



FOUNDATIONONE® HEME

# *Technische Spezifikationen*

inklusive Genliste



FOUNDATION  
MEDICINE®



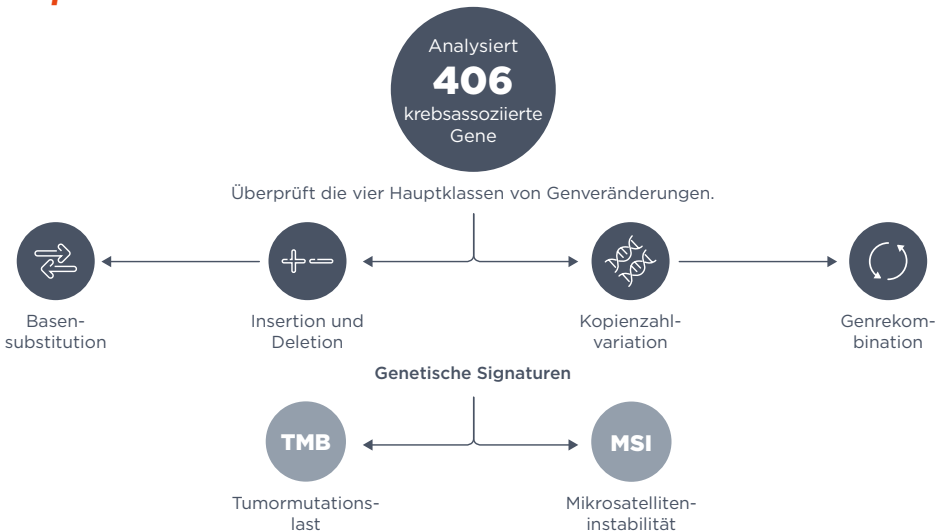
## Einsatzgebiet

FoundationOne® Heme ist ein umfassend validierter, auf Tumorgewebe basierender, genomischer Tumorprofiling-Service für Sarkome und hämatologische Krebserkrankungen und liefert einen umfangreichen Bericht, der bei der Therapieentscheidung unterstützen kann.

## Technisches Verfahren

FoundationOne Heme liefert ein umfassendes Tumorprofil, das mit Hilfe von Hybrid Capture Next Generation Sequencing mit hoher Genauigkeit krebsassoziierte Gene in vier genetischen Alterationsklassen detektieren kann: Basensubstitutionen, Insertionen und Deletionen, Kopienzahlvariationen und Genrekombinationen. Zusätzlich werden genetische Signaturen wie z. B. MSI und TMB bestimmt. Mit Hilfe von Illumina HighSeq® werden simultan die gesamte kodierende Region von 406 Genen und ausgewählte Introns von 31 Genen, die an Genrekombinationen beteiligt sind, sequenziert. Außerdem analysiert FoundationOne Heme die RNA-Sequenz (cDNA) von 265 häufig rekombinierten Genen, um bekannte und unbekannte Genfusionen zu identifizieren.<sup>1-5</sup>

**Mit nur einer Probe werden gleichzeitig 406 Gene auf DNA- Ebene und 265 Gene auf RNA- Ebene sequenziert.**



## Unser FoundationOne Heme Service bietet eine starke Leistung.

Sequenziert mit einer medianen Tiefe von 500-facher Abdeckung auf DNA- und RNA-Ebene durchschnittlich ~6,9 Millionen einzigartige Basenpaare.

Alle zu untersuchenden Proben werden vor dem Prozessieren von einem Hämatopathologen oder Pathologen auf die Probenqualität (u. a. Tumorgehalt) überprüft.

LEISTUNGSSPEZIFIKATIONEN		
Sensitivität	Basensubstitutionen bei $\geq 5\%$ geringer Allel-Frequenz	> 99%
	Insertionen/Deletionen (1-40 Basenpaare) bei $\geq 10\%$ geringer Allel-Frequenz	98%
	Fokale Kopienzahlveränderungen (homozygote Deletion oder Amplifikationen $\geq 8$ Kopien)	> 95%
	Bekannte Genrekombinationen	> 95%
Spezifität (PPV)	Positiver prädikativer Wert für Basensubstitutionen, Insertionen/Deletionen und fokale Kopienzahlveränderungen	> 99%
	Positiver prädikativer Wert (PPV) für bekannte Genfusionen	> 95%
Reproduzierbarkeit	Übereinstimmung zwischen Inter-Batch-Replikaten	97%
	Übereinstimmung zwischen Intra-Batch-Replikaten	97%
Genetische Signaturen	Tumormutationslast (TMB) <sup>†</sup> , Mikrosatelliteninstabilität (MSI) <sup>‡</sup>	
Bestimmung weiterer Biomarker	PD-L1 mit IHC (optional buchbar)	
Probenmaterial	Peripheres Vollblut, Knochenmarkaspirat, FFPE-Block oder -Objekträger	
Bearbeitungszeit	< 21 Tage <sup>§</sup>	

<sup>†</sup> Chalmers ZR, et al. "Analysis of 100,000 human cancer genomes reveals the landscape of tumor mutational burden". Genome Med. 2017;9(1):34.

<sup>‡</sup> Hall MJ, et al. Multigene Panels to Evaluate Hereditary Cancer Risk: Reckless or Relevant? J Clin Oncol. 2016 Dec;34(34):418-4187."

<sup>§</sup> Vor Erhalt der Probe bis zur Erstellung des Berichts

## Aktuelle Genliste von FoundationOne Heme

### Gene mit vollständiger Abdeckung kodierender Exons

(Basensubstitutionen, Insertionen/Deletionen, Kopienzahlvariationen)

GENLISTE						
<i>ABL1</i>	<i>ACTB</i>	<i>AKT1</i>	<i>AKT2</i>	<i>AKT3</i>	<i>ALK</i>	<i>AMER1</i> ( <i>FAM123B</i> oder <i>WTX</i> )
<i>APC</i>	<i>APH1A</i>	<i>AR</i>	<i>ARAF</i>	<i>ARFRP1</i>	<i>ARHGAP26</i> ( <i>GRAF</i> )	<i>ARID1A</i>
<i>ARID2</i>	<i>ASMTL</i>	<i>ASXL1</i>	<i>ATM</i>	<i>ATR</i>	<i>ATRX</i>	<i>AURKA</i>
<i>AURKB</i>	<i>AXIN1</i>	<i>AXL</i>	<i>B2M</i>	<i>BAP1</i>	<i>BARD1</i>	<i>BCL10</i>
<i>BCL11B</i>	<i>BCL2</i>	<i>BCL2L2</i>	<i>BCL6</i>	<i>BCL7A</i>	<i>BCOR</i>	<i>BCORL1</i>
<i>BIRC3</i>	<i>BLM</i>	<i>BRAF</i>	<i>BRCA1</i>	<i>BRCA2</i>	<i>BRD4</i>	<i>BRIP1</i> ( <i>BACH1</i> )
<i>BRSK1</i>	<i>BTG2</i>	<i>BTK</i>	<i>BTLA</i>	<i>C11orf30</i> ( <i>EMSY</i> )	<i>CAD</i>	<i>CALR</i>
<i>CARD11</i>	<i>CBFB</i>	<i>CBL</i>	<i>CCND1</i>	<i>CCND2</i>	<i>CCND3</i>	<i>CCNE1</i>
<i>CCT6B</i>	<i>CD22</i>	<i>CD274</i> ( <i>PD-L1</i> )	<i>CD36</i>	<i>CD58</i>	<i>CD70</i>	<i>CD79A</i>
<i>CD79B</i>	<i>CDC73</i>	<i>CDH1</i>	<i>CDK12</i>	<i>CDK4</i>	<i>CDK6</i>	<i>CDK8</i>
<i>CDKN1B</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>CDKN2B</i>	<i>CDKN2C</i>	<i>CEBPA</i>	<i>CHD2</i>	<i>CHEK1</i>
<i>CHEK2</i>	<i>CIC</i>	<i>CIITA</i>	<i>CKS1B</i>	<i>CPS1</i>	<i>CREBBP</i>	<i>CRKL</i>
<i>CRLF2</i>	<i>CSF1R</i>	<i>CSF3R</i>	<i>CTCF</i>	<i>CTNNA1</i>	<i>CTNNB1</i>	<i>CUX1</i>
<i>CXCR4</i>	<i>DAXX</i>	<i>DDR2</i>	<i>DDX3X</i>	<i>DNM2</i>	<i>DNMT3A</i>	<i>DOT1L</i>
<i>DTX1</i>	<i>DUSP2</i>	<i>DUSP9</i>	<i>EBF1</i>	<i>ECT2L</i>	<i>EED</i>	<i>EGFR</i>
<i>ELP2</i>	<i>EP300</i>	<i>EPHA3</i>	<i>EPHA5</i>	<i>EPHA7</i>	<i>EPHB1</i>	<i>ERBB2</i>
<i>ERBB3</i>	<i>ERBB4</i>	<i>ERG</i>	<i>ESR1</i>	<i>ETS1</i>	<i>ETV6</i>	<i>EXOSC6</i>
<i>EZH2</i>	<i>FAF1</i>	<i>FAM46C</i>	<i>FANCA</i>	<i>FANCC</i>	<i>FANCD2</i>	<i>FANCE</i>
<i>FANCF</i>	<i>FANCG</i>	<i>FANCL</i>	<i>FAS</i> ( <i>TNFRSF6</i> )	<i>FBXO11</i>	<i>FBXO31</i>	<i>FBXW7</i>
<i>FGF10</i>	<i>FGF14</i>	<i>FGF19</i>	<i>FGF23</i>	<i>FGF3</i>	<i>FGF4</i>	<i>FGF6</i>

<i>FGFR1</i>	<i>FGFR2</i>	<i>FGFR3</i>	<i>FGFR4</i>	<i>FHIT</i>	<i>FLCN</i>	<i>FLT1</i>
<i>FLT3</i>	<i>FLT4</i>	<i>FLYWCH1</i>	<i>FOXL2</i>	<i>FOXO1</i>	<i>FOXO3</i>	<i>FOXPI</i>
<i>FRS2</i>	<i>GADD45B</i>	<i>GATA1</i>	<i>GATA2</i>	<i>GATA3</i>	<i>GID4 (C17orf39)</i>	<i>GNA11</i>
<i>GNA12</i>	<i>GNA13</i>	<i>GNAQ</i>	<i>GNAS</i>	<i>GPRI24</i>	<i>GRIN2A</i>	<i>GSK3B</i>
<i>GTSE1</i>	<i>HDAC1</i>	<i>HDAC4</i>	<i>HDAC7</i>	<i>HGF</i>	<i>HIST1H1C</i>	<i>HIST1H1D</i>
<i>HIST1H1E</i>	<i>HIST1H2AC</i>	<i>HIST1H2AG</i>	<i>HIST1H2AL</i>	<i>HIST1H2AM</i>	<i>HIST1H2BC</i>	<i>HIST1H2BJ</i>
<i>HIST1H2BK</i>	<i>HIST1H2BO</i>	<i>HIST1H3B</i>	<i>HNF1A</i>	<i>HRAS</i>	<i>HSP90AA1</i>	<i>ICK</i>
<i>ID3</i>	<i>IDH1</i>	<i>IDH2</i>	<i>IGF1R</i>	<i>IKBKE</i>	<i>IKZF1</i>	<i>IKZF2</i>
<i>IKZF3</i>	<i>IL7R</i>	<i>INHBA</i>	<i>INPP4B</i>	<i>INPP5D (SHIP)</i>	<i>IRF1</i>	<i>IRF4</i>
<i>IRF8</i>	<i>IRS2</i>	<i>JAK1</i>	<i>JAK2</i>	<i>JAK3</i>	<i>JARID2</i>	<i>JUN</i>
<i>KAT6A (MYST3)</i>	<i>KDM2B</i>	<i>KDM4C</i>	<i>KDM5A</i>	<i>KDM5C</i>	<i>KDM6A</i>	<i>KDR</i>
<i>KEAP1</i>	<i>KIT</i>	<i>KLHL6</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>	<i>KMT2C (MLL3)</i>	<i>KMT2D (MLL2)</i>	<i>KRAS</i>
<i>LEF1</i>	<i>LRP1B</i>	<i>LRRK2</i>	<i>MAF</i>	<i>MAFB</i>	<i>MAGED1</i>	<i>MALT1</i>
<i>MAP2K1 (MEK1)</i>	<i>MAP2K2 (MEK2)</i>	<i>MAP2K4</i>	<i>MAP3K1</i>	<i>MAP3K14</i>	<i>MAP3K6</i>	<i>MAP3K7</i>
<i>MAPK1</i>	<i>MCL1</i>	<i>MDM2</i>	<i>MDM4</i>	<i>MED12</i>	<i>MEF2B</i>	<i>MEF2C</i>
<i>MEN1</i>	<i>MET</i>	<i>MIB1</i>	<i>MITF</i>	<i>MKI67</i>	<i>MLH1</i>	<i>MPL</i>
<i>MRE11A</i>	<i>MSH2</i>	<i>MSH3</i>	<i>MSH6</i>	<i>MTOR</i>	<i>MUTYH</i>	<i>MYC</i>
<i>MYCL (MYCL1)</i>	<i>MYCN</i>	<i>MYD88</i>	<i>MYO18A</i>	<i>NCOR2</i>	<i>NCSTN</i>	<i>NF1</i>
<i>NF2</i>	<i>NFE2L2</i>	<i>NFKBIA</i>	<i>NKX2-1</i>	<i>NOD1</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>NOTCH2</i>
<i>NPM1</i>	<i>NRAS</i>	<i>NT5C2</i>	<i>NTRK1</i>	<i>NTRK2</i>	<i>NTRK3</i>	<i>NUP93</i>
<i>NUP98</i>	<i>P2RY8</i>	<i>PAG1</i>	<i>PAK3</i>	<i>PALB2</i>	<i>PASK</i>	<i>PAX5</i>
<i>PBRM1</i>	<i>PC</i>	<i>PCBP1</i>	<i>PCLO</i>	<i>PDCD1 (PD-1)</i>	<i>PDCD11</i>	<i>PDCD1LG2 (PD-L2)</i>
<i>PDGFRA</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>PDK1</i>	<i>PHF6</i>	<i>PIK3CA</i>	<i>PIK3CG</i>	<i>PIK3R1</i>

<i>PIK3R2</i>	<i>PIM1</i>	<i>PLCG2</i>	<i>POT1</i>	<i>PPP2R1A</i>	<i>PRDM1</i>	<i>PRKARIA</i>
<i>PRKDC</i>	<i>PRSS8</i>	<i>PTCH1</i>	<i>PTEN</i>	<i>PTPN11</i>	<i>PTPN2</i>	<i>PTPN6 (SHP-1)</i>
<i>PTPRO</i>	<i>RAD21</i>	<i>RAD50</i>	<i>RAD51</i>	<i>RAF1</i>	<i>RARA</i>	<i>RASGEF1A</i>
<i>RB1</i>	<i>RELN</i>	<i>RET</i>	<i>RHOA</i>	<i>RICTOR</i>	<i>RNF43</i>	<i>ROS1</i>
<i>RPTOR</i>	<i>RUNX1</i>	<i>SIPR2</i>	<i>SDHA</i>	<i>SDHB</i>	<i>SDHC</i>	<i>SDHD</i>
<i>SERP2</i>	<i>SETBP1</i>	<i>SETD2</i>	<i>SF3B1</i>	<i>SGK1</i>	<i>SMAD2</i>	<i>SMAD4</i>
<i>SMARCA1</i>	<i>SMARCA4</i>	<i>SMARCB1</i>	<i>SMC1A</i>	<i>SMC3</i>	<i>SMO</i>	<i>SOCS1</i>
<i>SOCS2</i>	<i>SOCS3</i>	<i>SOX10</i>	<i>SOX2</i>	<i>SPEN</i>	<i>SPOP</i>	<i>SRC</i>
<i>SRSF2</i>	<i>STAG2</i>	<i>STAT3</i>	<i>STAT4</i>	<i>STAT5A</i>	<i>STAT5B</i>	<i>STAT6</i>
<i>STK11</i>	<i>SUFU</i>	<i>SUZ12</i>	<i>TAF1</i>	<i>TBL1XR1</i>	<i>TCF3 (E2A)</i>	<i>TCL1A (TCL1)</i>
<i>TET2</i>	<i>TGFBR2</i>	<i>TLL2</i>	<i>TMEM30A</i>	<i>TMSB4XP8 (TMSL3)</i>	<i>TNFAIP3</i>	<i>TNFRSF11A</i>
<i>TNFRSF14</i>	<i>TNFRSF17</i>	<i>TOP1</i>	<i>TP53</i>	<i>TP63</i>	<i>TRAF2</i>	<i>TRAF3</i>
<i>TRAF5</i>	<i>TSC1</i>	<i>TSC2</i>	<i>TSHR</i>	<i>TUSC3</i>	<i>TYK2</i>	<i>U2AF1</i>
<i>U2AF2</i>	<i>VHL</i>	<i>WDR90</i>	<i>WHSC1 (MMSET oder NSD2)</i>	<i>WISP3</i>	<i>WT1</i>	<i>XBP1</i>
<i>XPO1</i>	<i>YY1AP1</i>	<i>ZMYM3</i>	<i>ZNF217</i>	<i>ZNF24 (ZSCAN3)</i>	<i>ZNF703</i>	<i>ZRSR2</i>

**Gene mit Abdeckung von ausgewählten, nicht kodierenden Introns**  
(Basensubstitutionen, Insertionen/Deletionen, Kopienzahlvariationen)

<i>ALK</i>	<i>BCL2</i>	<i>BCL6</i>	<i>BCR</i>	<i>BRAF</i>	<i>CCND1</i>	<i>CRLF2</i>
<i>EGFR</i>	<i>EPOR</i>	<i>ETV1</i>	<i>ETV4</i>	<i>ETV5</i>	<i>ETV6</i>	<i>EWSR1</i>
<i>FGFR2</i>	<i>IGH</i>	<i>IGK</i>	<i>IGL</i>	<i>JAK1</i>	<i>JAK2</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>
<i>MYC</i>	<i>NTRK1</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>RAF1</i>	<i>RARA</i>	<i>RET</i>
<i>ROS1</i>	<i>TMPRSS2</i>	<i>TRG</i>				



## Gene mit Abdeckung von RNA-Sequenzen

(häufige Genfusionspartner)

<i>ABI1</i>	<i>ABL1</i>	<i>ABL2</i>	<i>ACSL6</i>	<i>AFF1</i>	<i>AFF4</i>	<i>ALK</i>
<i>ARHGAP26 (GRAF)</i>	<i>ARHGEF12</i>	<i>ARID1A</i>	<i>ARNT</i>	<i>ASXL1</i>	<i>ATF1</i>	<i>ATG5</i>
<i>ATIC</i>	<i>BCL10</i>	<i>BCL11A</i>	<i>BCL11B</i>	<i>BCL2</i>	<i>BCL3</i>	<i>BCL6</i>
<i>BCL7A</i>	<i>BCL9</i>	<i>BCOR</i>	<i>BCR</i>	<i>BIRC3</i>	<i>BRAF</i>	<i>BTG1</i>
<i>CAMTA1</i>	<i>CARS</i>	<i>CBFA2T3</i>	<i>CBFB</i>	<i>CBL</i>	<i>CCND1</i>	<i>CCND2</i>
<i>CCND3</i>	<i>CD274 (PD-L1)</i>	<i>CDK6</i>	<i>CDX2</i>	<i>CHIC2</i>	<i>CHN1</i>	<i>CIC</i>
<i>CIITA</i>	<i>CLP1</i>	<i>CLTC</i>	<i>CLTCL1</i>	<i>CNTRL (CEP110)</i>	<i>COL1A1</i>	<i>CREB3L1</i>
<i>CREB3L2</i>	<i>CREBBP</i>	<i>CRLF2</i>	<i>CSF1</i>	<i>CTNNB1</i>	<i>DDIT3</i>	<i>DDX10</i>
<i>DDX6</i>	<i>DEK</i>	<i>DUSP22</i>	<i>EGFR</i>	<i>EIF4A2</i>	<i>ELF4</i>	<i>ELL</i>
<i>ELN</i>	<i>EML4</i>	<i>EP300</i>	<i>EPOR</i>	<i>EPS15</i>	<i>ERBB2</i>	<i>ERG</i>
<i>ETS1</i>	<i>ETV1</i>	<i>ETV4</i>	<i>ETV5</i>	<i>ETV6</i>	<i>EWSR1</i>	<i>FCGR2B</i>
<i>FCRL4</i>	<i>FEV</i>	<i>FGFR1</i>	<i>FGFR1OP</i>	<i>FGFR2</i>	<i>FGFR3</i>	<i>FLI1</i>
<i>FNBP1</i>	<i>FOXO1</i>	<i>FOXO3</i>	<i>FOXO4</i>	<i>FOXP1</i>	<i>FSTL3</i>	<i>FUS</i>
<i>GAS7</i>	<i>GLI1</i>	<i>GMPS</i>	<i>GPHN</i>	<i>HERPUD1</i>	<i>HEY1</i>	<i>HIP1</i>
<i>HIST1H4I</i>	<i>HLF</i>	<i>HMGA1</i>	<i>HMGA2</i>	<i>HOXA11</i>	<i>HOXA13</i>	<i>HOXA3</i>
<i>HOXA9</i>	<i>HOXC11</i>	<i>HOXC13</i>	<i>HOXD11</i>	<i>HOXD13</i>	<i>HSP90AA1</i>	<i>HSP90AB1</i>
<i>IGH</i>	<i>IGK</i>	<i>IGL</i>	<i>IKZF1</i>	<i>IL21R</i>	<i>IL3</i>	<i>IRF4</i>
<i>ITK</i>	<i>JAK1</i>	<i>JAK2</i>	<i>JAK3</i>	<i>JAZF1</i>	<i>KAT6A (MYST3)</i>	<i>KDSR</i>
<i>KIF5B</i>	<i>KMT2A (MLL)</i>	<i>LASP1</i>	<i>LCP1</i>	<i>LMO1</i>	<i>LMO2</i>	<i>LPP</i>
<i>LYL1</i>	<i>MAF</i>	<i>MAFB</i>	<i>MALT1</i>	<i>MDS2</i>	<i>MECOM</i>	<i>MKL1</i>
<i>MLF1</i>	<i>MLLT1 (ENL)</i>	<i>MLLT10 (AF10)</i>	<i>MLLT3</i>	<i>MLLT4 (AF6)</i>	<i>MLLT6</i>	<i>MN1</i>



<i>MXN1</i>	<i>MSI2</i>	<i>MSN</i>	<i>MUC1</i>	<i>MYB</i>	<i>MYC</i>	<i>MYH11</i>
<i>MYH9</i>	<i>NACA</i>	<i>NBEAP1 (BCL8)</i>	<i>NCOA2</i>	<i>NDRG1</i>	<i>NF1</i>	<i>NF2</i>
<i>NFKB2</i>	<i>NIN</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>NPM1</i>	<i>NR4A3</i>	<i>NSD1</i>	<i>NTRK1</i>
<i>NTRK2</i>	<i>NTRK3</i>	<i>NUMA1</i>	<i>NUP214</i>	<i>NUP98</i>	<i>NUTM2A</i>	<i>OMD</i>
<i>P2RY8</i>	<i>PAFAH1B2</i>	<i>PAX3</i>	<i>PAX5</i>	<i>PAX7</i>	<i>PBX1</i>	<i>PCMI</i>
<i>PCSK7</i>	<i>PDCD1LG2 (PD-L2)</i>	<i>PDE4DIP</i>	<i>PDGFB</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>PER1</i>
<i>PHF1</i>	<i>PICALM</i>	<i>PIM1</i>	<i>PLAG1</i>	<i>PML</i>	<i>POU2AF1</i>	<i>PPP1CB</i>
<i>PRDM1</i>	<i>PRDM16</i>	<i>PRRX1</i>	<i>PSIP1</i>	<i>PTCH1</i>	<i>PTK7</i>	<i>RABEP1</i>
<i>RAF1</i>	<i>RALGDS</i>	<i>RAP1GDS1</i>	<i>RARA</i>	<i>RBM15</i>	<i>RET</i>	<i>RHOH</i>
<i>RNF213</i>	<i>ROS1</i>	<i>RPL22</i>	<i>RPN1</i>	<i>RUNX1</i>	<i>RUNX1T1 (ETO)</i>	<i>RUNX2</i>
<i>SEC31A</i>	<i>SEPT5</i>	<i>SEPT6</i>	<i>SEPT9</i>	<i>SET</i>	<i>SH3GL1</i>	<i>SLC1A2</i>
<i>SNX29 (RUNDC2A)</i>	<i>SRSF3</i>	<i>SS18</i>	<i>SSX1</i>	<i>SSX2</i>	<i>SSX4</i>	<i>STAT6</i>
<i>STL</i>	<i>SYK</i>	<i>TAF15</i>	<i>TAL1</i>	<i>TAL2</i>	<i>TBL1XR1</i>	<i>TCF3 (E2A)</i>
<i>TCL1A (TCL1)</i>	<i>TEC</i>	<i>TET1</i>	<i>TFE3</i>	<i>TFG</i>	<i>TFPT</i>	<i>TFRC</i>
<i>TLX1</i>	<i>TLX3</i>	<i>TMPRSS2</i>	<i>TNFRSF11A</i>	<i>TOP1</i>	<i>TP63</i>	<i>TPM3</i>
<i>TPM4</i>	<i>TRIM24</i>	<i>TRIP11</i>	<i>TTL</i>	<i>TYK2</i>	<i>USP6</i>	<i>WHSC1 (MMSET oder NSD2)</i>
<i>WHSC1L1</i>	<i>YPEL5</i>	<i>ZBTB16</i>	<i>ZMYM2</i>	<i>ZNF384</i>	<i>ZNF521</i>	

## FoundationOne Heme bietet detaillierte Informationen, welche Sie bei der Therapiefindung unterstützen:



### Umfangreiches Genpanel

- Bestimmt alle vier Alterationsklassen bei 406 (DNA) und 265 (RNA) Genen inkl. MSI und TMB
- Komplette Exon Abdeckung von 406 Genen (DNA)
- Weitere Abdeckung von 31 ausgewählten intronischen und nicht-kodierenden Regionen
- Komplette Abdeckung von 265 Genen (RNA), die häufig als Genfusionspartner fungieren



### FDA Zulassung und CE-IVD Zertifizierung

- Der Service ist CE-IVD zertifiziert



### Hohe Genauigkeit

- Hohe Sensitivitäts- und Spezifitätsraten bei der Detektion aller vier Alterationsklassen

#### Referenzen:

1. FoundationOne Heme is a laboratory developed test that was developed and its performance characteristics determined by Foundation Medicine. FoundationOne Heme has not been cleared or approved by the U.S. Food and Drug Administration. For more information on FoundationOne Heme see its Technical Specifications at <http://www.foundationmedicine.com>.
2. He, J. et al. (2016) Integrated genomic DNA/RNA profiling of hematologic malignancies in the clinical setting. Blood. 127(24):3004-14.
3. <https://www.foundationmedicine.com/test/foundationone-heme>
4. Nur ausgewählte Introns. Detaillierte Liste nur auf Anfrage
5. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gtr/tests/527977/overview/>