

NGeneBio

Distributor Germany



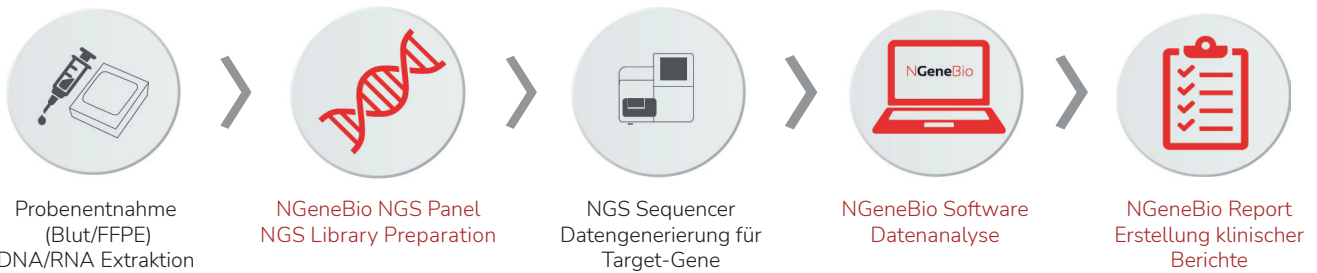
HiSS
Diagnostics

Boost Your Engine

Dynamic Software for
Smart NGS Diagnostics

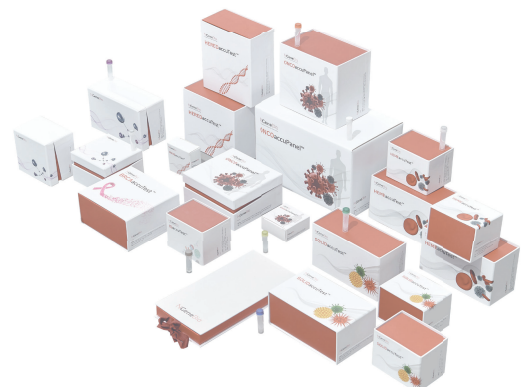
NGeneBio bietet NGS-Panels und eine Analysesoftware an,
die auf klinischer Erfahrung und Expertise
einer eigens entwickelten Softwarelösung basieren.

Unser Ziel ist es, durch klinisch validierte, NGS-basierte IVD/CDx-Produkte
in Kombination mit innovativer Bioinformatik, zu einer neuen Ära der Präzisionsmedizin
beizutragen.



Inhalt

Datenanalyse	3
NGeneAnalySys™	
BRCA Test	4-5
BRCAaccuTest™ PLUS	
Hämatologische Malignome	6-7
HEMEaccuTest™	
Solide Tumore	8-9
SOLIDaccuTest™	
Comprehensive Oncology	10-11
ONCOaccuPanel™	



NGeneAnalySys™

NGS-DatenanalySELösung für die Krebsdiagnostik

NGeneAnalySys™ ist eine kostenfreie benutzerfreundliche Analysesoftware, die eine bioinformatische Analyse-Pipeline, Interpretation und Berichterstattung für onkologische Fragestellungen bereitstellt. Unsere Software bietet eine analytische Darstellung von genomischen Varianten, die für hämatologische Malignome (Blutkrebs), solide Tumore sowie Brust- und Eierstockkrebs relevant sind. Darüber hinaus werden genomische Varianten identifiziert, um fundierte und präzise Entscheidungen zur klinischen Diagnose und Therapiewahl zu treffen. NGeneBio bietet eine Server- sowie eine Cloud-basierte Lösung an.

- Analyse von Keimbahn- und somatischen Daten
- Einordnung gemäß Stufenmodell der ACMG/AMP-Leitlinien
- Relevante Informationen zur Therapie und zum Ansprechen auf Medikamente in Bezug auf Varianten
- Einrichtung falscher und abgestufter Varianten nach dem Ermessen des Benutzers
- Zugang zu Datenbanken über externe Links
- kundenspezifische klinische Berichte und HTML-Dateien mit Analysedetails

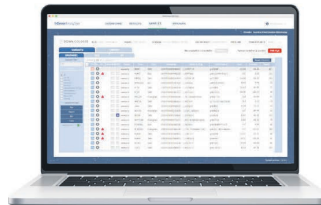
Automatisierung

- NGS-Datenanalyse (von FASTQ zu VCF)
- Annotation
- Erstellung von Berichten



Datenbanken

- Referenzsequenzdatenbanken
- Bevölkerungsdatenbanken
- Krankheitsbezogene Datenbanken
- In-Silico-Vorhersage

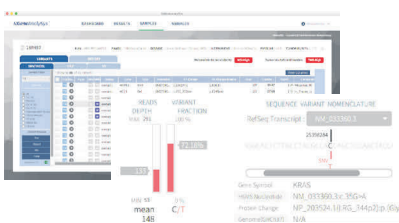


Auswertung und Berichterstattung

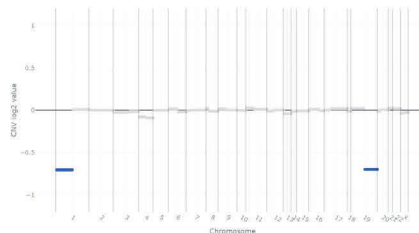
- ACMG/CAP/AMP/ASCO-Leitlinien/Inhouse DB
- PDF, Word-Format
- HTML (Detaillierte Analysedateien)

Abschlussbericht
Es werden klinische und QC -Berichte erstellt. Die Berichte enthalten Informationen über die klinische Bedeutung, relevante Arzneimittel und Qualitätskontrollen.

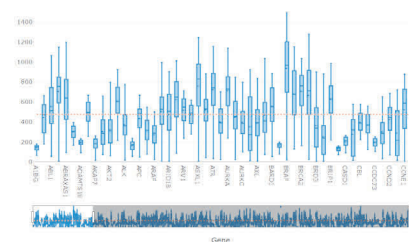
Daten Visualisierung



Detaillierter Bericht über Lesetiefe, VAF, etc. der Varianten



CNV-Diagramm mit Chromosom 1p/19q Co-Deletionsergebnissen



Coverage Diagramm von allen Genen

BRCAaccuTest™ PLUS

Verifizierte genetische Varianten Analyse für BRCA

Die Mutation der Tumorsuppressorgene *BRCA1* und *BRCA2* kann Brust- und Eierstockkrebs verursachen. Die Ursache der Mutation wird als Keimbahn oder Nicht-Keimbahn klassifiziert. BRCAaccuTest™ PLUS ist ein Next-Generation Sequencing Kit zur Erstellung von Library Preparations für die Analyse der *BRCA1* und *BRCA2* Gene unter Verwendung genomischer DNA, die aus Vollblut oder FFPE-Gewebe isoliert wurde. Zusätzlich bieten wir die kostenfreie Software NGeneAnalySys™ zur Analyse der Sequenzierdaten an. BRCAaccuTest™ PLUS wurde durch die Zulassung des MFDS* und einer Krankenhausforschungskooperation auf seine Leistungsfähigkeit überprüft.

(*Koreanisches Ministerium für Lebensmittel- und Arzneimittelsicherheit)

Produktspezifikationen

	BRCAaccuTest™ PLUS
Zertifizierung	CE-IVD, MFDS
Plattform	Illumina / MiSeq*, MiSeqDx, MiniSeq*,iSeq*
Zielanreicherung	Targeted sequencing / Amplicon Methode
Probenmaterial	Blut, FFPE* oder Gewebebiopsie*
Zielgene	<i>BRCA1</i> and <i>BRCA2</i>
Sequenzierreagenz und Durchsatz	MiSeq Reagent Nano, v2, 300 cycles Keimbahnprobe: bis zu 24 ea / somatische Probe: bis zu 6 ea
Zielregion	alle proteinkodierenden Regionen, Spleißregionen, ausgewählte Promoter-, UTR- und Intron-Regionen,
Zielgröße	22.4 kb (amplicon: 2 pools)
Turn around time	< 5 Stunden
Variantenausprägung	SNV, INDEL, Dup* and CNV*
Softwareauswertung	NGeneAnalySys™

*Research Use Only (RUO)

Leistungsbewertung

	Keimbahn Probe	Somatische Probe
Ziel-abdeckung	Mittlerer Erfassungsbereich 200X Mindestabdeckung 20X	Mittlerer Erfassungsbereich 1.000x Mindestabdeckung 200x
Homogenität	100 % detektiert >2.0 mittlerer Erfassungsgrad	
Genauigkeit	> 99,99 %	
Zielspezifität	>95 % Anzahl der Reads	
Sensitivität	Input gDNA 0.5 ng	VAF 5 %

Diagnostische Vereinbarkeit

In der ersten klinischen Studie wurde die Gültigkeit der diagnostischen Übereinstimmung zwischen Sanger-Sequenzierung und BRCAAccuTest® in insgesamt 206 Fällen von positiven *BRCA1* und *BRCA2* Mutationsproben bewertet. In der zweiten Studie haben wir die Übereinstimmung zwischen BRCAAccuTest® und BRCAAccuTest™ PLUS validiert.

1. Klinische Zulassungsstudie		Sanger Sequenzierung			2. Klinische Zulassungsstudie		BRCAAccuTest®		
		P	N	SUM			P	N	SUM
BRCAAccuTest®	P	103	0	103	BRCAAccuTest™ PLUS	P	108	0	108
	N	0	103	103		N	0	108	108
	SUM	103	103	206		SUM	108	108	216

Variantenübereinstimmung

BRCAAccuTest™ PLUS kann klinisch eingesetzt werden, da es eine positive, negative und allgemeine diagnostische Konsistenz mit BRCAAccuTest® aufweist (99 %, Signifikanzniveau 5 %)

1. Klinische Zulassungsstudie		Sanger Sequenzierung				2. Klinische Zulassungsstudie		BRCAAccuTest®			
		SNV	Dup	Del	InDel			SNV	Dup	Del	InDel
BRCAAccuTest®	SNV	1,629	0	0	0	BRCAAccuTest™ PLUS	SNV	875	0	0	0
	Dup	0	12	0	0		Dup	0	8	0	0
	Del	0	0	49	0		SUM	0	0	33	0
	InDel	0	0	0	14		InDel	0	0	0	8

Klinische Bewertung

Die klinische Leistungsbewertung von BRCAAccuTest™ PLUS wurde mit 108 klinischen Proben durchgeführt, von denen 54 positiv auf *BRCA1* und 54 positiv auf *BRCA2* waren, was zuvor durch ein vom koreanischen MFDS zugelassenes Produkt bestätigt wurde. Die prozentuale Übereinstimmung wurde anhand der folgenden Tabelle berechnet.

Varianten in <i>BRCA1</i> & <i>BRCA2</i>		Klinische Ergebnisse BRCAAccuTest®		
		Positiv	Negativ	Total
BRCAAccuTest™ PLUS	Positiv	922	0	922
	Negativ	2#	5,988	5,990
	Total	924	5,922	6,912

Der Fall einer Diskrepanz zwischen BRCAAccuTest® und BRCAAccuTest™ PLUS wurde bei zwei Proben gefunden, die eine Variante von c.5470_5477delin*BRCA1* enthielten, die vom Analysealgorithmus zunächst nicht erkannt wurde. Diese Variante wurde jedoch durch die Ergänzung des Analysealgorithmus von BRCAAccuTest™ PLUS mit NGeneAnalySys™ erkannt, wobei eine 100 %ige Übereinstimmung zwischen den beiden Testmethoden bestätigt wurde.

- Gesamtübereinstimmung der Diagnose = 99,97 %
- Positiv Übereinstimmung = 99,78 %
- Negativ Übereinstimmung = 100 %

Bestellinformationen

Produkt	Katalognummer	Menge	Lagerung
BRCAAccuTest™ PLUS	NGB112V-012	12 rxns	-20° C
	NGB112V-024	24 rxns	

HEMEaccuTest™

Verifiziertes Screening genetischer Varianten für hämatologische Malignome

NGeneBio bietet das Präzisionsdiagnose-Kit für hämatologische Malignome wie AML, ALL, Lymphome, MM, MSDS/MPN an. Die Zielgene wurden aufgrund der klinischen Bedeutung unter Berücksichtigung globaler Richtlinien und klinischer Datenbanken ausgewählt. Es sind jeweils 108 für das DNA- und 53 für das RNA-Panel enthalten. Darüber hinaus ermöglicht das Panel die Identifizierung von klinisch relevanten Varianten, um eine präzise Diagnose von hämatologischen Malignomen zu ermöglichen.

HEMEaccuTest™ wird von mehr als 10 lokalen und internationalen Krankenhäusern und Instituten verwendet. Über 6.000 klinische Proben wurden bereits mit HEMEaccuTest™ getestet. Die Daten zum verifizierten Panel sind in zahlreichen Publikationen veröffentlicht.

Produktspezifikationen

	HEMEaccuTest™	HEMEaccuTest™ RNA
Zertifizierung	CE-IVD	RUO
Plattform	Illumina / MiSeq, MiSeqDx	
Ziellanreicherung	Targeted sequencing / Hybrid-Capture	
Probenmaterial	Blut, Knochenmark und Lymphknotenflüssigkeit	
Menge	96er Testkits (8 Läufe pro Kit, 12 Proben pro Lauf)	
Zielgene	108 Gene	53 Gene
Zielgröße	305 kb	158 kb
Turn around time	2-3 Tage	2.5-3,5 Tage
Variantenausprägung	SNV, INDEL	SV (Fusion)
Softwareauswertung		NGeneAnalySys™
Zugehörig Krankheiten	Acute Myeloid Leukemia (AML), Acute Lymphoid Leukemia (ALL) Myelodysplastische/Myeloproliferative Neoplasm (MDS/MPN) Multiple Myeloma (MM), Lymphoma	

Leistungsbewertung

Sensitivität	100 %	Sensitivität / Spezifität Die DNA-Proben mit spezifischen Mutationen wurden verwendet, um die Mutationsnachweisrate mit NGS zu bestimmen. Vergleich der Mutationsentdeckungsrate der Referenzprobe NA12878 (SNVs in GIAB) und von HD728, welche die Zielmutationen trägt. Außerdem wird die Mutationserkennungsrate klinischer Proben mit zuvor analysierte Mutationen verglichen (3x): Sensitivität = TP/(TP+FN) = 100% (100 %, 100 %, 100%) Spezifität = TN/(TN+FP) = 100% (100 %, 100 %, 100 %) Nachweisgrenze (LOD) Die gDNA der Referenzmaterialien HD728 und HD701 mit charakterisierten Allelhäufigkeit, wird zu 1/2, 1/4, 1/8 oder 1/16 verdünnt, um den jeweiligen Mindestnachweis von SNV, Insertionen und Deletionen zu bewerten. Es wurden SNV mit einer Allelfrequenz von $\geq 1\%$ und INDEL mit einer Frequenz von $\geq 2\%$ nachgewiesen.
Spezifität	100 %	
Nachweisgrenze (LOD)	SNV 1% INDEL 2%	
Genauigkeit	PPA 100% PPV 100%	

Genauigkeit

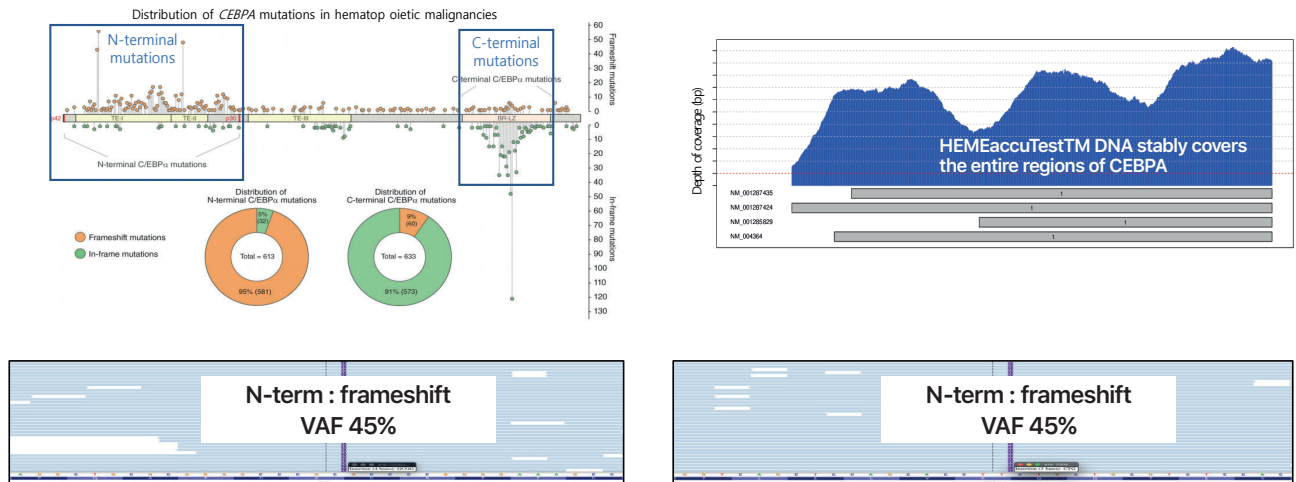
Eine positiv und eine negative Probe wurden mittels NGS analysiert, um das gleiche positive Ergebnis zu erhalten. Als Ergebnis der Genauigkeit wurden sowohl PPA (positive prozentuale Übereinstimmung) als auch der PPV (positiver prädiktiver Wert) zu 100 % bestätigt.

Akkurate Analyse der GC-reichen Region

HEMEaccuTest™ DNA bietet eine hohe Genauigkeit bei der Abdeckung der Zielregion. Nicht nur besitzt das Panel eine exzellente Coverage-Uniformität auf Geneebene, sondern auch eine außergewöhnliche Reproduzierbarkeit und Tiefe. Regionen mit G-Wiederholungen können zu erheblichen Sequenzierungs- und Analysefehlern führen, was aber durch das Panel Design verhindert wird. Außerdem erhöht die auf das Panel zugeschnittenen Pipeline die Analyse.

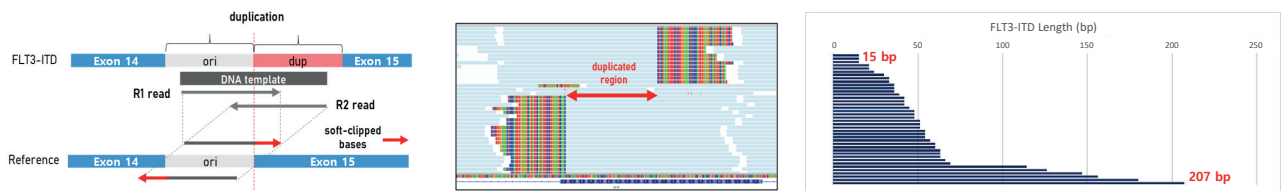
Exzellente CEBPA Coverage

Im Falle des *CEBPA* Gens ist eine stabile Abdeckung des gesamten Exons wegen der vielen biallelischen Mutationen sehr wichtig. HEMEaccuTest™ DNA kann Varianten exakt nachweisen, da es alle Zielregionen des *CEBPA* Gens abdeckt, einschließlich Regionen mit hoher GC-Dichte.



Nachweis von bis zu 207 bp FLT3-ITD

HEMEaccuTest™ deckt alle Exon-Regionen des *FLT3*-Gens gleichmäßig ab und kann die wichtigsten ITD Mutationen, die in den Exons 14 und 15 auftreten, erkennen.



HEMEaccuTest™ Zielgenliste

DNA Panel	ABL1	ABL2	AKT1	ALK	ANKRD26	ASXL1	ATM	BCL2	BCL6	BCOR
	BCR	BIRC3	BRAF	CALR	CBFB	CBL	CCND1	CDKN2A	CDKN2B	CEBPA
	CREBBP	CRLF2	CSF1R	CSF3R	CXCR4	DDX41	DEK	DHX15	DKC1	DNMT3A
	EBF1	EP300	EPOR	ETNK1	ETV6	EZH2	FBXW7	FGFR1	FIP1L1	FLT3
	GATA1	GATA2	GATA3	IDH1	IDH2	IKZF1	IKZF2	IKZF3	IL3	IL7R
	JAK1	JAK2	JAK3	KDM6A	KIT	KMT2A (MLL1)	KRAS	MECOM	MGA	MKL1
	MLL3	MPL	MTCP1	MYC	MYD88	MYH11	NF1	NOTCH1	NPM1	NRAS
	NTRK3	NUP214	PAX5	PBX1	PCM1	PDGFRA	PDGFRB	PHF6	PML	PRPF8
	PTPN11	RAD21	RARA	RB1	RBM15	RUNX1	RUNX1T1	SETBP1	SF3B1	SH2B3
	SMC1A	SMC3	SRSF2	STAG2	STAT3	TAL1	TCF3	TERC	TERT	TET2
TLX1	TLX3	TP53	TYK2	U2AF1	WT1	ZBTB7A	ZRSR2			
RNA Panel	ABL1	ABL2	BAALC	BCR	CBFB	CCND1	CCND2	CCND3	CRBN	CRLF2
	CSF1R	DEK	ETV6	FGFR1	FGFR3	FIP1L1	FUS	GATA2	IGH	IL2RB
	IL3	JAK2	KMT2A	MAF	MAFA	MAFB	MECOM	MLF1	MLL3	MRTF1A
	MYH11	NSD2	NUP214	NUP98	PBX1	PCM1	PDGFRA	PDGFRB	PHB	PHB2
	PML	RARA	RBM15	RUNX1	RUNX1T1	TCF3	TYK2	WT1		
	GUSB*	HBS1L*	HPRT1*	SDHA*	TBP*					

Bestellinformationen

* house-keeping genes

Produkt	Katalognummer	Menge	Lagerung
HEMEaccuTest™ DNA	NGB121V-048	48 rxns	-20° C
	NGB121V-096	96 rxns	
HEMEaccuTest™ RNA	NGB122R-048	48 rxns	
	NGB122R-096	96 rxns	

SOLIDaccuTest™

Screening auf verifizierte genetische Varianten bei soliden Tumoren

NGeneBio bietet das Präzisionsdiagnose-Kit für solide Tumore wie Lungenkrebs, Magenkrebs, Darmkrebs, Brust- und Eierstockkrebs, Melanom usw. an. Die Zielgene wurden aufgrund der klinischen Bedeutung unter Berücksichtigung globaler Richtlinien und klinischer Datenbanken ausgewählt. Es sind jeweils 84 für das DNA- und 29 für das RNA-Panel enthalten. Darüber hinaus ermöglicht das Panel die Identifizierung von klinisch relevanten Varianten, um eine präzise Diagnose über den Tumorkrebs zu ermöglichen.

SOLIDaccuTest™ wird an den größten Krankenhäusern in Südkorea und Singapur und weiteren renommierten Instituten eingesetzt. Dabei wurden über 3600 klinische Proben mit SOLIDaccuTest™ getestet und eine Vielzahl an Publikationen veröffentlicht.

Produktspezifikationen

	SOLIDaccuTest™ DNA	SOLIDaccuTest™ RNA
Zertifizierung	CE-IVD	RUO
Plattform	Illumina / MiSeq, MiSeqDx	
Ziellanreicherung	Targeted sequencing / Hybrid-Capture	
Probenmaterial	FFPE, Gewebeprobe (Tumor %: > 20%)	
Menge	96er Testkits (8 Läufe pro Kit, 12 Proben pro Lauf)	
Zielgene	84 Gene	29 Gene
Zielgröße	330 kb	80 kb
Turn around time	2-3 Tage	2.5-3,5 Tage
Variantausprägung	SNV, INDEL, CNV*	SV (Fusion)
Softwareauswertung		NGeneAnalySys™
Zugehörig Krankheiten	Acute Myeloid Leukemia (AML), Acute Lymphoid Leukemia (ALL) Myelodysplastisch/Myeloproliferative Neoplasm (MDS/MPN) Multiple Myeloma (MM), Lymphoma	

*Research Use Only (RUO)

Leistungsbewertung

Variandendetektion

SOLIDaccuTest™ setzt sich aus klinisch signifikanten Genen für die gezielte Krebstherapie zusammen. Das Panel und die Software wurden eigens für die Companion Diagnostik (CDx) entwickelt und optimiert.

Gene Fusion [Partner / Driver] gene

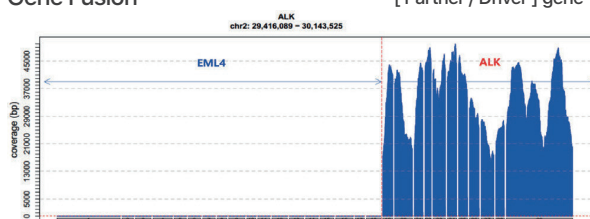


Abbildung 1: Genfusion: Partielle Treibergene mit unentdeckter Expression können das Expressionslevel der Genfusion erhöhen

MET exon 14 Skipping

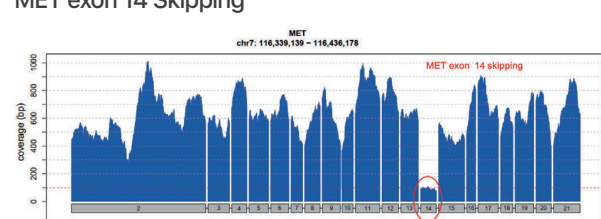
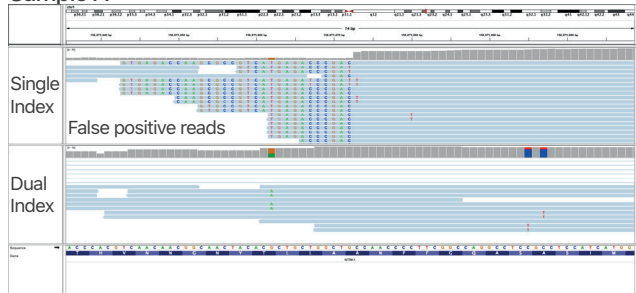


Abbildung 2: MET Exon 14 Skipping kann mit dem DNA-Panel nachgewiesen werden.

Index-Hopping

SOLIDaccuTest™ ermöglicht eine effizientere Erkennung von krebserzeugenden Mutationen. Beim Test der analytischen Leistung des RNA-Panels wurde das Index-Hopping durch die Verwendung des Dual Index deutlich reduziert. (Proben mit Index-Hopping: Einzelindex 43% --> Doppelindex 0%)

Sample A



Sample B



SOLIDaccuTest™ Zielgenliste

DNA Panel	AKT1	ALK	APC	AR	ARAF	ARID1A	ATM	ATR	ATRX	BARD1
	BLM	BRAF	BRCA1	BRCA2	BRIP1	CCND1	CCNE1	CDH1	CDK12	CDK4
	CDK6	CDKN2A	CHEK2	CTNNB1	DDR2	EGFR	EMSY	ERBB2	ERBB3	ERBB4
	ERCC1	ESR1	EZH2	FANCA	FANCD2	FANCF	FANCI	FANCM	FBXW7	FGFR1
	FGFR2	FGFR3	FH	FOXA1	GATA3	GNA11	GNAQ	GNAS	H3F3A	HRAS
	IDH1	IDH2	JAK1	JAK2	JAK3	KIT	KRAS	MAD2L2	MAP2K1	MDM2
	MET	MLH1	MRE11	MSH2	MSH6	MTOR	MYC	MYCN	NBN	NF1
	NOTCH1	NRAS	PALB2	PDGFRA	PIK3CA	PIK3R1	PMS2	POLE	PTEN	RAC1
	RAD50	RAD51	RAD51B	RAD51C	RAD51D	RAF1	RB1	RBBP8	RET	RHOA
	RICTOR	RIT1	SLFN11	SMAD2	SMAD3	SMAD4	SMARCA4	SMARCB1	SMO	SPOP
	SRC	STK11	TGFBR2	TP53	TP53BP1	TSC1	TSC2	VHL	XRCC1	XRCC5
	XRCC6	including in HRD panel only								
	RNA Panel	AKT3	ALK	BRAF	BRCA1	BRCA2	CLDN18	EGFR	ERAS	ERG
	ETV1	ETV4	ETV5	FGFR1	FGFR2	FGFR3	MET	MITF	NRG1	NTRK1
	NTRK2	NTRK3	RAF1	RET	ROS1	RSPO2	RSPO3	TFE3	TFEB	

Bestellinformationen

Produkt	Katalognummer	Menge	Lagerung
SOLIDaccuTest™ DNA	NGB131V-048	48 rxns	-20° C
	NGB131V-096	96 rxns	
SOLIDaccuTest™ RNA	NGB132R-048	48 rxns	
	NGB132R-096	96 rxns	

ONCOaccuPanel™

Comprehensive Oncology - Verifiziertes Screening genetischer Varianten

ONCOaccuPanel™ ist ein umfassendes Next-Generation-Sequencing-Panel, mit dem sich genomische Profile von Proben solider Tumore erstellen lassen. Es ermöglicht die Identifizierung relevanter Varianten bei über 35 Arten solider Tumore, wie zum Beispiel Lungen-, Brust-, Eierstock-, Gehirn-, Darm- und Magenkrebs.

ONCOaccuPanel™ hat zusammen mit der Software NGeneAnalySys™ mehr als 10.000 klinischen Proben analysiert und dabei Varianten mit klinischer Relevanz und therapeutischen Aussagen identifiziert. Verschiedene Variantenarten und Biomarkern für eine Immuntherapie sind dabei nachweisbar, darunter SNV, Indel, CNV, SV, TMB und MSI.

Produktspezifikationen

	ONCOaccuPanel™
Zertifizierung	CE-IVD
Plattform	Illumina / NextSeq, NextSeq550Dx
Zielanreicherung	Targeted sequencing / Hybrid-Capture
Probenmaterial	FFPE, Gewebeprobe (Tumor %: > 20%)
Menge	60er Testkits (4 Läufe pro Kit, bis zu 15 Proben pro Lauf)
Zielgene	344 Gene
Zielregion	Vollständiges codiertes Exon (CDS): 244 Gene Partielles Exon/Hot spot: 100 Gene
Zielgröße	1.29 Mb
Turn around time	2-3 Tage
Variantenausprägung	SNV, INDEL, CNV, SV*, TMB*, MSI*
Softwareauswertung	NGeneAnalySys™

*Research Use Only (RUO)

Leistungsbewertung

Hochpräzise und zuverlässige Erkennung von Niederfrequenz-Varianten

Alle Varianten von HD827 (Referenzmaterial) wurden mit einer Konkordanzrate von 100 % durch die Erstellung von Library Preps mit ONCOaccuPanel™ und die Analyse mit NGeneAnalySys™ detektiert.

Umfangreiche Daten für eine genaue TMB- und MSI-Interpretation

NGeneAnalySys™ stellt Daten der TMB-Resultate mit der Verteilung von TMB nach Krebsart zur Verfügung.

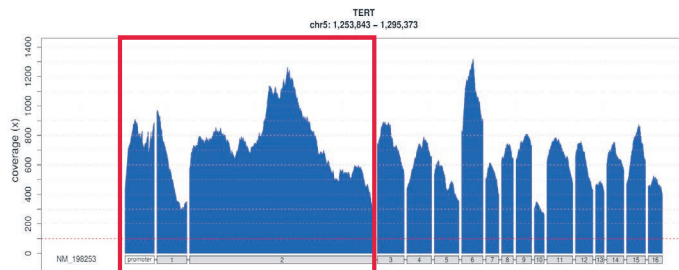
Gene	Protein Change	Reported VAF	Detected VAF	Coverage (x)
APC	p.T1493T	0.35	0.33	683
BRAF	p.V600E	0.11	0.11	814
BRCA2	p.K1691fs*15	0.33	0.22	713
CTNNB1	p.S33Y	0.33	0.34	489
CTNNB1	p.S45del	0.10	0.09	503
EGFR	p.G719S	0.25	0.26	487
EGFR	p.E746_A750del	0.02	0.01	802
EGFR	p.Q787Q	0.15	0.16	890
EGFR	p.T790M	0.01	0.005	897
EGFR	p.L858R	0.03	0.03	662
FBXW7	p.S668fs*39	0.33	0.25	747
FLT3	p.P986fs*8	0.10	0.10	349
KIT	p.D816V	0.10	0.11	567
KIT	p.L862L	0.08	0.08	554
KRAS	p.G13D	0.15	0.13	564
KRAS	p.G12D	0.06	0.05	558
MET	p.L238fs*25	0.07	0.07	1097
MET	p.A1357A	0.07	0.06	907
NOTCH1	p.P668S	0.30	0.30	206
NRAS	p.Q61K	0.13	0.12	650
PIK3CA	p.E545K	0.09	0.08	500
PIK3CA	p.H1047R	0.18	0.16	574
RET	p.L769L	0.60	0.64	481
TP53	p.P72R	0.93	0.95	175

ONCOaccuPanel™ Zielgenliste

Entire coding Exon (244 genes)											
ABL1	ABL2	ABRAXAS1	AKT1	AKT2	AKT3	ALK	APC	AR	ARAF	ARID1A	ARID1B
ARID2	ASXL1	ATM	ATR	ATRX	AURKA	AURKB	AURKC	AXIN1	AXL	BAP1	BARD1
BCOR	BRAF	BRCA1	BRCA2	BRD2	BRD3	BRD4	BRIPI	CBFB	CCND1	CCND2	CCND3
CCNE1	CD274	CDH1	CDK12	CDK4	CDK6	CDKN1A	CDKN1B	CDKN1C	CDKN2A	CDKN2B	CDKN2C
CEBPA	CHEK1	CHEK2	CREBBP	CSF1R	CTNNA1	DDR1	DDR2	DDX3X	DNMT3A	DOT1L	DPYD
EGFR	EPHA3	EPHA2	ERBB2	ERBB3	ERBB4	ERCC2	ERCC4	ERG	ERRFI1	ESR1	ETV1
ETV4	ETV5	ETV6	EWSR1	EZH2	FANCA	FANCB	FANCC	FANCD2	FANCE	FANCF	FANCG
FANCI	FANCL	FANCM	FBXW7	FGF19	FGF4	FGFR1	FGFR2	FGFR3	FGFR4	FH	FLCN
FLT1	FLT3	FLT4	FOXL2	FOXO1	FUBP1	GATA2	GEN1	GNAI1	GNAQ	GNAS	H3F3A
HDAC9	HGF	HNF1A	HRAS	IDH1	IDH2	IGF1R	IGF2	JAK1	JAK2	JAK3	KDM6A
KDR	KIF1B	KIT	KMT2A	KMT2D	KRAS	LRP1B	LTK	MAP2K1	MAP2K2	MAP2K4	MAP3K1
MAP3K4	MAPK1	MAPK3	MAPK8	MCL1	MDM2	MDM4	MED12	MEN1	MET	MITF	MLH1
MPL	MRE11	MSH2	MSH6	MTAP	MTOR	MYB	MYC	MYCN	NBN	NF1	NF2
NFKB1A	NKX2-1	NME1	NOTCH1	NOTCH2	NOTCH3	NOTCH4	NRAS	NTRK1	NTRK2	NTRK3	NUTM1
PALB2	PARP1	PAX3	PAX7	PBRM1	PDGFB	PDGFRA	PDGFRB	PHOX2B	PIK3CA	PIK3CB	PIK3CD
PIK3R1	PIK3R2	PMS2	POLD1	POLE	PPARG	PPP2R2A	PTCH1	PTCH2	PTEN	PTPN11	RAD50
RAD51	RAD51B	RAD51C	RAD51D	RAD52	RAD54L	RAF1	RARA	RB1	RELN	RET	RICTOR
RNF43	ROS1	RREB1	RSP01	RSP02	RUNX1	SDHA	SDHB	SDHC	SDHD	SETD2	SLX4
SMAD2	SMAD4	SMARCA4	SMARCB1	SMO	SOX2	SOX9	SPOP	SRC	STK11	SYK	TERT
TET2	TFEB	TMPRSS2	TOP1	TOP2A	TP53	TRPA1	TSC1	TSC2	UBE2T	VHL	WT1
XP01	XRCC2	ZFTA	ZNF3								

Partial Intron included Promoter included

[Coverage on the promoter region of TERT]



*NTRK1: Fusionspartner für alle Krebsarten

*ALK, EGFR, RET, ROS1: Fusionspartner für Lungenkrebs

*BRAF: Fusionspartner für unbekanntem Krebs

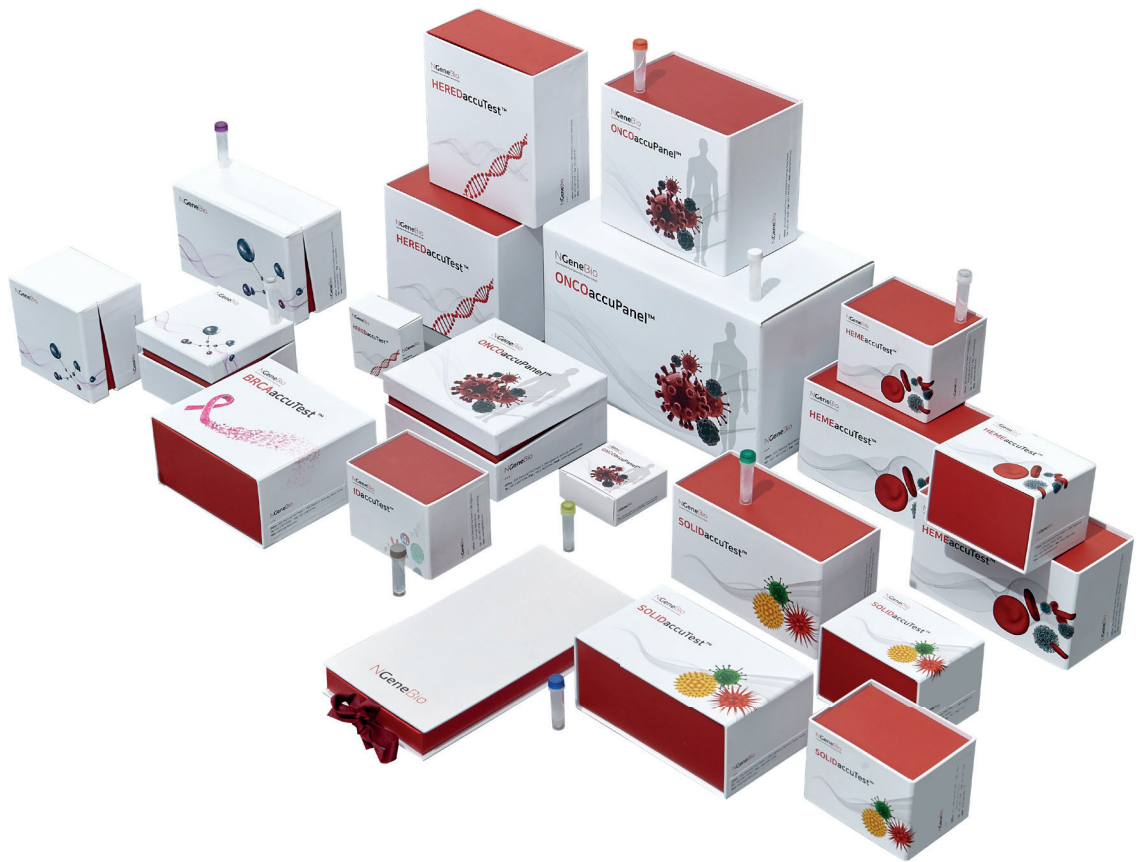
Die Promotorregion von TERT hat einen hohen Guanin-Cytosin (GC)-Gehalt (>80%) und bildet leicht Sekundärstrukturen wie Haarnadelstrukturen, was zu einer schlechten Amplifikation führt. Sie wird in der Regel erfolglos amplifiziert und kann zu falsch-negativen Ergebnissen führen. Dennoch kann ONCOaccuPanel die TERT-Promotorregion abdecken, um Varianten zu erkennen, die eine wichtige Rolle bei der Tumorentstehung in soliden Tumoren spielen.

Partial Exon / Hot spot (100 genes)											
A1BG	ABCC5	ACVR2A	ADAMTS18	ADNP	AKAP7	API51	ARV1	ASH1L	BAX	BTK	CASD1
CBL	CBX4	CCDC73	CD3G	CDH26	CEBPZ	CENPV	CIC	CKAP2	CLOCK	COBLL1	CPEB2
CRIPAK	DLC1	DNAH12	DOCK3	DPA6T1	DYNC112	EBPL	EPPK1	FBXL3	FGFBP1	FMN2	FRG2B
FXR1	GRIN3B	GTPBP2	H3C2	IFITM1	IFITM3	IMPA1	IN080E	IRS1	KCTD16	KLF4	KNSTRN
KRT32	LIPT1	MADCAM1	MAX	MFSD14A	MFSD4B	MVK	MYO1A	NFE2L2	NIPA2	NNAT	NOS3
NOTCH2NL	NUDT7	OR4M2	PABPC1	PCBP1	PCDHB16	PCMTD1	PPP2R1A	PREX2	PRIM2	RAC1	RASA4
RBBP8	RGS12	RHOA	RUFY2	SEC63	SF3B1	SLC23A2	SPRR3	SSTR4	STAMBPL1	STAT3	STAU2
SULT6B1	SYNJ2	TAS2R19	TAS2R31	TCF7L2	TEAD2	TMEM60	TMPRSS13	TPSD1	TVP23A	U2AF1	WDR55
WDR87	ZFP37	ZNF141	ZNF563								

Bestellinformationen

Produkt	Katalognummer	Status	Menge	Lagerung
ONCOaccuPanel™	NGB162V-060	CE-IVD	60 rxns	-20° C
	NGB162R-030	RUO	30 rxns	

NGeneBio



Zur Etablierung eines Workflows oder zu Produktspezifikationen stehen Ihnen gerne unsere promovierten Naturwissenschaftlern mit langjähriger Erfahrung zur Verfügung.

For the establishment of a workflow or for product specifications, our PhD scientists with many years of experience are at your disposal.

provided by



HiSS
Diagnostics

Tullastraße 70
79108 Freiburg

✉ www.hiss-dx.de
🌐 hiss@hiss-dx.de

☎ (+49) 0761-389 49-0
📠 (+49) 0761-389 49-20

