Genen, die der neuesten wissenschaftlichen und klinischen Literatur zufolge bei humanen hämatologischen Krebsarten, Sarkomen und pädiatrischen Krebsarten bekanntermaßen somatisch

Auf der ersten Berichtseite werden die Gene aufgeführt, die eine oder mehrere klinisch relevante Veränderungen aufweisen. Die vollständige Liste der Gene, die getestet werden, ist im Folgenden aufgeführt und findet sich im Anhang jedes Testberichts.

VARIANTEN UNKLARER SIGNIFIKANZ (VUS)

Häufig wird in einem der von FoundationOne Heme analysierten Gen eine Veränderung festgestellt, die in der wissenschaftlichen Literatur noch nicht adäquat charakterisiert wurde. Wir nehmen solche Varianten in den Ergebnisbericht auf, damit sie später berücksichtigt werden können, wenn es neue klinische Erkenntnisse dazu gibt.

NICHT EINDEUTIGE ERGEBNISSE (EQUIVOCAL)

Die Markierung „Equivocal“ bedeutet, dass gewisse Anzeichen für eine Amplifikation oder einen homozygoten Verlust eines Gens vorliegen, die jedoch nicht eindeutig sind.

SUBKLONAL

Die Markierung „Subklonal“ bedeutet, dass die FoundationOne Heme Analyseverfahren das Vorliegen einer Veränderung in weniger als 10 % der untersuchten Tumor-DNA identifiziert hat.

FOUNDATIONONE HEME ANALYSIERT DIE HÄUFIGSTEN GENE, DIE BEI HÄMATOLOGISCHEN KREBSARTEN UND SARKOMEN GETESTET WERDEN

FoundationOne Heme ist ein umfassender Service, der alle Klassen von spezifischen genetischen Alterationen in Krebsgenen nachweisen kann, darunter auch Genfusionen, die bei hämatologischen Krebsarten und Sarkomen selten getestet werden. Der Ergebnisbericht des FoundationOne Heme gibt häufig Aufschluss über Veränderungen, die Ärzten und Patienten zusätzliche Behandlungsmöglichkeiten eröffnen können.

¹ Samuels Y, Bardelli A, López-Otin C. The cancer genome. In: DeVita VT, Lawrence TS, Rosenberg SA, Hrsg. DeVita, Hellman, and Rosenberg's Cancer Principles & Practice of Oncology: Primer of the Molecular Biology of Cancer. 9. Ausg. Kindle Ed. Philadelphia, PA: Lippincott Williams & Wilkins; 2011.

² He J et al. Blood 2016; 127(24):3004-14.

Genliste: vollständige kodierende Sequenz (Basensubstitution, Insertion/Deletion, Kopienzahlvariationen)

<i>ABL1</i>	<i>BTLA</i>	<i>CXCR4</i>	<i>FGF23</i>	<i>HIST1H2BJ</i>	<i>LRRK2</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>RAD21</i>	<i>STAT5A</i>
<i>ACTB</i>	<i>C11orf30 (EMSY)</i>	<i>DAXX</i>	<i>FGF3</i>	<i>HIST1H2BK</i>	<i>MAF</i>	<i>NOTCH2</i>	<i>RAD50</i>	<i>STAT5B</i>
<i>AKT1</i>	<i>CAD</i>	<i>DDR2</i>	<i>FGF4</i>	<i>HIST1H2BO</i>	<i>MAFB</i>	<i>NPM1</i>	<i>RAD51</i>	<i>STAT6</i>
<i>AKT2</i>	<i>CARD11</i>	<i>DDX3X</i>	<i>FGF6</i>	<i>HIST1H3B</i>	<i>MAGED1</i>	<i>NRAS</i>	<i>RAF1</i>	<i>STK11</i>
<i>AKT3</i>	<i>CBFB</i>	<i>DNM2</i>	<i>FGFR1</i>	<i>HNF1A</i>	<i>MALT1</i>	<i>NT5C2</i>	<i>RARA</i>	<i>SUFU</i>
<i>ALK</i>	<i>CBL</i>	<i>DNMT3A</i>	<i>FGFR2</i>	<i>HRAS</i>	<i>MAP2K1</i>	<i>NTRK1</i>	<i>RASGEF1A</i>	<i>SUZ12</i>
<i>AMER1 (FAM123B or WTX)</i>	<i>CCND1</i>	<i>DOT1L</i>	<i>FGFR3</i>	<i>HSP90AA1</i>	<i>MAP2K2</i>	<i>NTRK2</i>	<i>RB1</i>	<i>TAF1</i>
<i>APC</i>	<i>CCND2</i>	<i>DTX1</i>	<i>FGFR4</i>	<i>ICK</i>	<i>MAP2K4</i>	<i>NTRK3</i>	<i>RELN</i>	<i>TBL1XR1</i>
<i>APH1A</i>	<i>CCND3</i>	<i>DUSP2</i>	<i>FHIT</i>	<i>ID3</i>	<i>MAP3K1</i>	<i>NUP93</i>	<i>RET</i>	<i>TCF3 (E2A)</i>
<i>AR</i>	<i>CCNE1</i>	<i>DUSP9</i>	<i>FLCN</i>	<i>IDH1</i>	<i>MAP3K14</i>	<i>NUP98</i>	<i>RHOA</i>	<i>TCL1A (TCL1)</i>
<i>ARAF</i>	<i>CCT6B</i>	<i>EBF1</i>	<i>FLT1</i>	<i>IDH2</i>	<i>MAP3K6</i>	<i>P2RY8</i>	<i>RICTOR</i>	<i>TET2</i>
<i>ARFRP1</i>	<i>CD22</i>	<i>ECT2L</i>	<i>FLT3</i>	<i>IGF1R</i>	<i>MAP3K7</i>	<i>PAG1</i>	<i>RNF43</i>	<i>TGFBR2</i>
<i>ARHGAP26 (GRAF)</i>	<i>CD274 (PDL1)</i>	<i>EED</i>	<i>FLT4</i>	<i>IKBKE</i>	<i>MAPK1</i>	<i>PAK3</i>	<i>ROS1</i>	<i>TLL2</i>
<i>ARID1A</i>	<i>CD36</i>	<i>EGFR</i>	<i>FLYWCH1</i>	<i>IKZF1</i>	<i>MCL1</i>	<i>PALB2</i>	<i>RPTOR</i>	<i>TMEM30A</i>
<i>ARID2</i>	<i>CD58</i>	<i>ELP2</i>	<i>FOXL2</i>	<i>IKZF2</i>	<i>MDM2</i>	<i>PASK</i>	<i>RUNX1</i>	<i>TMSB4XP8 (TMSL3)</i>
<i>ASMTL</i>	<i>CD70</i>	<i>EP300</i>	<i>FOXO1</i>	<i>IKZF3</i>	<i>MDM4</i>	<i>PAX5</i>	<i>S1PR2</i>	<i>TNFAIP3</i>
<i>ASXL1</i>	<i>CD79A</i>	<i>EPHA3</i>	<i>FOXO3</i>	<i>IL7R</i>	<i>MED12</i>	<i>PBRM1</i>	<i>SDHA</i>	<i>TNFRSF11A</i>
<i>ATM</i>	<i>CD79B</i>	<i>EPHA5</i>	<i>FOXP1</i>	<i>INHBA</i>	<i>MEF2B</i>	<i>PC</i>	<i>SDHB</i>	<i>TNFRSF14</i>
<i>ATR</i>	<i>CDC73</i>	<i>EPHA7</i>	<i>FRS2</i>	<i>INPP4B</i>	<i>MEF2C</i>	<i>PCBP1</i>	<i>SDHC</i>	<i>TNFRSF17</i>
<i>ATRX</i>	<i>CDH1</i>	<i>EPHB1</i>	<i>GADD45B</i>	<i>INPP5D (SHIP)</i>	<i>MEN1</i>	<i>PCLO</i>	<i>SDHD</i>	<i>TOP1</i>
<i>AURKA</i>	<i>CDK12</i>	<i>ERBB2</i>	<i>GATA1</i>	<i>IRF1</i>	<i>MET</i>	<i>PDCD1</i>	<i>SERP2</i>	<i>TP53</i>
<i>AURKB</i>	<i>CDK4</i>	<i>ERBB3</i>	<i>GATA2</i>	<i>IRF4</i>	<i>MIB1</i>	<i>PDCD11</i>	<i>SETBP1</i>	<i>TP63</i>
<i>AXIN1</i>	<i>CDK6</i>	<i>ERBB4</i>	<i>GATA3</i>	<i>IRF8</i>	<i>MITF</i>	<i>PDCD1LG2 (PDL2)</i>	<i>SETD2</i>	<i>TRAF2</i>
<i>AXL</i>	<i>CDK8</i>	<i>ERG</i>	<i>GID4 (C17orf39)</i>	<i>IRS2</i>	<i>MKI67</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>SF3B1</i>	<i>TRAF3</i>
<i>B2M</i>	<i>CDKN1B</i>	<i>ESR1</i>	<i>GNAI1</i>	<i>JAK1</i>	<i>MLH1</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>SGK1</i>	<i>TRAF5</i>
<i>BAP1</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>ETS1</i>	<i>GNAI2</i>	<i>JAK2</i>	<i>MPL</i>	<i>PDK1</i>	<i>SMAD2</i>	<i>TSC1</i>
<i>BARD1</i>	<i>CDKN2B</i>	<i>ETV6</i>	<i>GNAI3</i>	<i>JAK3</i>	<i>MRE11A</i>	<i>PHF6</i>	<i>SMAD4</i>	<i>TSC2</i>
<i>BCL10</i>	<i>CDKN2C</i>	<i>EXOSC6</i>	<i>GNAQ</i>	<i>JARID2</i>	<i>MSH2</i>	<i>PIK3CA</i>	<i>SMARCA1</i>	<i>TSHR</i>
<i>BCL11B</i>	<i>CEBPA</i>	<i>EZH2</i>	<i>GNAS</i>	<i>JUN</i>	<i>MSH3</i>	<i>PIK3CG</i>	<i>SMARCA4</i>	<i>TUSC3</i>
<i>BCL2</i>	<i>CHD2</i>	<i>FAF1</i>	<i>GPR124</i>	<i>KAT6A (MYST3)</i>	<i>MSH6</i>	<i>PIK3R1</i>	<i>SMARCB1</i>	<i>TYK2</i>
<i>BCL2L2</i>	<i>CHEK1</i>	<i>FAM46C</i>	<i>GRIN2A</i>	<i>KDM2B</i>	<i>MTOR</i>	<i>PIK3R2</i>	<i>SMC1A</i>	<i>U2AF1</i>
<i>BCL6</i>	<i>CHEK2</i>	<i>FANCA</i>	<i>GSK3B</i>	<i>KDM4C</i>	<i>MUTYH</i>	<i>PIM1</i>	<i>SMC3</i>	<i>U2AF2</i>
<i>BCL7A</i>	<i>CIC</i>	<i>FANCC</i>	<i>GTSE1</i>	<i>KDM5A</i>	<i>MYC</i>	<i>PLCG2</i>	<i>SMO</i>	<i>VHL</i>
<i>BCOR</i>	<i>CIITA</i>	<i>FANCD2</i>	<i>HDAC1</i>	<i>KDM5C</i>	<i>MYCL (MYCL1)</i>	<i>POT1</i>	<i>SOCS1</i>	<i>WDR90</i>
<i>BCORL1</i>	<i>CKS1B</i>	<i>FANCE</i>	<i>HDAC4</i>	<i>KDM6A</i>	<i>MYCN</i>	<i>PPP2R1A</i>	<i>SOCS2</i>	<i>WHSC1 (MMSET or NSD2)</i>
<i>BIRC3</i>	<i>CPS1</i>	<i>FANCF</i>	<i>HDAC7</i>	<i>KDR</i>	<i>MYD88</i>	<i>PRDM1</i>	<i>SOCS3</i>	<i>WISP3</i>
<i>BLM</i>	<i>CREBBP</i>	<i>FANCG</i>	<i>HGF</i>	<i>KEAP1</i>	<i>MYO18A</i>	<i>PRKAR1A</i>	<i>SOX10</i>	<i>WT1</i>
<i>BRAF</i>	<i>CRKL</i>	<i>FANCL</i>	<i>HIST1H1C</i>	<i>KIT</i>	<i>NCOR2</i>	<i>PRKDC</i>	<i>SOX2</i>	<i>XBP1</i>
<i>BRCA1</i>	<i>CRLF2</i>	<i>FAS (TNFRSF6)</i>	<i>HIST1H1D</i>	<i>KLHL6</i>	<i>NCSTN</i>	<i>PRSS8</i>	<i>SPEN</i>	<i>XPO1</i>

Genliste: vollständige kodierende Sequenz (Basensubstitution, Insertion/Deletion, Kopienzahlvariationen)

<i>BRCA2</i>	<i>CSF1R</i>	<i>FBXO11</i>	<i>HIST1H1E</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>	<i>NF1</i>	<i>PTCH1</i>	<i>SPOP</i>	<i>YY1AP1</i>
<i>BRD4</i>	<i>CSF3R</i>	<i>FBXO31</i>	<i>HIST1H2AC</i>	<i>KMT2C (MLL3)</i>	<i>NF2</i>	<i>PTEN</i>	<i>SRC</i>	<i>ZMYM3</i>
<i>BRIP1</i>	<i>CTCF</i>	<i>FBXW7</i>	<i>HIST1H2AG</i>	<i>KMT2D (MLL2)</i>	<i>NFE2L2</i>	<i>PTPN11</i>	<i>SRSF2</i>	<i>ZNF217</i>
<i>BRSK1</i>	<i>CTNNA1</i>	<i>FGF10</i>	<i>HIST1H2AL</i>	<i>KRAS</i>	<i>NFKBIA</i>	<i>PTPN2</i>	<i>STAG2</i>	<i>ZNF24 (ZSCAN3)</i>
<i>BTG2</i>	<i>CTNNB1</i>	<i>FGF14</i>	<i>HIST1H2AM</i>	<i>LEF1</i>	<i>NKX2-1</i>	<i>PTPN6 (SHP-1)</i>	<i>STAT3</i>	<i>ZNF703</i>
<i>BTK</i>	<i>CUX1</i>	<i>FGF19</i>	<i>HIST1H2BC</i>	<i>LRP1B</i>	<i>NOD1</i>	<i>PTPRO</i>	<i>STAT4</i>	<i>ZRSR2</i>

Ausgewählte Genfusionen

<i>ABI1</i>	<i>CBFA2T3</i>	<i>EIF4A2</i>	<i>FUS</i>	<i>JAK1</i>	<i>MUC1</i>	<i>PBX1</i>	<i>RNF213</i>	<i>TET1</i>
<i>ABL1</i>	<i>CBFB</i>	<i>ELF4</i>	<i>GAS7</i>	<i>JAK2</i>	<i>MYB</i>	<i>PCM1</i>	<i>ROS1</i>	<i>TFE3</i>
<i>ABL2</i>	<i>CBL</i>	<i>ELL</i>	<i>GLI1</i>	<i>JAK3</i>	<i>MYC</i>	<i>PCSK7</i>	<i>RPL22</i>	<i>TFG</i>
<i>ACSL6</i>	<i>CCND1</i>	<i>ELN</i>	<i>GMPS</i>	<i>JAZF1</i>	<i>MYH11</i>	<i>PDCD1LG2 (PDL2)</i>	<i>RPN1</i>	<i>TFPT</i>
<i>AFF1</i>	<i>CCND2</i>	<i>EML4</i>	<i>GPHN</i>	<i>KAT6A (MYST3)</i>	<i>MYH9</i>	<i>PDE4DIP</i>	<i>RUNX1</i>	<i>TFRC</i>
<i>AFF4</i>	<i>CCND3</i>	<i>EP300</i>	<i>HERPUD1</i>	<i>KDSR</i>	<i>NACA</i>	<i>PDGFB</i>	<i>RUNX1T1 (ETO)</i>	<i>TLX1</i>
<i>ALK</i>	<i>CD274 (PDL1)</i>	<i>EPOR</i>	<i>HEY1</i>	<i>KIF5B</i>	<i>NBEAP1 (BCL8)</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>RUNX2</i>	<i>TLX3</i>
<i>ARHGAP26 (GRAF)</i>	<i>CDK6</i>	<i>EPS15</i>	<i>HIP1</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>	<i>NCOA2</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>SEC31A</i>	<i>TMPRSS2</i>
<i>ARHGEF12</i>	<i>CDX2</i>	<i>ERBB2</i>	<i>HIST1H4I</i>	<i>LASP1</i>	<i>NDRG1</i>	<i>PER1</i>	<i>SEPT5</i>	<i>TNFRSF11A</i>
<i>ARID1A</i>	<i>CHIC2</i>	<i>ERG</i>	<i>HLF</i>	<i>LCP1</i>	<i>NF1</i>	<i>PHF1</i>	<i>SEPT6</i>	<i>TOP1</i>
<i>ARNT</i>	<i>CHN1</i>	<i>ETS1</i>	<i>HMGA1</i>	<i>LMO1</i>	<i>NF2</i>	<i>PICALM</i>	<i>SEPT9</i>	<i>TP63</i>
<i>ASXL1</i>	<i>CIC</i>	<i>ETV1</i>	<i>HMGA2</i>	<i>LMO2</i>	<i>NFKB2</i>	<i>PIM1</i>	<i>SET</i>	<i>TPM3</i>
<i>ATF1</i>	<i>CIITA</i>	<i>ETV4</i>	<i>HOXA11</i>	<i>LPP</i>	<i>NIN</i>	<i>PLAG1</i>	<i>SH3GL1</i>	<i>TPM4</i>
<i>ATG5</i>	<i>CLP1</i>	<i>ETV5</i>	<i>HOXA13</i>	<i>LYL1</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>PML</i>	<i>SLC1A2</i>	<i>TRIM24</i>
<i>ATIC</i>	<i>CLTC</i>	<i>ETV6</i>	<i>HOXA3</i>	<i>MAF</i>	<i>NPM1</i>	<i>POU2AF1</i>	<i>SNX29 (RUNDC2A)</i>	<i>TRIP11</i>
<i>BCL10</i>	<i>CLTCL1</i>	<i>EWSR1</i>	<i>HOXA9</i>	<i>MAFB</i>	<i>NR4A3</i>	<i>PPP1CB</i>	<i>SRSF3</i>	<i>TTL</i>
<i>BCL11A</i>	<i>CNTRL (CEP110)</i>	<i>FCGR2B</i>	<i>HOXC11</i>	<i>MALT1</i>	<i>NSD1</i>	<i>PRDM1</i>	<i>SS18</i>	<i>TYK2</i>
<i>BCL11B</i>	<i>COL1A1</i>	<i>FCRL4</i>	<i>HOXC13</i>	<i>MDS2</i>	<i>NTRK1</i>	<i>PRDM16</i>	<i>SSX1</i>	<i>USP6</i>
<i>BCL2</i>	<i>CREB3L1</i>	<i>FEV</i>	<i>HOXD11</i>	<i>MECOM</i>	<i>NTRK2</i>	<i>PRRX1</i>	<i>SSX2</i>	<i>WHSC1 (MMSET or NSD2)</i>
<i>BCL3</i>	<i>CREB3L2</i>	<i>FGFR1</i>	<i>HOXD13</i>	<i>MKL1</i>	<i>NTRK3</i>	<i>PSIP1</i>	<i>SSX4</i>	<i>WHSC1L1</i>
<i>BCL6</i>	<i>CREBBP</i>	<i>FGFR1OP</i>	<i>HSP90AA1</i>	<i>MLF1</i>	<i>NUMA1</i>	<i>PTCH1</i>	<i>STAT6</i>	<i>YPEL5</i>
<i>BCL7A</i>	<i>CRLF2</i>	<i>FGFR2</i>	<i>HSP90AB1</i>	<i>MLLT1 (ENL)</i>	<i>NUP214</i>	<i>PTK7</i>	<i>STL</i>	<i>ZBTB16</i>
<i>BCL9</i>	<i>CSF1</i>	<i>FGFR3</i>	<i>IGH</i>	<i>MLLT10 (AF10)</i>	<i>NUP98</i>	<i>RABEP1</i>	<i>SYK</i>	<i>ZMYM2</i>
<i>BCOR</i>	<i>CTNNB1</i>	<i>FLI1</i>	<i>IGK</i>	<i>MLLT3</i>	<i>NUTM2A</i>	<i>RAF1</i>	<i>TAF15</i>	<i>ZNF384</i>
<i>BCR</i>	<i>DDIT3</i>	<i>FNBP1</i>	<i>IGL</i>	<i>MLLT4 (AF6)</i>	<i>OMD</i>	<i>RALGDS</i>	<i>TAL1</i>	<i>ZNF521</i>
<i>BIRC3</i>	<i>DDX10</i>	<i>FOXO1</i>	<i>IKZF1</i>	<i>MLLT6</i>	<i>P2RY8</i>	<i>RAP1GDS1</i>	<i>TAL2</i>	

Ausgewählte Genfusionen

<i>BRAF</i>	<i>DDX6</i>	<i>FOXO3</i>	<i>IL21R</i>	<i>MN1</i>	<i>PAFAH1B2</i>	<i>RARA</i>	<i>TBL1XR1</i>
<i>BTG1</i>	<i>DEK</i>	<i>FOXO4</i>	<i>IL3</i>	<i>MNX1</i>	<i>PAX3</i>	<i>RBM15</i>	<i>TCF3 (E2A)</i>
<i>CAMTA1</i>	<i>DUSP22</i>	<i>FOXP1</i>	<i>IRF4</i>	<i>MSI2</i>	<i>PAX5</i>	<i>RET</i>	<i>TCL1A (TCL1)</i>
<i>CARS</i>	<i>EGFR</i>	<i>FSTL3</i>	<i>ITK</i>	<i>MSN</i>	<i>PAX7</i>	<i>RHOH</i>	<i>TEC</i>

Ausgewählte DNA-Rearrangements

<i>ALK</i>	<i>BRAF</i>	<i>EPOR</i>	<i>ETV6</i>	<i>IGK</i>	<i>JAK2</i>	<i>NTRK1</i>	<i>RAF1</i>	<i>ROS1</i>
<i>BCL2</i>	<i>CCND1</i>	<i>ETV1</i>	<i>EWSR1</i>	<i>IGL</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>RARA</i>	<i>TMPRSS2</i>
<i>BCL6</i>	<i>CRLF2</i>	<i>ETV4</i>	<i>FGFR2</i>	<i>JAK1</i>	<i>MYC</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>RET</i>	<i>TRG</i>
<i>BCR</i>	<i>EGFR</i>	<i>ETV5</i>	<i>IGH</i>					

**406
GENE**
TMB+MSI



Hochpräzise Hybrid
Capture NGS-Technologie

**265
RNAs**



Ergebnisbericht innerhalb
von 14 Arbeitstagen

Weitere Informationen zu FoundationOne Heme finden Sie hier:



 www.foundationmedicine.de

 germany.foundationmedicine@roche.com

 +49 7624 14 20 98

 +49 7624 14 38 46

Sie möchten mehr über Tumorprofiling erfahren?

Unser Kundenservice ist Montag bis Freitag von 8-17 Uhr für Sie da.

Disclaimer

Therapieentscheidungen liegen in der ärztlichen Verantwortung. Die im Report erwähnten Arzneistoffe sind möglicherweise für bestimmte Patienten nicht geeignet. Die Auswahl eines, aller oder keiner der Arzneistoffe liegt vollständig im Ermessen und der Verantwortung des behandelnden Arztes. Roche und Foundation Medicine übernehmen keine Haftung für die Vollständigkeit der im Report zu findenden Informationen. Ein klinischer Nutzen wird nicht garantiert; Roche und Foundation Medicine machen keine Versprechungen und geben auch keine Garantie dafür, dass ein bestimmter Arzneistoff für die Behandlung der Erkrankung bei einem Patienten wirksam sein wird bzw. dass eine Substanz mit fehlendem potentiell klinischem Nutzen auch tatsächlich keinen klinischen Nutzen hat. Eine Erstattung wird nicht garantiert. Roche und Foundation Medicine machen keine Versprechungen und geben auch keine Garantie, dass sie selbst oder eine dritte Partei, gleichgültig ob privat oder staatlich, einem Patienten die Kosten für FoundationOne®Heme erstatten werden.

© 2019 Roche Pharma AG, Emil-Barell-Str. 1, 79639 Grenzach-Wyhlen

Roche ist der lizenzierte Vertreiber von FoundationMedicine® Produkten außerhalb der Vereinigten Staaten. Der FoundationOne®Heme-Assay des Herstellers Foundation Medicine, Inc., 150 Second Street, 1st Floor, Cambridge, MA 02141, USA ist nach IVD-Richtlinie 98/79 EG der Europäischen Union zertifiziert und durch Foundation Medicines autorisiertem EU-Vertreter, Qarad b.v.b.a, Pas 257, 2440 Geel, Belgien für die CE-Kennzeichnung registriert.

© 2019 Foundation Medicine, Inc. Foundation Medicine® und FoundationOne®Heme sind eingetragene Warenzeichen.



**FOUNDATION
MEDICINE®**

