OncoPro检测报告

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **方案编号：** | **HSK41959-101** | **厦维项目编号：** | **XW6003** |

**送检信息**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 受试者信息 | | | |
| 中心名称： | **{{sample.site\_name}}** | | |
| 受试者编号： | **{{sample.subject\_ID}}** | **疾病类型：** | **{{sample.primary\_disease}}** |
| 性别： | **{{sample.gender}}** | **出生年份：** | **{{sample.birthday}}** |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 样本信息 | | | | |
| 样本编号： | **{{sample.specimen\_parent\_id}}** | **样本类型：** | | **{{sample.specimen\_type}}** |
| 访视周期： | **{{sample.visit\_name}}** | **临床研究分期：** | | **{{sample.clinical\_trial\_phase}}** |
| 组织类型： | **{{sample.sample\_type}}** | **取材部位：** | | **{{sample.anatomic\_site}}** |
| 采集日期： | **{{sample.tissue\_collection\_date}}** | **切片日期：** | | **{{sample.section\_date}}** |
| 接收日期： | **{{sample.tissue\_date\_received}}** | | **报告日期：** | **{{sample.report\_date}}** |
| 检测实验室： | **上海厦维医学检验实验室有限公司** | | | |

**检测结果**

* **检测结果总结**

|  |  |
| --- | --- |
| **检测基因**  **Gene** | **检测结果**  **Detection results** |
| ***MTAP*** | {%if var.special.xw6003.MTAP%}检出{{var.special.xw6003.MTAP}}{%else%}未检出{%endif%} |
| ***CDKN2A*** | {%if var.special.xw6003.CDKN2A%}检出{{var.special.xw6003.CDKN2A}}{%else%}未检出{%endif%} |
| ***CDKN2B*** | {%if var.special.xw6003.CDKN2B%}检出{{var.special.xw6003.CDKN2B}}{%else%}未检出{%endif%} |
| **微卫星状态（MSS/MSI）** | {%if msi.var\_id==”MSS”%}MSS{%else%}MSI-H{%endif%} |
| **其他基因检测结果** | {%if var.special.xw6003.other%}检出{{var.special.xw6003.other}}{%else%}未检出{%endif%} |

**注：**

1. DNA用于检测点突变（SNV）、插入/缺失、微卫星不稳定性、拷贝数扩增和纯合缺失变异；RNA用于检测融合和MET exon14 skipping等。
2. *MTAP*/*CDKN2A*/*CDKN2B*基因变异类型包括点突变（Single Nucleotide Variations , SNV）、插入/缺失突变（Insertion and Deletion, InDel）和纯合缺失（Homozygous Deletion, HD）。
3. 检测微卫星不稳定状态时只区分MSI-H和非MSI-H，不能区分MSI-L 和MSS样本。

* **详细检测结果**

1. **SNV/Indel检测结果**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **变异类型** | **检测结果** | **变异频率** | **变异分类** |
| {%tr if qc.dna\_data\_qc.cleandata\_q30\_num >= 0.75 and qc.dna\_data\_qc.depth\_ssbc\_num >=400%} | | | | |
| {%tr if (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_snvindel%} | | | | |
| {%tr for a in (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_snvindel%} | | | | |
| *{{a.gene\_symbol}}* | SNV/Indel | {{a.transcript\_primary}} {{a.gene\_region}} {{a.hgvs\_c}} {{a.hgvs\_p}} | {{[a, sample]|freq\_stran}} | {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类变异  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类变异  {%p endif%} |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_snvindel%} | | | | |
| {%tr for b in (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_snvindel%} | | | | |
| *{{b.gene\_symbol}}* | SNV/Indel | {{b.transcript\_primary}} {{b.gene\_region}} {{b.hgvs\_c}} {{b.hgvs\_p}} | {{[b, sample]|freq\_stran}} | III类变异 |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if not (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_snvindel%} | | | | |
| / | / | / | / | / |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr else%} | | | | |
| N/A | N/A | N/A | N/A | N/A |
| {%tr endif%} | | | | |

1. **CNV检测结果**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **突变类型** | **转录本** | **拷贝数** | **变异分类** |
| {%tr if qc.dna\_data\_qc.cleandata\_q30\_num >= 0.75 and qc.dna\_data\_qc.depth\_ssbc\_num >=400%} | | | | |
| {%tr if (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_cnv%} | | | | |
| {%tr for a in (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_cnv%} | | | | |
| *{{a.gene\_symbol}}* | CNA | {{a.transcript\_primary}} | {{[a, sample]|freq\_stran}} | {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类变异  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类变异  {%p endif%} |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_cnv%} | | | | |
| {%tr for b in (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_cnv%} | | | | |
| *{{b.gene\_symbol}}* | CNA | {{b.transcript\_primary}} | {{[b, sample]|freq\_stran}} | III类变异 |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if not (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_cnv%} | | | | |
| / | / | / | / | / |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr else%} | | | | |
| N/A | N/A | N/A | N/A | N/A |
| {%tr endif%} | | | | |

1. **Fusion检测结果**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **融合类型** | **转录本** | **拷贝数** | **变异分类** |
| {%tr if qc.dna\_data\_qc.depth\_rna\_ctrl\_num>=10 %} | | | | |
| {%tr if (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_sv%} | | | | |
| {%tr for a in (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II)|filter\_sv%} | | | | |
| *{{a.gene\_symbol}}* | {{a.five\_prime\_gene}}:{{a.five\_prime\_cds}}-{{a.three\_prime\_gene}}:{{a.three\_prime\_cds}} | {{a.five\_prime\_transcript}}/{{a.three\_prime\_transcript}} | {{[a, sample]|freq\_stran}} | {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类变异  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类变异  {%p endif%} |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_sv%} | | | | |
| {%tr for b in (var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_sv%} | | | | |
| *{{b.gene\_symbol}}* | {{b.five\_prime\_gene}}:{{b.five\_prime\_cds}}-{{b.three\_prime\_gene}}:{{b.three\_prime\_cds}} | {{b.five\_prime\_transcript}}/{{b.three\_prime\_transcript}} | {{[b, sample]|freq\_stran}} | III类变异 |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr if not (var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug+var.var\_somatic.level\_III)|filter\_sv%} | | | | |
| / | / | / | / | / |
| {%tr endif%} | | | | |
| {%tr else%} | | | | |
| N/A | N/A | N/A | N/A | N/A |
| {%tr endif%} | | | | |

1. **HD检测结果**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **基因** | **外显子** | **结果判定** |
| {%tr if qc.dna\_data\_qc.snp\_cover\_ratio\_num >= 0.9%} | | |
| {%tr if hd%} | | |
| {%tr for a in hd%} | | |
| *{{a.gene\_symbol}}* | {{a.region}} | HD（纯合缺失） |
| {%tr endfor%} | | |
| {%tr else%} | | |
| **/** | **/** | **/** |
| {%tr endif%} | | |
| {%tr else%} | | |
| N/A | N/A | N/A |
| {%tr endif%} | | |

**注：**

1. 来源于肿瘤组织的变异解读遵循美国病理学会（AMP）、美国临床肿瘤学会（ASCO）和美国病理学家学会（CAP）共同参与制定的《肿瘤变异解读及报告指南（2017年版）》与中国专家共识《二代测序临床报告解读指引》，根据变异在不同癌种中对应的药物敏感性、诊断及预后证据分为四个等级：A级、B级、C级、D级。基因变异按照其临床意义的重要性分为四个等级：I类变异（具有强临床意义，具有A或B级证据）、II类变异（具有潜在临床意义，具有C或D级证据）、III类变异（临床意义不明）和IV类变异（良性和可能良性变异，已知无临床意义）。
2. 变异分类中仅报告I类变异、II类变异和III类变异的检测结果。
3. “/”表示阴性，没有相关结果输出；“N/A”表示不适用或无法评估。

* **检出变异的临床意义提示**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **检测结果** | | **丰度/拷贝数/基因型** | **临床提示（耐药/敏感，证据等级）** |
| {%tr if var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II%} | | | | |
| {%tr for a in var.var\_for\_regimen.level\_I+var.var\_for\_regimen.level\_II%} | | | | |
| {{a|gene\_symbol}} | {{a|var\_info}} | | {{[a,sample]|freq\_stran}} | {{a|significance\_regimen}} |
| {%tr endfor%} | | | | |
| {%tr else%} | | | | |
| - | - | - | | - |
| {%tr endif%} | | | | |

1. 检出变异与临床意义相关性的证据水平分为A、B、C、D四个等级，A级：对应癌种中FDA/NMPA批准或指南推荐的治疗、诊断或预后的相关标志物；B级：专家共识或III/IV期临床试验研究表明对患者肿瘤治疗有敏感或耐药、或具有诊断、预后意义的生物标志物；C级: FDA/NMPA批准或专业指南推荐的在其他癌种对某个治疗方案敏感或耐药的标志物；或者是作为临床试验入组标准的标志物；或者是多个小型研究结果证实具有诊断或预后意义的标志物；D级: 临床前研究表明具有潜在的治疗意义，或基于小型研究或多个案例报告可能作为辅助疾病诊断或预后的标志物（结论未形成共识）。具有明确临床意义的I类变异，对应药物敏感性证据级别为A级和B级；具有潜在临床意义的II类变异，对应药物敏感性证据级别为C级和D级；不会对临床意义尚不明确的III类变异做药物敏感性分析。

* **具有临床意义的基因变异详细解读**

{%p for a in [var\_brca, var, sample]|somatic\_level12\_inter%}

|  |  |
| --- | --- |
| **{%p if a.bio\_category==”Snvindel”%}**  ***{{a.gene\_symbol}}* {{a.gene\_region}} {{a.hgvs\_c}}{%if a.hgvs\_p!=”p.?”%} {{a.hgvs\_p}}{%endif%}**  **{%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}**  **{%p if a.cnv\_type==”loss”%}**  ***{{a.gene\_symbol}}*缺失**  **{%p else%}**  ***{{a.gene\_symbol}}* 扩增**  **{%p endif%}**  **{%p elif a.bio\_category==”Sv” or a.bio\_category==”PSeqRnaSv”%}**  **{%p if a.five\_prime\_gene == “MET” and a.three\_prime\_gene == “MET”%}**  ***MET* exon14 skipping**  **{%p else%}**  **{%p if “CRC12” in sample.prod\_names or “Classic” in sample.prod\_names%}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}* -*{{a.three\_prime\_gene}}* 融合**  **{%p else%}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}* : {{a.five\_prime\_cds}}-*{{a.three\_prime\_gene}}* : {{a.three\_prime\_cds}} 融合**  **{%p endif%}**  **{%p endif%}**  **{%p endif%}**  **{%p if (“CRC12” in sample.prod\_names or “Classic” in sample.prod\_names) and a.judge\_mergeMET %}**  **（MET exon14 skipping）**  **{%p endif%}** | |
| **基因介绍** | {%p if “,” in a.gene\_symbol and (a.bio\_category==”Sv” or a.bio\_category == “PSeqRnaSv”)%}  {%p if a.five\_prime\_gene != a.three\_prime\_gene %}  {{a.five\_prime\_gene\_function|e}}  {{a.three\_prime\_gene\_function|e}}  {%p else%}  {{a.five\_prime\_gene\_function|e}}  {%p endif%}  {%p else%}  {{a.gene\_function|e}}  {%p endif%} |
| **变异解读** | {% if (“CRC12” in sample.prod\_names or “Classic” in sample.prod\_names) and a.bio\_category == “Sv”%}{%if a.five\_prime\_gene ==”MET” and a.three\_prime\_gene ==”MET”%}{{a.variant\_desc\_cn|e}}{{a.variant\_interpret\_cn|e}}{%else%}本次检测到融合突变为{{a.five\_prime\_gene}}-{{a.three\_prime\_gene}}融合，融合模式为{{a.var\_desc\_merge}}。{%endif%}{%else%}{{a.variant\_desc\_cn|e}}{{a.variant\_interpret\_cn|e}}{%endif%}{% if (“CRC12” in sample.prod\_names or “Classic” in sample.prod\_names) and a.judge\_mergeMET%}本次实验在RNA水平也检测到MET exon14 skipping。{%endif%} |
| **治疗策略** | {%p if “TC21” in sample.prod\_names%}  {%p if a.evi\_sum.evi\_split and a.evi\_sum.evi\_split.Predictive\_merge %}  {%p if a.evi\_sum.evi\_split.Predictive\_merge%}  {%p for b in a.evi\_sum.evi\_split.Predictive\_merge%}  **{{b.regimen\_name}}：**  {{b.evi\_interpretation|e}}  {%p endfor%}  {%p endif%}  {%p else%}  目前关于该变异的临床治疗实践尚不明确。  {%p endif%}  {%p elif sample.prod\_names in [“BRCA1/BRCA2（全血）”, “BRCA1/BRCA2（组织）”, “BRCA1/BRCA2（组织 全血）”] and “complete” in sample.report\_name %}  FDA或NMPA已批准奥拉帕利等PARP抑制剂用于携带BRCA1和BRCA2基因有害或疑似有害突变（胚系或体细胞）的卵巢癌、乳腺癌、胰腺癌、前列腺癌等肿瘤患者的治疗。  {%p else%}  {%p for b in a.evi\_sum|evi\_sum%}  **{%if b.regimen%}{{b.regimen}}：{%endif%}**  {{b.inter|e}}  {%p endfor%}  {%p endif%} |

{%p endfor%}

{%p if not [var\_brca, var, sample]|somatic\_level12\_inter%}

|  |  |
| --- | --- |
| **-** | |
| **基因介绍** | - |
| **变异解读** | - |
| **治疗策略** | - |

**{%p endif%}**

**注：**

1. 本部分仅对解读为I类-强临床意义、II类-潜在临床意义的变异进行详细解读。

**编制人/日期： 复核人/日期：**

**注：**本报告仅针对本次送检标本，该检测为肿瘤患者个体化治疗提供参考，治疗方案由医生决策。

**检测内容**

* **检测方法**

样本核酸提取后采用“人类实体瘤多基因突变检测试剂盒（高通量测序法）进行文库构建和目标区域捕获，测序平台为NextSeq CN500，采用厦门艾德“ADXHS-OncoPro”分析模块对检测数据进行分析，并报告全部基因的检测结果。

|  |  |
| --- | --- |
| **试剂盒名称** | **货号** |
| 人类实体瘤多基因突变检测试剂盒（高通量测序法） | 8.06.0169 |

* **检测局限性**

1. 本检测仅在DNA/RNA水平进行检测，检测的变异类型仅为点突变（SNV)、插入/缺失（InDel)、微卫星不稳定性（MSI)、拷贝数扩增（CNV)、融合（Fusion）、MET exon14 skipping及纯合缺失（HD）；不包含其他水平（如蛋白水平）的变异或其他类型的突变。
2. 阴性结果不能完全排除突变基因的存在，样本中肿瘤细胞过少，样本过度降解或突变含量低于检测限亦可造成阴性结果。

**数据质控**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **质控内容** | | **合格标准** | **风险标准** | **质控结果** |
| 病理质控 | 肿瘤细胞含量 | ≥30％ | 5%≤肿瘤细胞含量＜30%（仅针对Ia剂量递增阶段样本） | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.macrodissection\_performed==”是”%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.tumor\_content\_macrodissection\_performed}}  {%p else%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.tumor\_content}}  {%p endif%} |
| 提取质控 | DNA浓度 | ≥4.3 ng/µL | 1.43 ng/µL≤DNA浓度<4.3 ng/µL（仅针对Ia剂量递增阶段样本） | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.dna\_concn%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.dna\_concn|replace(“.00”,””)}} ng/µL  {%p else%}  N/A  {%p endif%} |
| DNA总量 | ≥30 ng | / | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.dna\_qty%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.dna\_qty|replace(“.00”,””)}} ng  {%p else%}  N/A  {%p endif%} |
| RNA浓度 | ≥4 ng/µL | / | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.rna\_concn%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.rna\_concn|replace(“.00”,””)}} ng/µL  {%p else%}  N/A  {%p endif%} |
| RNA总量 | ≥30 ng | / | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.rna\_qty%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.rna\_qty|replace(“.00”,””)}} ng  {%p else%}  N/A  {%p endif%} |
| 文库质控 | 文库浓度 | ≥5 ng/µL | / | {%p if lib\_quality\_control and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc and lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.library\_concn%}  {{lib\_quality\_control.lib\_dna\_qc.library\_concn|replace(“.00”,””)}} ng/µL  {%p else%}  N/A  {%p endif%} |
| 数据质控 | Clean Q30 | ≥75％ | / | {{qc.dna\_data\_qc.cleandata\_q30|replace(“.00%”,”%”)}} |
| 平均有效测序深度 | ≥400X | / | {{qc.dna\_data\_qc.depth\_ssbc|replace(“.00”, “”)}}X |
| RNA内参拷贝数 | ≥10X | / | {{qc.dna\_data\_qc.depth\_rna\_ctrl|replace(“.00”, “”)}}X |
| SNP区域50X覆盖率 | ≥90% | / | {{qc.dna\_data\_qc.snp\_cover\_ratio|replace(“.00%”,”%”)}} |

**注：**

1. 点突变（SNV）、插入/缺失突变（Indel）、微卫星不稳定性（MSI）、拷贝数扩增变异（CNV）的测序数据质控参数为平均有效测序深度，融合（Fusion）和MET exon14 skipping变异的测序数据质控参数为RNA内参拷贝数，纯合缺失（HD）的测序数据质控参数为SNP区域50 ×覆盖率，若变异类型对应的测序数据质控参数的质控数值不合格，则不输出相应变异类型的检测结果。
2. 预期用于点突变（SNV）、插入/缺失突变（Indel）、微卫星不稳定性（MSI）、拷贝数扩增（CNV）和融合（Fusion）等变异类型检测的肿瘤细胞含量不低于20%；当5%≤肿瘤细胞含量＜20%时，进行风险检测。预期用于纯合缺失（HD）检测的肿瘤细胞含量不低于30%；当5%≤肿瘤细胞含量＜30%时，进行风险检测。
3. 样本质控数值低于合格标准时，检测结果可能存在突变位点假阴性结果，以及影响拷贝数扩增、微卫星不稳定性和纯合缺失结果的准确性。

* **名词解释**

Clean Q30: 测序的准确率高于99.9%的碱基的比例

平均有效测序深度（Depth\_CDS）: 校正后CDS目标区域每个碱基被覆盖到的次数的平均值

RNA内参拷贝数（RNA-Control）: 该拷贝数低于10时表示RNA质量较差、RNA反转录投入量不足或RNA中含有抑制剂，一般应重新提取RNA进行实验

SNP区域50X覆盖率（Coverage(50X)\_SNP）：检测SNP区域内有效深度≥50 X的位点覆盖度

**检测范围**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因列表** | | | | | | |
| *MTAP* | *CDKN2A* | *CDKN2B* | *BRCA2* | *RAD51C* | *RAD51D* | *RAD51B* |
| *ATM* | *NBN* | *RAD50* | *BRIP1* | *MRE11* | *BARD1* | *ATR* |
| *CHEK1* | *FANCL* | *TP53* | *POLE* | *POLD1* | *GEN1* | *ABRAXAS1* |
| *ERCC1* | *AURKA* | *RAD54L* | *EGFR* | *FGFR1* | *CHEK2* | *BRAF* |
| *KRAS* | *FANCD2* | *ERBB2* | *AKT1* | *AKT2* | *GSTP1* | *VEGFA* |
| *PRKACA* | *IFNGR1* | *TSC2* | *FANCA* | *MYB* | *TSC1* | *ATRX* |
| *CD274* | *RBM10* | *MSH6* | *FANCC* | *LMP1* | *LMP2* | *AR* |
| *ABTB2* | *AKT3* | *ALK* | *APC* | *ARAF* | *ARID1A* | *ARID1B* |
| *ARID2* | *AXIN1* | *B2M* | *BAP1* | *BMPR1A* | *BRD3* | *BRD4* |
| *CCND1* | *CCNE1* | *CDH1* | *CDK12* | *CDK4* | *CDK6* | *CDKN1B* |
| *BRCA1* | *PALB2* | *CHD1* | *CLDN18* | *CLIP1* | *CTNNB1* | *CYP17A1* |
| *CYP2D6* | *DDR2* | *DICER1* | *DNAJB1* | *DNMT3A* | *DPYD* | *EIF1AX* |
| *ELK4* | *EPCAM* | *ERBB3* | *ERCC2* | *ERG* | *ESR1* | *ETV1* |
| *ETV4* | *ETV5* | *EZH2* | *FAT1* | *FBXW7* | *FGF19* | *FGFR2* |
| *FGFR3* | *FGFR4* | *FH* | *FLT3* | *FOXA1* | *GATA3* | *GATA6* |
| *GLI1* | *GLI2* | *GNA11* | *GNA14* | *GNAQ* | *GNAS* | *GTF2I* |
| *H3-3A* | *H3C2* | *H3C3* | *HDAC2* | *HOXB13* | *HRAS* | *HSD3B1* |
| *IDH1* | *IDH2* | *IFNGR2* | *JAK1* | *JAK2* | *KDM5C* | *KDM6A* |
| *KEAP1* | *KIT* | *KMT2B* | *KMT2C* | *KMT2D* | *MAP2K1* | *MAP2K4* |
| *MDM2* | *MDM4* | *MET* | *MLH1* | *MLH3* | *MMS22L* | *MSH2* |
| *MSH3* | *EBNA1* | *MTOR* | *MUTYH* | *MYC* | *MYCN* | *NF1* |
| *NF2* | *NFE2L2* | *NKX2-1* | *NRAS* | *NRG1* | *NSD3* | *NTRK1* |
| *NTRK2* | *NTRK3* | *NUTM1* | *PAX8* | *PBRM1* | *PDCD1LG2* | *PDGFRA* |
| *PIK3CA* | *PIK3R1* | *PMS2* | *PPP2R1A* | *PTCH1* | *PTCH2* | *PTEN* |
| *QKI* | *RAF1* | *RASA1* | *RASGRF1* | *RB1* | *RET* | *RICTOR* |
| *RIT1* | *RNF43* | *ROS1* | *SETD2* | *SF3B1* | *SMAD4* | *SMARCA2* |
| *SMARCA4* | *SMARCB1* | *SMO* | *SPOP* | *STAT3* | *STK11* | *SUFU* |
| *TERT* | *TET2* | *TGFBR2* | *UGT1A1* | *VHL* | *YAP1* | *ZFTA* |
| *ZNF532* | *ZNF592* | *BZLF1* | *EBER1* | *EBER2* |  |  |