

@reddyGeneticFunctionalDrivers2017

Summary of novel genes

Entity	Tier 1 genes	Tier 2 genes
DLBCL	7	53

```
---
config:
  sankey:
    showValues: true
    linkColor: target
    width: 600
    height: 300
    nodeAlignment: right
    prefix: '('
    suffix: ' genes)'
---
sankey-beta
This study, New Tier 1, 7
New Tier 1, DLBCL Tier 1, 7
This study, New Tier 2, 53
New Tier 2, DLBCL Tier 2, 53
All other DLBCL studies, DLBCL Tier 1, 121
All other DLBCL studies, DLBCL Tier 2, 145
```

Novel genes reported in this study

Tier 1

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality
ATM	1	★★★★☆☆
BIRC6	1	★★★★☆☆
HIST1H2BC	1	★★★★★☆☆
HNRNPU	1	★★★★☆☆
SETD1B	1	★★★☆☆☆☆
TOX	1	★★★★☆☆
UBE2A	1	★★★★☆☆

Tier 2

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality	QC outcome
ANKRD17	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
SETD5	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
ARID5B	2	★ ★ ★ ★ ☆	Pass
ATR	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
BRINP3	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
BTBD3	2	★ ★ ★ ★ ☆	Pass
CASP8	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
TGFBR2	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
TIPARP	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
CD22	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
NF1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
IKBKB	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
JUNB	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
KCMF1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
MAGT1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
FOXP1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
FUBP1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
GOLGA5	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
MSH6	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
CDC73	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
CHD1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
CHD8	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
CHST2	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
DCAF6	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
DDX10	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
DICER1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
DNMT3A	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
HRAS	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
LIN54	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
MECOM	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality	QC outcome
MET	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
ZFX	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
YY1	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
MAP4K4	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
MARK1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
MCL1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
MSH2	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
GNAS	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
MYB	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
NCOR1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
NFKB2	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
PHF6	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
PIK3CD	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
PTPN6	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
PTPRK	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
RARA	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ARID1B	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
RUNX1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
CBLB	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
SYK	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
WAC	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
ZBTB7A	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ZFAT	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail

See Also

The primary data supporting each of the mutations reported in this study can be viewed in [IGV reports](#) along with mutations unique to the GAMBL re-analysis.[@drevalRevisitingReddyDLBCL2023]

References
