

@loveGeneticLandscapeMutations2012

Summary of novel genes

Entity	Tier 1 genes	Tier 2 genes
BL	3	56

```
---
config:
  sankey:
    showValues: true
    linkColor: target
    width: 600
    height: 300
    nodeAlignment: right
    prefix: '('
    suffix: ' genes)'
---
sankey-beta
This study, New Tier 1, 3
New Tier 1, BL Tier 1, 3
This study, New Tier 2, 56
New Tier 2, BL Tier 2, 56
All other BL studies, BL Tier 1, 26
All other BL studies, BL Tier 2, 101
```

Novel genes reported in this study

Tier 1

New gene	BL tier
ARID1A	1
GNA13	1
PTEN	1

Tier 2

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality	QC outcome
ACAD9	2	★☆☆☆☆	Fail
ACE	2	★☆☆☆☆	Fail
ATP2C2	2	★★☆☆☆	Fail

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality	QC outcome
BCL6	2	★ ★ ★ ★ ☆	Pass
BRAF	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
BRD4	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
BTG2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
C6orf27	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
CAD	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
CARD4	2	★ ★ ★ ★ ☆	Pass
CCT6B	2	Germline	Fail
CDC73	2	★ ★ ★ ☆ ☆	Pass
CDH17	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
COL4A2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
CREBBP	2	★ ★ ★ ★ ☆	
CYB5D1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
CYP4F22	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
DLGAP1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
DTX1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
EIF2C4	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
EML2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ENTPD3	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
EPHB2	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
EZH2	2	★ ★ ★ ★ ★	Pass
FAM129B	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
FGFR3	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
FTCD	2	Germline	Fail
GGTLA4	2	★ ★ ★ ★ ☆	Pass
GRIK5	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ICK	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ITPR3	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
KIFC3	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
MAP3K6	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail

Novel gene	DLBCL tier	Average variant quality	QC outcome
MYH10	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
NBEAL1	2	★ ★ ★ ★ ☆	
NOTCH1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	
NRXN2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
P2RY2	2	★ ★ ★ ★ ☆	
PC	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
POLRMT	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
POR	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
PRSS22	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
PTPRN	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
RANBP6	2	★ ★ ★ ★ ★	
RBP3	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
RET	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
SALL3	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
SAPS2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
SBF1	2	★ ★ ☆ ☆ ☆	Fail
SF3B1	2	★ ★ ★ ★ ☆	Fail
SHANK1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
SLC29A2	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
SYNGAP1	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
TBC1D9B	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
TIGD6	2	★ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
TPST2	2	☆ ☆ ☆ ☆ ☆	Fail
ZNF229	2	Germline	Fail

See Also

The primary data supporting each of the mutations reported in this study can be viewed in [IGV reports](#)

Details