



复旦大学附属肿瘤医院  
精准肿瘤中心基因检测

# 胰腺肿瘤多基因检测报告



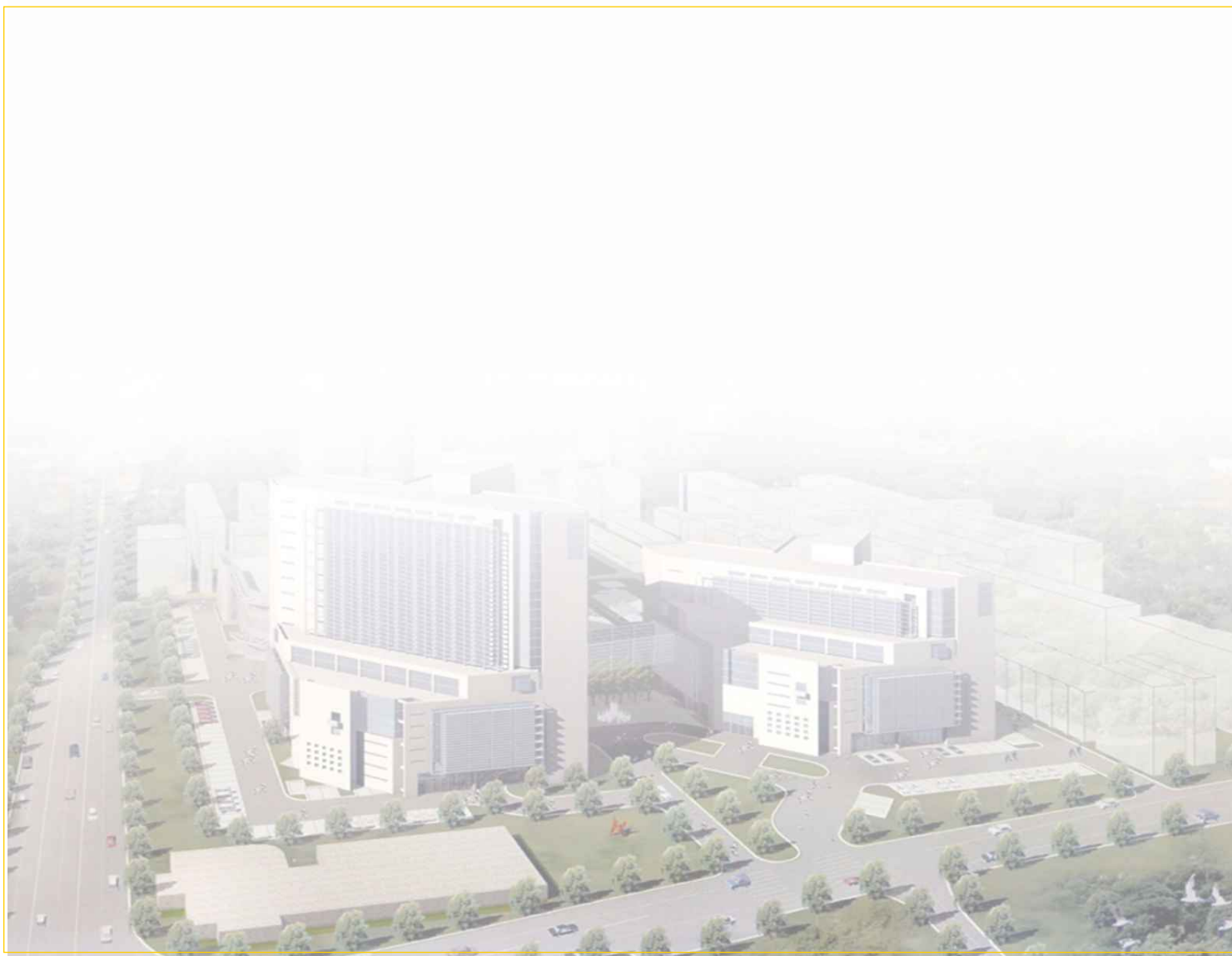
## 患者信息

姓 名：	秦晓强	院 区：	徐汇院区
检 测 样 本：	外周血 手术标本	科 室：	胰腺外科
性 别：	男	样 本 号：	AZ2309523B AZ2309523S
住 院 号：	2168477	检 测 时 间：	2023-06-30
身 份 证 号：	370203197509135916	报 告 时 间：	2023-07-26
联 系 方 式：	18516569138	报 告 版 本：	V1.3
诊 断：	胰头恶性肿瘤		

## 检测简介

多基因panel指将若干基因对应的探针设计到同一张捕获芯片上以捕获目标DNA并用于后续的基因测序。如今越来越多的基因变异被证实与各种形式的肿瘤相关，也有越来越多的靶向药物被证实对某种类型的癌症有治疗效果。多基因panel可以检测出对诊断、治疗有指导意义的基因突变，对肿瘤患者进行精准分型，同时也可能帮助某些肿瘤患者参加到临床试验中。

复旦大学附属肿瘤医院胰腺癌多基因检测panel挑选TCGA数据库、MSKCC-IMPACT数据库中与肿瘤发生发展及靶向治疗密切相关的基因。基于第二代测序技术，利用生物素探针杂交法富集其中682个基因的重要外显子区域与部分内含子以及部分启动子区域，并进行高深度测序，从而发现与肿瘤治疗有明确相关性的基因突变、拷贝数变异、微卫星不稳定性及肿瘤突变负荷等事件。但连锁不平衡、大片段缺失、染色体倒置、染色体倍数变异、单亲二体变异、甲基化改变不属于本次检测范畴。





#### 检测结果小结

基因名称	变异来源	变异类型	促癌变异	靶向药物	药物敏感性	证据等级
ATM	胚系变异	移码缺失	是			

本次检测未发现提示药物靶点的生物学标志物。

本次检测发现有意义的遗传性基因突变。

#### 注：

1. 本次检测结果小结仅依据本次检测发现的基因变异，依据目前医学发展掌握的证据汇总。
2. 很多突变功能未经过完整的研究，很多突变为新发现突变，部分检测到的突变意义暂时无法充分解释。
3. 就本次检测而言，体细胞变异指的是从体细胞发现的基因变异，本次检测仅报告突变等位基因频率超过2%的体细胞突变。胚系变异指的是从外周血白细胞发现的基因变异。
4. 大部分靶向药物仍处于基础研究或临床试验阶段，未正式应用于临床治疗。
5. 1类证据：FDA（食品药品监督管理局）认证的生物学标志物提示患者对FDA批准在该病症中有适应症的药物敏感；2A类证据：标准治疗的生物学标志物提示患者对FDA批准在该病症中有适应症的药物敏感；2B类证据：标准治疗的生物学标志物提示患者对FDA批准在其他病症中有适应症的药物敏感；3A类证据：有临床证据的生物学标志物提示患者对该病症中有适应症的药物敏感；3B类证据：有临床证据的生物学标志物提示患者对在其他病症中有适应症的药物敏感；4类证据：有生物学证据的生物学标志物提示患者对相应的药物敏感；R1类证据：FDA认证的生物学标志物提示患者对FDA批准在该病症中有适应症的药物耐药；R2类证据：有临床证据的生物学标志物可预测患者对该药物的耐药性。
6. 有意义的遗传性基因突变包括评级为致病性及可能致病性胚系突变；对于评级为尚不明确的胚系突变，需要进一步的遗传学和基因组学研究。
7. 本报告具体临床意义及可用药物请咨询您的主治医生。



报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚

## 微卫星不稳定检测结果

MSI	结果
3.28	MS-Stable

## MMR相关基因检测结果（胚系突变）

基因	检测结果及评级	突变类型	基因型	突变位点
EPCAM	未检出			
MLH1	未检出			
MSH2	未检出			
MSH6	未检出			
PMS2	未检出			

## 肿瘤突变负荷检测结果

突变负荷（Muts/Mb）	分类
3.2	低

## 注：

1. 微卫星不稳定（MSI）是指DNA序列中简单重复序列的碱基长度和（或）重复次数的增加或减少。本次MSI状态的检测是基于检测Panel范围内的近1000个微卫星位点，采用MSIsensor 进行分析，并将MSIsensor的cutoff值设在17.25以上来定义MSI-H。
2. MSI-H人群更容易在免疫治疗中获益。
3. MSI常由MMR基因突变及功能缺失导致。
4. MLH1基因抑制肿瘤的发生，在DNA错配修复中起重要作用。MLH1基因突变可导致错配修复基因不稳定，形成微卫星重复序列最终可能造成基因的移码突变。该基因突变常见于大肠癌、胃癌、子宫内膜癌及Lynch综合征等。研究发现错配修复缺陷可能提高肿瘤对放疗、化疗及免疫治疗的敏感性。FDA已经批准PD-1/PD-L1免疫检查点抑制剂用于错配修复缺陷和微卫星不稳定的肿瘤治疗。
5. MSH2基因编码产物与其他的错配修复蛋白结合形成错配修复复合物，主要参与DNA错配修复过程。Lynch综合征患者中常发现该基因突变及其他的错配修复基因突变。该基因突变促进肿瘤发生并形成微卫星重复序列。MSH2突变在大肠癌基因检测中较常见。该基因突变也提示肿瘤对免疫检查点抑制剂治疗较敏感。MSH2基因编码错配修复相关核酸内切酶，在错配修复通路中起着重要作用。
6. MSH6基因编码一个DNA错配修复mutS家族成员。该基因突变可能与遗传性非息肉性结直肠癌、结直肠癌和子宫内膜癌有关。MSH6基因突变可能对免疫抑制剂疗效相对敏感。
7. PMS2基因突变可导致基因组错配修复缺陷从而使得基因组处于较高的不稳定状态。PMS2基因突变提示肿瘤对免疫检查点抑制剂等免疫治疗较敏感。
8. 肿瘤突变负荷（Tumor Mutation Burden, TMB）指对肿瘤组织样本进行测序，每Mb碱基序列中体细胞突变的总数。部分研究显示较高的TMB可能与PD-L1抗体免疫治疗获益相关。
9. TMB高，低的评估参考已有临床研究报道，临界值13.8mut/Mb。本次检测提供TMB值仅供参考。

报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚

药物敏感基因UGT1A1检测结果（胚系突变）

基因	多态性位点	基因型
UGT1A1	rs34983651	TA6/TA6
UGT1A1	rs4148323	A/A

注：

1. UGT1A1是伊立替康代谢过程的关键酶。UGT1A1基因多态性与伊立替康的不良反应密切相关。
2. UGT1A1\*28和UGT1A1\*6是在中国人群中分布频率最高的多态位点。
3. UGT1A1基因启动子区存在大量TA碱基重复序列，6个TA重复序列为UGT1A1\*1（野生型），7个TA重复序列为UGT1A1\*28，TA6/TA7为杂合突变，TA7/TA7为纯合突变。UGT1A1\*6的多态性在第1外显子211位，G/G为野生型，G/A为杂合突变，A/A为纯合突变。



报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚



### 组织多基因突变检测结果

基因	突变类型	突变位点	突变丰度
BRD4	错义突变	NM_058243:exon2:c.A178G:p.T60A	57.70%
EPHB1	错义突变	NM_004441:exon2:c.A92C:p.E31A	2.50%
GNAS	错义突变	NM_000516:exon8:c.C601T:p.R201C	42.00%
GRIN2A	错义突变	NM_001134407:exon13:c.C3596T:p.P1199L	53.70%
MERTK	错义突变	NM_006343:exon15:c.G2060A:p.R687Q	22.30%
VEGFB	剪切区域突变	NM_003377:exon5:c.375-2A>C	76.50%

### 注：

1. 本次检测涵盖的全部基因列表详见后页，本列表未标识的基因在本次检测中未发现体细胞突变。
2. 突变丰度指在该位点所有的等位基因中，突变的等位基因的占比（相对野生型等位基因）。例如，突变丰度40%意为该位点含有40%的突变等位基因和60%的野生型等位基因。本列表仅报告突变丰度2%以上的体细胞突变。
3. AKT1/3基因调控细胞增殖和生长，参与包括细胞凋亡和葡萄糖代谢在内的细胞过程，是PI3K/AKT信号通路中的活性中心。AKT1/3基因的E17K等突变可能会诱导肿瘤细胞增殖，并帮助肿瘤细胞抵抗某些药物，可能对AKT抑制剂敏感。
4. BRCA1/2基因具有抑制恶性肿瘤发生、调节细胞复制、修复损伤的DNA等作用，是重要的抑癌基因。拥有BRCA1/2基因突变的家族倾向于具有高乳腺癌发生率，体细胞中BRCA1/2基因突变也能诱导肿瘤的形成，并可能对PARP抑制剂Olaparib（奥拉帕尼）敏感。
5. EGFR基因是表皮生长因子受体家族成员之一，与肿瘤细胞的增殖、血管生成、肿瘤侵袭、转移及细胞凋亡的抑制有关。EGFR基因有药物敏感突变与耐药突变，目前已有许多针对EGFR基因突变的靶向药物应用于临床。
6. ESR1基因编码雌激素受体，该基因的功能性突变在内分泌治疗的人群中显著富集，有可能是产生乳腺癌内分泌耐药的重要原因之一。
7. RB1基因在调控细胞周期、抑制肿瘤生长中起重要作用。RB1的突变可能与CDK4/6抑制剂的获得性耐药相关。
8. PIK3CA基因编码PI3K的p110催化亚基中的p110 $\alpha$ 亚型。PIK3CA基因突变是乳腺癌PI3K/AKT信号通路中最常见的基因突变，包括H1047、E545、E542等位点的激活性突变能够增加PI3K的催化活性，诱导细胞转化，抵抗细胞凋亡，并可能对PI3K抑制剂或MTOR抑制剂敏感。
9. KRAS基因是RAS家族GTP酶的成员之一，调控GTP与GDP的转化，从而激活下游的MAPK、PI3K、RAF/MEK/ERK癌基因信号通路。KRAS基因突变促进肿瘤生长，携带此类基因突变的肿瘤患者可能对生长因子受体抑制剂Panitumumab、Cetuximab，以及酪氨酸激酶抑制剂Regorafenib耐药。
10. NRAS基因编码细胞膜相关的GTP酶，调控MAPK和PI3K信号通路的活性。NRAS基因突变导致下游信号通路高度激活，促进肿瘤的生长。NRAS基因突变可能对生长因子受体抑制剂Panitumumab和Cetuximab。
11. BRAF基因属于受体丝氨酸/苏氨酸激酶，在MAPK信号通路中起重要作用。BRAF基因突变常见于恶性黑色素瘤、甲状腺癌、肺癌和大肠癌等肿瘤。BRAF基因突变使得MAPK信号通路不受机体调节，处于持续激活的状态，从而促进肿瘤的增殖、分化、侵袭和转移。BRAF基因突变可能对BRAF抑制剂包括Vemurafenib和Dabrafenib敏感。
12. APC基因参与 $\beta$ -catenin蛋白的泛素化降解过程，负向调节Wnt/ $\beta$ -catenin信号通路的活性，是重要的抑癌基因。具有APC基因突变的肿瘤可能对Wnt/ $\beta$ -catenin信号通路抑制剂敏感。
13. CHEK2基因编码丝氨酸/苏氨酸激酶，主要参与调节细胞周期检查点激活、细胞周期停滞、DNA损伤修复以及细胞凋亡等过程，在DNA损伤修复通路中起着重要作用。
14. PTEN基因是PI3K/AKT/mTOR信号通路中重要的抑癌基因。PTEN基因拷贝数缺失导致PTEN蛋白的缺失，使得PI3K/AKT/mTOR信号通路处于持续性的激活状态，促进肿瘤的发生发展。
15. TP53属于抑癌基因，其主要功能是参与DNA损伤修复、维持基因组稳定及促进受损细胞凋亡等，是肿瘤中最常见的突变基因。该基因突变倾向于发生Li-Fraumeni综合征。
16. 本报告所列举的基因突变并未按基因重要性排序，具体临床意义请咨询您的主治医生。

报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚

## 胚系突变检测结果

基因	突变类型	基因型	突变位点	风险评估
NOTCH2	错义突变	杂合子	NM_024408:exon1:c.C57G;p.C19W	良性
NQO1	错义突变	杂合子	NM_000903:exon6:c.C559T;p.P187S	良性
NOTCH3	错义突变	杂合子	NM_000435:exon33:c.C6668T;p.A2223V	良性
ABCB1	错义突变	杂合子	NM_001348946:exon21:c.T2677G;p.S893A	良性
UGT1A1	错义突变	纯合子	NM_000463:exon1:c.G211A;p.G71R	良性
NOTCH4	错义突变	杂合子	NM_004557:exon6:c.A958G;p.T320A	良性
NOTCH4	错义突变	杂合子	NM_004557:exon3:c.A349C;p.K117Q	良性
NOTCH4	非移码插入	杂合子	NM_004557:exon1:c.47_48insGCT;p.L16delinsLL	良性
KMT2C	错义突变	杂合子	NM_170606:exon18:c.G2963T;p.C988F	良性
KMT2C	错义突变	杂合子	NM_170606:exon18:c.T2959C;p.Y987H	良性
KMT2C	错义突变	杂合子	NM_170606:exon14:c.G2512A;p.G838S	良性
KMT2C	引入终止密码子突变	杂合子	NM_170606:exon14:c.2447dupA;p.Y816_I817delinsX	良性
KMT2C	错义突变	杂合子	NM_170606:exon11:c.G1577C;p.R526P	良性
MTHFR	错义突变	杂合子	NM_005957:exon8:c.A1286C;p.E429A	良性
XRCC1	错义突变	纯合子	NM_006297:exon10:c.A1196G;p.Q399R	良性
BRCA1	错义突变	杂合子	NM_007294:exon15:c.A4837G;p.S1613G	良性
BRCA1	错义突变	杂合子	NM_007294:exon10:c.A3548G;p.K1183R	良性
BRCA1	错义突变	杂合子	NM_007294:exon10:c.A3113G;p.E1038G	良性
BRCA1	错义突变	杂合子	NM_007294:exon10:c.C2612T;p.P871L	良性
BRCA2	错义突变	杂合子	NM_000059:exon10:c.A1114C;p.N372H	良性
BRCA2	错义突变	纯合子	NM_000059:exon14:c.T7397C;p.V2466A	良性
BRCA2	错义突变	杂合子	NM_000059:exon18:c.G8187T;p.K2729N	良性
MSH6	错义突变	杂合子	NM_000179:exon1:c.G116A;p.G39E	良性
SLCO1B1	错义突变	杂合子	NM_006446:exon6:c.T521C;p.V174A	良性
BRIP1	错义突变	纯合子	NM_032043:exon19:c.T2755C;p.S919P	良性
EPCAM	错义突变	杂合子	NM_002354:exon3:c.T344C;p.M115T	良性
ERBB2	错义突变	杂合子	NM_004448:exon17:c.A1963G;p.I655V	良性
ERBB2	错义突变	杂合子	NM_004448:exon27:c.C3508G;p.P1170A	良性
PMS2	错义突变	纯合子	NM_000535:exon11:c.A1621G;p.K541E	良性
PMS2	错义突变	杂合子	NM_000535:exon11:c.C1454A;p.T485K	良性
PMS2	错义突变	杂合子	NM_000535:exon11:c.C1408T;p.P470S	良性
ATM	移码缺失	杂合子	NM_000051:exon5:c.477_481del;p.I159fs	致病
ATM	错义突变	纯合子	NM_000051:exon40:c.A5948G;p.N1983S	良性
NBN	错义突变	杂合子	NM_002485:exon5:c.G553C;p.E185Q	良性
UMPS	错义突变	杂合子	NM_000373:exon3:c.G638C;p.G213A	良性
ARID2	错义突变	杂合子	NM_152641:exon14:c.A1759G;p.S587G	良性
TP53	错义突变	纯合子	NM_000546:exon4:c.C215G;p.P72R	良性

报告人：胡欣

审核人：王坚



注：

1. 从外周血白细胞基因检测出的遗传变异称为胚系突变，胚系变异是指在人的胚胎发育时便已携带的变异（几乎全部遗传自父母，人体的所有细胞都带有一致的胚系变异），这区别于肿瘤体细胞突变（在肿瘤发生过程中产生，只存在于肿瘤细胞中）。
2. 该表列出了指南推荐进行胰腺癌筛查的基因、其他遗传性胰腺癌相关基因以及其他可能致病的基因突变，这些基因的胚系突变是胰腺癌发生的危险因素并有概率从其他直系亲属身上检出。
3. STK11、CDKN2A、MLH1、MSH2、MSH6、PALB2、PMS2、BRCA1/2、ATM、FANCC、FANCG和胰腺癌遗传致病性相关，本次基因检测到的突变致病性评估结果中致病和可能致病的基因有：ATM 其该表列出了本次检测中发现的胚系变异及多态性，并根据多个大型已知遗传数据库对这些位点进行风险评估。
4. 本次检测中发现的胚系突变注释根据相关疾病数据库进行，风险评估仅供参考。
5. 如对结果有任何疑问,或者咨询相关干预措施，请至门诊就诊询问主治医生。



报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚



## 组织多基因拷贝数变异检测结果

基因	检测结果	拷贝数
ERBB2	正常	2.2
CDK4	正常	1.9
CDK6	正常	2.4
CYP2D6	正常	2.2
MDM2	正常	2.5
MDM4	正常	2.4
MET	正常	2.2
MYC	正常	3.1

## 注：

1. 基因拷贝数变异是一种介于1kb至3 Mb的DNA片段的变异，大部分拷贝数变异都与复杂疾病密切相关。拷贝数变异如果发生在肿瘤相关基因序列内部或周围可能引起癌基因激活、抑癌基因失活，最终导致肿瘤的发生。基因拷贝数变异通过改变基因剂量、调节基因活性影响基因表达、表型差异和表型适应，从而引起肿瘤以及其他遗传疾病。
2. CDK4基因是Ser / Thr蛋白激酶家族的成员，是蛋白激酶复合物的催化亚基，负责视网膜母细胞瘤基因（Rb）的磷酸化。已证实该基因及其相关蛋白的突变可诱发多种癌症。
3. CDK6基因是CMGC丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶家族的成员，可调节肿瘤抑制蛋白Rb的活性。该基因的突变可导致细胞增殖减少，细胞运动性和极性受损，从而诱发多种癌症。
4. CYP2D6基因编码细胞色素P450超家族的成员。细胞色素P450蛋白是单加氧酶，可催化涉及药物代谢和胆固醇、类固醇和其他脂质合成的许多反应。
5. ERBB2基因是表皮生长因子受体家族的一员，该基因的拷贝数扩增激活下游信号通路，促进肿瘤的发生发展。ERBB2/HER2拷贝数扩增的肿瘤可能对单克隆抗体敏感。
6. MDM2基因可编码泛素连接酶E3。该基因通过靶向肿瘤抑制蛋白，从而促进蛋白酶体降解，最后诱导肿瘤形成。该基因本身受p53转录调控，其过表达或扩增与多种癌症相关。
7. MDM4基因可编码一种与p53结合蛋白MDM2结构相似的核蛋白，可与p53肿瘤抑制蛋白相结合并抑制其活性，已发现该基因在多种人类癌症中过表达。
8. MET基因可编码酪氨酸激酶受体和原癌基因MET产物，在细胞存活，胚胎发生以及细胞迁移和侵袭中发挥重要作用。该基因的突变与乳头状肾细胞癌，肝细胞癌和多种头颈癌有关，另外其扩增和过表达也与多种人类癌症有关。
9. MYC基因在细胞周期进程、细胞凋亡及转化中发挥重要作用。MYC基因扩增导致Myc蛋白持续性表达，引起许多基因的无规则高表达，最终可导致肿瘤形成，可能对BET抑制剂敏感。
10. 本报告所列举的基因拷贝数变异并未按基因重要性排序。具体临床意义请咨询您的主治医生。
11. 本检测的拷贝数变异结果仅供参考，对于有治疗意义的拷贝数变异建议进行FISH检测验证。

报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚

## 组织基因重排检测结果

基因	检测结果
ALK	未检出
BCL2	未检出
BCR	未检出
BRAF	未检出
BRCA1	未检出
BRCA2	未检出
CD274	未检出
CD74	未检出
CD86	未检出
EGFR	未检出
ERBB4	未检出
ETV4	未检出
ETV5	未检出
ETV6	未检出
EWSR1	未检出
EZR	未检出
FGFR1	未检出
FGFR2	未检出
FGFR3	未检出
KIT	未检出
KMT2A	未检出
MET	未检出
MSH2	未检出
MYB	未检出
MYC	未检出
NOTCH2	未检出
NRG1	未检出
NTRK1	未检出
NTRK2	未检出
NTRK3	未检出
NUTM1	未检出
PDGFRA	未检出
RAF1	未检出
RARA	未检出
RET	未检出
ROS1	未检出
RSPO2	未检出
SDC4	未检出
SLC34A2	未检出
TMPESS2	未检出

报告人：胡欣

审核人：王坚



注：

1. ALK基因融合突变是非小细胞肺癌常见的一种驱动基因，ALK融合突变阳性的患者使用克唑替尼等ALK抑制剂可以获益。
2. BCL2基因编码完整的线粒体外膜蛋白，可阻止某些细胞（如淋巴细胞）的凋亡性死亡。BCL2的组成型表达可诱导滤泡性淋巴瘤。
3. BCR基因和ABL基因编码融合蛋白，BCR-ABL1的酪氨酸激酶活性不受控制，有助于白血病细胞的永生。BCR蛋白具有丝氨酸/苏氨酸激酶活性，是p21<sup>rac</sup>和其他激酶的GTPase激活蛋白。
4. BRAF基因属于RAF丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶家族成员，可以影响细胞分裂、分化和分泌。该基因的突变可导致黑色素瘤、非霍奇金淋巴瘤、结肠直肠癌、甲状腺癌、非小细胞肺癌和肺腺癌等。
5. BRCA1基因编码核磷蛋白，可以维持基因组稳定性，并且可作为肿瘤抑制因子。在转录、DNA修复以及重组中发挥作用。该基因的突变可导致遗传性乳腺癌，遗传性乳腺癌和卵巢癌。
6. BRCA2基因和BRCA1的遗传突变增加了罹患乳腺癌或卵巢癌的风险。BRCA1和BRCA2可以维持基因组稳定性，特别是双链DNA修复的同源重组。BRCA2被认为是抑癌基因。
7. CD274，通常也称为PDL1，是一种与受体PD1结合的配体，通常存在于T细胞上并起到阻断T细胞活化的作用。PD1在包括黑色素瘤和非小细胞肺癌在内的多种癌症中表达，推测PD1 / PDL1的相互作用是肿瘤逃避免疫应答的可能机制。现已经开发出许多靶向PD1 / PDL1相互作用的检查点阻断抑制剂，包括pembrolizumab和nivolumab，以使T细胞识别肿瘤细胞而不被肿瘤灭活。
8. CD28基因编码的蛋白质对于T细胞的增殖和存活，细胞因子的产生以及T型辅助2型发育至关重要。
9. CD74基因编码的蛋白质与II类主要组织相容性复合物（MHC）相关，可调节免疫反应抗原呈递；同时作为细胞表面受体可以启动存活途径和细胞增殖。
10. EGFR基因编码跨膜糖蛋白，是蛋白激酶超家族的成员，是一种与表皮生长因子结合的细胞表面蛋白。其与配体的结合诱导受体二聚化和酪氨酸自磷酸化并导致细胞增殖。该基因的突变可诱导肺癌。
11. ERBB4（HER4）是受体酪氨酸激酶EGFR亚家族的四个成员之一。配体包括EGF、上皮调节蛋白、β纤维蛋白和神经调节蛋白。其中NRG3和NRG4专门结合HER4。已在多种癌症类型中鉴定出ERBB4突变，包括黑色素瘤、肺腺癌和髓母细胞瘤。
12. ETV4基因是一种蛋白质编码基因，与该基因相关的疾病包括尤文肉瘤和骨外尤文肉瘤。该基因可参与LKB1和RET信号传导。
13. ETV5基因是一种蛋白质编码基因，与其相关的疾病包括神经纤维瘤病和尿道综合症。其相关途径包括IL12介导的信号通路和FOXO1转录因子网络。
14. ETV6基因编码ETS家族转录因子。小鼠基因敲除研究表明，该基因在造血和血管网络发育中是必需的。该基因与白血病和先天性纤维肉瘤相关。
15. EWSR1基因编码一种多功能蛋白质，可参与各种细胞过程，如基因表达、细胞信号传导以及RNA加工和运输。该基因与编码转录因子的多种基因之间的染色体易位促成癌症，同时该基因的突变也会引起尤文氏肉瘤以及其他多种肿瘤。
16. EZR基因编码的细胞质外周膜蛋白在微绒毛中起蛋白质酪氨酸激酶底物的作用。作为ERM蛋白家族的成员，该蛋白可作为质膜和肌动蛋白细胞骨架之间的中间产物，在细胞表面结构的粘附，迁移和组织中起着关键作用，并且与多种人类癌症有关。
17. FGFR1基因是成纤维细胞生长因子受体（FGFR）家族的成员，可影响有丝分裂和分化。该基因的突变与Pfeiffer综合征，Jackson-Weiss综合征，Antley-Bixler综合征，骨球发育不良和常染色体显性Kallmann综合征2相关。涉及该基因的染色体畸变与干细胞骨髓增生性疾病和干细胞白血病淋巴瘤综合征有关。
18. FGFR2基因是成纤维细胞生长因子受体家族的成员，可影响有丝分裂和分化。该基因的突变与克鲁佐氏综合症，普发氏综合症，颅神经病，阿珀特氏综合症，杰克逊-魏斯氏综合症，比利·史蒂文森角质回旋综合征，赛特尔-乔岑氏综合症和综合征性颅骨融合症有关。
19. FGFR3基因是成纤维细胞生长因子受体（FGFR）家族的成员，可影响有丝分裂和分化，并在骨骼发育和维持中发挥重要作用。该基因的突变会导致颅突增生和多种类型的骨骼发育不良。
20. KIT基因编码原癌基因c-kit的人类同源物。该蛋白是肥大细胞生长因子，也称为干细胞因子的3型跨膜受体。该基因的突变与胃肠道间质瘤，肥大细胞疾病，急性骨髓性贫血和花斑病有关。
21. KMT2A基因编码一个转录共激活因子，可调节早期发育和造血过程中基因表达。介导与表观遗传转录激活相关的染色质修饰，调节特定靶基因转录。可诱导急性淋巴白血病和急性髓细胞性白血病。
22. MET基因编码酪氨酸激酶受体蛋白家族成员和原癌基因MET的产物。在细胞存活，胚胎发育以及细胞迁移和侵袭中起作用。该基因的突变与乳头状肾细胞癌、肝细胞癌和各种头颈癌有关。该基因的扩增和过表达也与多种人类癌症有关。

报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚



23. MSH2基因突变可诱导遗传性非息肉性结肠癌，是大肠杆菌错配修复基因mutS的人类同源物，与遗传性非息肉性结肠癌中发现的微卫星序列（RER<sup>+</sup>表型）的特征性变化一致。
24. MYB基因编码具有三个HTH DNA结合结构域的蛋白质，可调节转录，在造血过程中起着至关重要的作用。该基因是癌基因，可诱导白血病和淋巴瘤。
25. MYC基因是一种原癌基因，可编码一种核磷蛋白，在细胞凋亡和转化中起作用。该基因的扩增可诱导许多人类癌症。该基因的易位可诱导伯基特淋巴瘤和多发性骨髓瘤。
26. NOTCH2基因是NOTCH家族的成员，在多种发育过程中发挥重要作用。该蛋白质在反式高尔基体网络中裂解，并以异二聚体形式存在于细胞表面。该蛋白可作为膜结合配体的受体，并在血管、肾脏和肝脏发育中起作用。
27. NRG1融合是一个罕见的致癌驱动基因。NRG1融合在多种实体瘤中均被发现，但整体发生率极低。在肺癌患者中，CD74是最常见的NRG1融合伙伴。阿法替尼是一种潜在的治疗方案，可用于多种癌症类型的NRG1融合阳性肿瘤患者。
28. NTRK1基因是神经营养性酪氨酸激酶受体（NTRK）家族的成员，是一种膜结合受体，可导致细胞分化。该基因的突变与先天性无痛症，无汗症，自残行为，认知障碍和癌症有关。
29. NTRK2基因是神经营养性酪氨酸受体激酶（NTRK）家族的成员，是一种膜结合受体，可通过信号传导导致细胞分化。该基因的突变与肥胖和情绪障碍有关。
30. NTRK3基因是神经营养性酪氨酸受体激酶（NTRK）家族的成员，是一种膜结合受体，可导致细胞分化。该基因的突变与髓母细胞瘤，分泌性乳腺癌和其他多种癌症有关。
31. NUTM1基因是一种蛋白质编码基因，在调节扩增中发挥作用，可调节TERT表达。与该基因相关的疾病包括NUT中线瘤和喉神经内分泌肿瘤。
32. PDGFRA基因编码血小板衍生的生长因子细胞表面酪氨酸激酶受体，在器官发育、伤口愈合和肿瘤发生发展中起作用。该基因的突变与特发性高嗜酸性粒细胞综合征、体细胞和家族性胃肠道间质瘤以及多种其他癌症有关。
33. PDGFRB基因编码血小板衍生的生长因子细胞表面酪氨酸激酶受体，对于心血管系统的正常发育至关重要，并有助于肌动蛋白细胞骨架的重排。该基因与5-q综合征和嗜酸性粒细胞增多的慢性骨髓增生性性疾病有关。
34. RAF1基因通过MEK1和MEK2，以及ERK1和ERK2通路在细胞分裂周期、凋亡、细胞分化和细胞迁移中起重要作用。该基因的突变与Noonan综合征和LEOPARD综合征有关。
35. RARA基因是核视黄酸受体，可以调节转录，与发育、分化、凋亡，肉芽肿有关。该基因与其他基因之间的易位与急性早幼粒细胞白血病有关。
36. RET基因融合在几类甲状腺恶性肿瘤里很常见，RET基因融合也发生在非小细胞肺癌。RET基因重排患者对凡德他尼、卡博替尼等药物治疗敏感性增加。
37. ROS1基因可与多个基因发生融合突变，其中最主要的融合伙伴是CD74。ROS1基因融合患者对克唑替尼和色瑞替尼相对敏感。
38. RSPO2基因编码R-spondin蛋白家族的成员，可通过抑制泛素E3连接酶增强Wnt信号传导。该基因所在染色体的异位可导致基因融合从而诱导多种人类癌症。
39. SDC4该基因位于20号染色体上，编码的蛋白质是跨膜（I型）硫酸乙酰肝素蛋白聚糖，可作为细胞内信号传导受体。
40. SLC3A2基因是溶质载体家族的成员，编码细胞表面跨膜蛋白。其编码的转运蛋白在调节细胞内钙水平以及转运L型氨基酸中起重要作用。
41. TMPRSS2基因是丝氨酸蛋白酶家族成员，参与多种生理和病理过程。该基因与前列腺癌密切相关，在前列腺癌细胞中，该基因被雄激素所上调，而在雄激素非依赖性前列腺癌组织中被下调。

报告人：胡欣

审核人：王坚

胡欣

王坚

#### 样本质控

质量参数		组织样本	血液样本
DNA质量评估	送检DNA总量	4.1μg	1.1μg
测序质量评估	总序列数	22.1M	6.3M
	插入片段长度	199bp	201bp
	序列回贴比率	100.00%	100.00%
	平均测序深度	926x	269x
	靶向区域深度>10x占比	99.2%	99.1%
总体质量评估		合格	

#### 注：

1. 部分样品可能出现如溶血、黄疸、脂血等情况，对检测结果可能产生干扰。
2. 送检DNA总量：DNA总提取量如果偏低可能会影响检测低丰度突变的敏感性。
3. 总序列数：二代测序获得的总的序列片段。
4. 插入片段长度：DNA文库插入片段长度的中位数，体现了原始DNA片段的长度分布。
5. 序列回贴比率：成功比对回到参考基因组的序列数目占比。
6. 平均测序深度：目标基因每个碱基被测到的平均次数，数值过低会影响本次检测的准确性。
7. 深度>10x占比：测序深度超过10X的区域占有目标区间的比例。
8. 总体质量评估：结合以上参数进行综合评估。若出现风险建库的质量评估判断，说明样本DNA未通过全部质检，不适合后续检测。继续检测所得到的数据分析结果的准确性和敏感性会受到一定影响。
9. 本报告结果仅对本次提供检测样本负责。



检测突变的基因列表

ABCB1	ABCC2	ABL1	ABL2	ABRAXAS1	ACVR1	ACVR1B	ACVR2A	ADGRA2	AFF1
AGO2	AHNAK	AKT1	AKT2	AKT3	ALK	ALOX12B	AMER1	ANKRD11	APC
APCDD1	AR	ARAF	ARFRP1	ARHGEF12	ARID1A	ARID1B	ARID2	ARID5B	ARMCS5
ARRDC3	ASH1L	ASXL1	ASXL2	ASXL3	ATF1	ATM	ATP1A1	ATP2B3	ATR
ATRX	AURKA	AURKB	AXIN1	AXIN2	AXL	B2M	BABAM1	BACH1	BAP1
BARD1	BBC3	BCL10	BCL2	BCL2L1	BCL2L11	BCL2L2	BCL6	BCOR	BCORL1
BCR	BIRC3	BLM	BMPR1A	BMS1	BRAF	BRCA1	BRCA2	BRD4	BRIP1
BTG1	BTG2	BTK	C8orf34	CACNA1D	CALR	CARD11	CARM1	CASP7	CASP8
CBFB	CBL	CCN6	CCND1	CCND2	CCND3	CCNE1	CD22	CD274	CD276
CD40	CD70	CD74	CD79A	CD79B	CD80	CD86	CDA	CDC42	CDC73
CDH1	CDK12	CDK4	CDK6	CDK8	CDKN1A	CDKN1B	CDKN1C	CDKN2A	CDKN2B
CDKN2C	CEBPA	CENPA	CHD1	CHD2	CHD4	CHEK1	CHEK2	CHUK	CIC
CLASP2	CNTNAP5	COL1A1	COP1	CRBN	CREBBP	CRKL	CRLF2	CSDE1	CSF1R
CSF3R	CTCF	CTLA4	CTNNA1	CTNNB1	CUL3	CUL4A	CUL4B	CUX1	CXCR4
CYLD	CYP17A1	CYP19A1	CYP2C8	CYP2D6	CYSLTR2	DAXX	DCUN1D1	DDR1	DDR2
DEPDC5	DICER1	DIS3	DMC1	DNAJB1	DNMT1	DNMT3A	DNMT3B	DOT1L	DPYD
DROSHA	DUSP4	E2F3	EED	EGFL7	EGFR	EGLN1	EGLN2	EIF1AX	EIF4A2
EIF4E	ELF3	ELK4	ELOC	EME1	EME2	EMSY	EP300	EPAS1	EPCAM
EPHA2	EPHA3	EPHA5	EPHA7	EPHB1	EPHB4	ERBB2	ERBB3	ERBB4	ERCC1
ERCC2	ERCC3	ERCC4	ERCC5	ERF	ERG	ERRFI1	ESR1	ETV1	ETV4
ETV5	ETV6	EWSR1	EZH1	EZH2	EZR	FANCA	FANCC	FANCD2	FANCE
FANCF	FANCG	FANCI	FANCL	FANCM	FAS	FAT1	FAT3	FBXW7	FCGR2B
FGF10	FGF12	FGF14	FGF19	FGF23	FGF3	FGF4	FGF6	FGF7	FGFR1
FGFR2	FGFR3	FGFR4	FH	FHIT	FLCN	FLT1	FLT3	FLT4	FOXA1
FOXL2	FOXO1	FOXP1	FRS2	FUBP1	FYN	GABRA6	GATA1	GATA2	GATA3
GATA4	GATA6	GCGR	GEN1	GID4	GLI1	GNA11	GNA13	GNAQ	GNAS
GPS2	GREM1	GRIN2A	GRM3	GSK3B	GSTM1	GSTP1	GSTT1	H1-2	H2BC5
H3-3A	H3-3B	H3-4	H3-5	H3C1	H3C10	H3C11	H3C12	H3C13	H3C14
H3C2	H3C3	H3C4	H3C6	H3C7	H3C8	HDAC1	HDAC2	HDAC4	HGF
HLA-A	HLA-B	HMGB1	HNF1A	HNF1B	HOXB13	HRAS	HSD3B1	HSP90AA1	ICOSLG
ID3	IDH1	IDH2	IFNGR1	IGF1	IGF1R	IGF2	IKBKE	IKZF1	IL10
IL7R	INHA	INHBA	INPP4A	INPP4B	INPL1	INSR	IPMK	IRF2	IRF4
IRS1	IRS2	JAK1	JAK2	JAK3	JUN	KAT6A	KCNJ5	KDM5A	KDM5C
KDM6A	KDR	KEAP1	KEL	KIT	KLF4	KLHL6	KMT2A	KMT2B	KMT2C
KMT2D	KNSTRN	KRAS	LATS1	LATS2	LMO1	LRP1B	LTK	LYN	LZTR1
MAF	MAFA	MAGI2	MALT1	MAP2K1	MAP2K2	MAP2K4	MAP3K1	MAP3K13	MAP3K14
MAP4K2	MAPK1	MAPK3	MAPKAP1	MAPKBP1	MAX	MCAM	MCL1	MDC1	MDH2
MDM2	MDM4	MED12	MEF2B	MEN1	MERTK	MET	MGA	MGMT	MITF
MKNK1	MLH1	MLH3	MLLT1	MPL	MRE11	MSH2	MSH3	MSH4	MSH6
MSI1	MSI2	MST1	MST1R	MTAP	MTHFR	MTOR	MUS81	MUTYH	MYB
MYC	MYCL	MYCN	MYD88	MYOD1	NBN	NCOA3	NCOR1	NEB	NEGR1





## 检测突变的基因列表

NF1	NF2	NFE2L2	NFKB1A	NKX2-1	NKX3-1	NOTCH1	NOTCH2	NOTCH3	NOTCH4
NPM1	NQO1	NR3C1	NR4A3	NRAS	NRG1	NSD1	NSD2	NSD3	NT5C2
NTHL1	NTRK1	NTRK2	NTRK3	NUF2	NUMA1	NUP93	NUTM1	OGG1	P2RY8
PAK1	PAK3	PAK5	PALB2	PARP1	PARP2	PARP3	PARP4	PAX5	PBRM1
PDCD1	PDCD1LG2	PDGFRA	PDGFRB	PDK1	PDPK1	PGR	PHF2	PHOX2B	PIK3C2B
PIK3C2G	PIK3C3	PIK3CA	PIK3CB	PIK3CD	PIK3CG	PIK3R1	PIK3R2	PIK3R3	PIM1
PLCG2	PLK2	PMAIP1	PML	PMS1	PMS2	PNRC1	POLD1	POLE	POM121L12
POT1	PPARG	PPM1D	PPP2R1A	PPP2R2A	PPP4R2	PPP6C	PRDM1	PRDM14	PREX2
PRKACA	PRKAR1A	PRKCI	PRKD1	PRKDC	PRKN	PRSS8	PRUNE2	PSIP1	PTCH1
PTEN	PTK2	PTP4A1	PTPN11	PTPRD	PTPRO	PTPRS	PTPRT	QKI	RAB35
RAC1	RAC2	RAD21	RAD50	RAD51	RAD51AP2	RAD51B	RAD51C	RAD51D	RAD52
RAD54L	RAF1	RANBP2	RARA	RASA1	RASSF1	RB1	RBBP8	RBM10	RBM6
RECQL	RECQL4	REL	RET	RHEB	RHOA	RICTOR	RIT1	RNF43	ROBO1
ROBO2	ROS1	RPA1	RPL22	RPS6KA4	RPS6KB2	RPTOR	RRAGC	RRAS	RRAS2
RRM1	RSPO2	RTEL1	RUNX1	RUNX1T1	RXRA	RYBP	SDC4	SDHA	SDHAF2
SDHB	SDHC	SDHD	SESN1	SESN2	SESN3	SETD2	SF1	SF3A1	SF3B1
SGK1	SH2B3	SH2D1A	SHOC2	SHQ1	SLC34A2	SLCO1B1	SLX1A	SLX4	SMAD2
SMAD3	SMAD4	SMARCA2	SMARCA4	SMARCB1	SMARCD1	SMO	SMYD3	SNCAIP	SOCS1
SOS1	SOX10	SOX17	SOX2	SOX9	SPEN	SPOP	SPRED1	SRC	SRSF2
STAG2	STAT3	STAT4	STAT5A	STAT5B	STK11	STK19	STK40	SUFU	SUGP2
SUZ12	SYK	TACC3	TAF1	TAP1	TBX3	TCF3	TCF7L2	TEK	TENT5C
TERC	TERT	TET1	TET2	TGFBR1	TGFBR2	TIMP3	TIPARP	TMEM127	TMPPRS2
TNFAIP3	TNFRSF14	TNFSF11	TOP1	TOP2A	TP53	TP53BP1	TP53BP2	TP63	TPMT
TRAF2	TRAF7	TRIM33	TRRAP	TSC1	TSC2	TSHR	TYMS	TYRO3	U2AF1
U2AF2	UGT1A1	UMPS	UPF1	USP6	USP8	VEGFA	VEGFB	VEGFC	VHL
VTN1	WRN	WT1	WWTR1	XIAP	XPC	XPO1	XRCC1	XRCC2	XRCC3
XRCC4	XRCC6	YAP1	YES1	YY1	ZBTB2	ZFH3	ZNF217	ZNF292	ZNF703
ZNRF3	ZRSR2								

## 检测拷贝数变异的基因列表

CDK4	CDK6	CYP2D6	ERBB2	MDM2	MDM4	MET	MYCL
------	------	--------	-------	------	------	-----	------

## 检测基因重排的基因列表

ALK	BCL2	BCR	BRAF	BRCA1	BRCA2	CD274	CD74	CD86	EGFR
ERBB4	ETV4	ETV5	ETV6	EWSR1	EZR	FGFR1	FGFR2	FGFR3	KIT
KMT2A	MET	MSH2	MYB	MYC	NOTCH2	NRG1	NTRK1	NTRK2	NTRK3
NUTM1	PDGFRA	RAF1	RARA	RET	ROS1	RSPO2	SDC4	SLC34A2	TMPPRS2

注：

1. 标注红色的基因为本次胰腺癌检测重点关注的核心基因。
2. 标注黑色的基因在胰腺癌既往研究报道中有一定频率的基因变异，但目前对胰腺癌诊断治疗的意义仍有待进一步研究。



## 肿瘤靶向药物基因及突变信息（非检测结果，仅供参考）

基因	常见突变位点	肿瘤	等级	药物
ABL1	BCR-ABL1融合	B淋巴细胞白血病/淋巴瘤，BCR-ABL1+	1	Dasatinib, Imatinib
	BCR-ABL1融合	慢性粒细胞白血病，BCR-ABL1+	1	Nilotinib, Dasatinib, Imatinib
AKT1	E17K	乳腺癌	3A	AZD5363
	E17K	子宫内膜癌	3A	AZD5363
	E17K	卵巢癌	3A	AZD5363
ALK	融合	非小细胞肺癌	1	Crizotinib, Alectinib, Ceritinib
	致癌突变	非小细胞肺癌	1	Brigatinib, Lorlatinib
	融合	炎性肌纤维母细胞瘤	2A	Crizotinib, Ceritinib
	C1156Y	非小细胞肺癌	R2	Crizotinib
	G1202R	非小细胞肺癌	R2	Alectinib
	G1269A	非小细胞肺癌	R2	Crizotinib
	I1171N	非小细胞肺癌	R2	Alectinib
	L1196M	非小细胞肺癌	R2	Crizotinib
ARAF	致癌突变	组织细胞增多症	3A	Sorafenib
	致癌突变	非小细胞肺癌	3A	Sorafenib
ATM	致癌突变	所有实体肿瘤	4	Olaparib
BRAF	V600E	未分化甲状腺癌	1	Dabrafenib + Trametinib
	V600	埃尔德海姆 - 切斯特病	1	Vemurafenib
	V600E	黑色素瘤	1	Vemurafenib, Dabrafenib, Dabrafenib + Trametinib, Vemurafenib + Cobimetinib, Trametinib, Encorafenib + Binimetinib
	V600K	黑色素瘤	1	Dabrafenib + Trametinib, Vemurafenib + Cobimetinib, Trametinib, Encorafenib + Binimetinib
	V600E	非小细胞肺癌	1	Dabrafenib + Trametinib
	D287H	所有肿瘤	4	PLX8394
	D594	所有肿瘤	4	PLX8394
	F595L	所有肿瘤	4	PLX8394
	G464	所有肿瘤	4	PLX8394
	G466	所有肿瘤	4	PLX8394
	G469	所有肿瘤	4	PLX8394
	G596	所有肿瘤	4	PLX8394
	K601	所有肿瘤	4	PLX8394
	L597	所有肿瘤	4	PLX8394
	N581	所有肿瘤	4	PLX8394
	S467L	所有肿瘤	4	PLX8394
	V459L	所有肿瘤	4	PLX8394



	V600	结直肠癌	3A	Panitumumab + Dabrafenib + Trametinib
	V600E	结直肠癌	3A	Encorafenib + Binimetinib + Cetuximab
	融合	黑色素瘤	3A	Cobimetinib, Trametinib
	K601	黑色素瘤	3A	Trametinib
	L597	黑色素瘤	3A	Trametinib
	融合	卵巢癌	3A	Cobimetinib, Trametinib
BRCA1	致癌突变	卵巢癌	1	Rucaparib, Niraparib
	致癌突变	乳腺癌	2A	Talazoparib, Olaparib
	致癌突变	卵巢癌	2A	Olaparib
BRCA2	致癌突变	卵巢癌	1	Rucaparib, Niraparib
	致癌突变	乳腺癌	2A	Talazoparib, Olaparib
	致癌突变	卵巢癌	2A	Olaparib
CDK4	扩增	去分化脂肪肉瘤	2A	Abemaciclib, Palbociclib
	扩增	高分化脂肪肉瘤	2A	Abemaciclib, Palbociclib
CDKN2A	致癌突变	所有实体肿瘤	4	Abemaciclib, Palbociclib, Ribociclib
	A750P	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	A763_Y764insFQEA	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	E709K	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	E709_T710delinsD	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	Exon 19缺失	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Osimertinib, Dacomitinib, Gefitinib
	Exon 19插入	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	G719	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	激酶区域重复	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	L747P	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	L833V	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	L858R	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Osimertinib, Dacomitinib, Gefitinib
EGFR	L861	非小细胞肺癌	1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	M277E	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	S768I	非小细胞肺癌	1	Afatinib, Erlotinib, Gefitinib
	T790M	非小细胞肺癌	1	Osimertinib
	A289V	胶质瘤	4	Lapatinib
	扩增	胶质瘤	4	Lapatinib
	R108K	胶质瘤	4	Lapatinib
	T263P	胶质瘤	4	Lapatinib
	D761Y	非小细胞肺癌	4	Osimertinib
	Exon 20插入	非小细胞肺癌	3A	Pozotinib
	Exon 20插入	非小细胞肺癌	R1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	T790M	非小细胞肺癌	R1	Erlotinib, Afatinib, Gefitinib
	C797G	非小细胞肺癌	R2	Osimertinib
	C797S	非小细胞肺癌	R2	Osimertinib





	D761Y	非小细胞肺癌	R2	Gefitinib
ERBB2	扩增	乳腺癌	1	Lapatinib + Trastuzumab, Pertuzumab + Trastuzumab, Ado-Trastuzumab Emtansine, Lapatinib, Neratinib, Trastuzumab
	扩增	食管胃癌	1	Trastuzumab
	致癌突变	乳腺癌	3A	Neratinib
	致癌突变	非小细胞肺癌	3A	Ado-Trastuzumab Emtansine, Neratinib
ERCC2	致癌突变	膀胱癌	3A	Cisplatin
ESR1	致癌突变	乳腺癌	3A	AZD9496, Fulvestrant
EWSR1	EWSR1-FLI1融合	尤文氏肉瘤	4	TK216
FGFR1	致癌突变	所有实体肿瘤	4	AZD4547, Erdafitinib, BGJ398, Debio1347
	扩增	肺鳞癌	3A	AZD4547, Erdafitinib, BGJ398, Debio1347
FGFR2	致癌突变	所有实体肿瘤	4	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	融合	膀胱癌	3A	AZD4547, Erdafitinib, BGJ398, Debio1347
	融合	胆管癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
FGFR3	致癌突变	所有实体肿瘤	4	AZD4547, Erdafitinib, BGJ398, Debio1347
	融合	膀胱癌	3A	AZD4547, Erdafitinib, BGJ398, Debio1347
	G370C	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	G380R	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	K650	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	R248C	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	S249C	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	S371C	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
	Y373C	膀胱癌	3A	AZD4547, BGJ398, Erdafitinib, Debio1347
FLT3	内部串联重复	急性髓性白血病	3A	Sorafenib
HRAS	致癌突变	头颈部鳞状细胞癌	3A	Tipifarnib
IDH1	致癌突变	急性髓性白血病	1	Ivosidenib
IDH2	R140Q	急性髓性白血病	1	Enasidenib
	R172	急性髓性白血病	1	Enasidenib
JAK2	PCM1-JAK2融合	慢性嗜酸细胞性白血病	3A	Ruxolitinib
KDM6A	致癌突变	膀胱癌	4	Tazemetostat, GSK343
KIT	Exon 17突变	胃肠道间质瘤	1	Regorafenib
	致癌突变	胃肠道间质瘤	1	Regorafenib, Imatinib, Sunitinib
	T670I	胃肠道间质瘤	1	Regorafenib, Sunitinib
	V654A	胃肠道间质瘤	1	Regorafenib, Sunitinib
	Exon 17突变	胃肠道间质瘤	2A	Sorafenib
	D816	黑色素瘤	2A	Imatinib
	Exon 17突变	黑色素瘤	2A	Imatinib
	致癌突变	黑色素瘤	2A	Imatinib
	T670I	黑色素瘤	2A	Imatinib
	V654A	黑色素瘤	2A	Imatinib
	D816	胸腺肿瘤	2A	Sunitinib, Sorafenib



	Exon 17突变	胸腺肿瘤	2A	Sunitinib, Sorafenib
	致癌突变	胸腺肿瘤	2A	Sunitinib, Sorafenib
	T670I	胸腺肿瘤	2A	Sunitinib, Sorafenib
	V654A	胸腺肿瘤	2A	Sunitinib, Sorafenib
	D816	肥大细胞增多症	3A	Avapritinib
	Exon 17突变	胃肠道间质瘤	R2	Imatinib, Sunitinib
	T670I	胃肠道间质瘤	R2	Imatinib
	V654A	胃肠道间质瘤	R2	Imatinib
KRAS	野生型	结直肠癌	1	Regorafenib, Panitumumab, Cetuximab
	致癌突变	所有肿瘤	4	Cobimetinib, Binimetinib, Trametinib
	致癌突变	结直肠癌	R1	Panitumumab, Cetuximab
MAP2K1	致癌突变	组织细胞增多症	3A	Cobimetinib, Trametinib
	致癌突变	低分化浆液性卵巢癌	3A	Cobimetinib, Trametinib
	致癌突变	黑色素瘤	3A	Cobimetinib, Trametinib
	致癌突变	非小细胞肺癌	3A	Cobimetinib, Trametinib
MDM2	扩增	脂肪肉瘤	3A	DS-3032b, RG7112
	扩增	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
MET	D1010H	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	D1010N	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	D1010Y	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	Exon 14 剪切区域突变	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	Y1003C	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	Y1003F	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	Y1003N	非小细胞肺癌	2A	Crizotinib
	扩增	肾细胞癌	2A	Cabozantinib
	D1010H	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	D1010N	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	D1010Y	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	Exon 14剪切区域突变	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	Y1003C	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	Y1003F	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	Y1003N	非小细胞肺癌	3A	Cabozantinib, Capmatinib
	扩增	非小细胞肺癌	R2	Erlotinib, Gefitinib
	D1228N	非小细胞肺癌	R2	Crizotinib, Cabozantinib, Capmatinib
	Y1230H	非小细胞肺癌	R2	Crizotinib, Capmatinib
MTOR	致癌突变	所有实体肿瘤	4	Temsirolimus, Everolimus
	E2014K	膀胱癌	3A	Everolimus
	E2419K	膀胱癌	3A	Everolimus
	L1460P	肾细胞癌	3A	Temsirolimus
	L2209V	肾细胞癌	3A	Temsirolimus
	L2427Q	肾细胞癌	3A	Temsirolimus
	Q2223K	肾细胞癌	3A	Everolimus
	致癌突变	所有实体肿瘤	4	Cobimetinib, Trametinib



NRAS	致癌突变	黑色素瘤	3A	Binimetinib, Binimetinib + Ribociclib
	致癌突变	甲状腺癌	3A	Selumetinib + Radioiodine Uptake Therapy
	致癌突变	结直肠癌	R1	Panitumumab, Cetuximab
NTRK1	融合	所有实体肿瘤	1	Larotrectinib
	融合	所有实体肿瘤	3A	Entrectinib
	G595R	所有实体肿瘤	R2	Larotrectinib
NTRK2	融合	所有实体肿瘤	1	Larotrectinib
	融合	所有实体肿瘤	3A	Entrectinib
NTRK3	融合	所有实体肿瘤	1	Larotrectinib
	融合	所有实体肿瘤	3A	Entrectinib
	G623R	所有实体肿瘤	R2	Larotrectinib
PDGFRA	FIP1L1-PDGFR融合	慢性嗜酸性粒细胞性白血病	1	Imatinib
	融合	骨髓增生异常/骨髓增生性肿瘤	1	Imatinib
	D842V	胃肠道间质瘤	2A	Dasatinib
	致癌突变	胃肠道间质瘤	2A	Imatinib
	D842V	胃肠道间质瘤	R1	Imatinib
PDGFRB	融合	隆突性皮肤纤维肉瘤	1	Imatinib
	融合	骨髓增生异常/骨髓增生性肿瘤	1	Imatinib
PIK3CA	致癌突变	乳腺癌	3A	Buparlisib, Alpelisib + Fulvestrant, Serabelisib, Copanlisib, GDC-0077, Taselisib + Fulvestrant, Alpelisib, Buparlisib + Fulvestrant, Taselisib
PTCH1	截断突变	胚胎性癌	3A	Sonidegib
	截断突变	非黑色素瘤的皮肤癌	3A	Sonidegib, Vismodegib
PTEN	致癌突变	所有肿瘤	4	GSK2636771, AZD8186
RET	融合	非小细胞肺癌	2A	Cabozantinib, Vandetanib, LOXO-292, BLU-667
	致癌突变	甲状腺髓样癌	3A	LOXO-292, BLU-667
ROS1	融合	非小细胞肺癌	1	Crizotinib
SMARCB1	致癌突变	所有肿瘤	4	Tazemetostat
TSC1	致癌突变	中枢神经系统肿瘤	1	Everolimus
	致癌突变	肾细胞癌	2A	Everolimus
TSC2	致癌突变	中枢神经系统肿瘤	1	Everolimus
	致癌突变	肾细胞癌	2A	Everolimus
其他生物标志物	微卫星高度不稳定	所有实体肿瘤	1	Pembrolizumab
其他生物标志物	微卫星高度不稳定	结直肠癌	1	Nivolumab





参考文献：

- 1 . Zehir A, Benayed R, Shah RH, et al. Mutational landscape of metastatic cancer revealed from prospective clinical sequencing of 10,000 patients. *Nat Med.* 2017 Jun;23(6):703-713.
- 2 . Cancer Genome Atlas Research, N., et al. (2013). The Cancer Genome Atlas Pan-Cancer analysis project. *Nat Genet* 45(10): 1113-1120.
- 3 . Chang MT, Asthana S, Gao SP, et al. Identifying recurrent mutations in cancer reveals widespread lineage diversity and mutational specificity. *Nat Biotechnol.* 2016 Feb;34(2):155-63.
- 4 . Consortium, I. T. P.-C. A. o. W. G. (2020). Pan-cancer analysis of whole genomes. *Nature* 578(7793): 82-93.
- 5 . Yao Z, Torres NM, Tao A, et al. BRAF Mutants Evade ERK-Dependent Feedback by Different Mechanisms that Determine Their Sensitivity to Pharmacologic Inhibition. *Cancer Cell.* 2015 Sep 14;28(3):370-83.
- 6 . Cancer Genome Atlas Research Network. Electronic address, a. a. d. h. e. and N. Cancer Genome Atlas Research (2017). Integrated Genomic Characterization of Pancreatic Ductal Adenocarcinoma. *Cancer Cell* 32(2): 185-203 e113.
- 7 . De Roock W, Claes B, Bernasconi D, et al. Effects of KRAS, BRAF, NRAS, and PIK3CA mutations on the efficacy of cetuximab plus chemotherapy in chemotherapy-refractory metastatic colorectal cancer: a retrospective consortium analysis. *Lancet Oncol.* 2010 Aug;11(8):753-62.
- 8 . Zhang, Z. Y. Protein tyrosine phosphatases: structure and function, substrate specificity, and inhibitor development. *Annu Rev Pharmacol Toxicol* 42: 209-234 (2002).
- 9 . Li, G. M. Mechanisms and functions of DNA mismatch repair. *Cell Res* 18(1): 85-98 (2008).
- 10 . Futreal, P. A., et al. A census of human cancer genes. *Nat Rev Cancer* 4(3): 177-183 (2004).

