

Oncomine Comprehensive Assay v3

Hotspot genes ¹					Full-length genes ²			CNV genes ³ (amplification)			Gene fusions ⁴ (inter- & intragenic)		
<i>AKT1</i>	<i>ERBB2</i>	<i>HNF1A</i>	<i>MED12</i>	<i>RAF1</i>	<i>ARID1A</i>	<i>MRE11A</i>	<i>RAD51C</i>	<i>AKT1</i>	<i>FGF3</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>AKT2</i>	<i>JAK2</i>	<i>PRKACB</i>
<i>AKT2</i>	<i>ERBB3</i>	<i>HRAS</i>	<i>MET</i>	<i>RET</i>	<i>ATM</i>	<i>MSH2</i>	<i>RAD51D</i>	<i>AKT2</i>	<i>FGFR1</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>ALK</i>	<i>KRAS</i>	<i>RAF1</i>
<i>AKT3</i>	<i>ERBB4</i>	<i>IDH1</i>	<i>MTOR</i>	<i>RHEB</i>	<i>ATR</i>	<i>MSH6</i>	<i>RB1</i>	<i>AKT3</i>	<i>FGFR2</i>	<i>PIK3CA</i>	<i>AR</i>	<i>MDM4</i>	<i>RELA</i>
<i>ALK</i>	<i>ERCC2</i>	<i>IDH2</i>	<i>MYC</i>	<i>RHOA</i>	<i>ATRX</i>	<i>NBN</i>	<i>RNF43</i>	<i>ALK</i>	<i>FGFR3</i>	<i>PIK3CB</i>	<i>AXL</i>	<i>MET</i>	<i>RET</i>
<i>AR</i>	<i>ESR1</i>	<i>JAK1</i>	<i>MYCN</i>	<i>ROS1</i>	<i>BAP1</i>	<i>NF1</i>	<i>SETD2</i>	<i>AR</i>	<i>FGFR4</i>	<i>PPARG</i>	<i>BRAF</i>	<i>MYB</i>	<i>ROS1</i>
<i>ARAF</i>	<i>EZH2</i>	<i>JAK2</i>	<i>MYD88</i>	<i>SF3B1</i>	<i>BRCA1</i>	<i>NF2</i>	<i>SLX4</i>	<i>AXL</i>	<i>FLT3</i>	<i>RICTOR</i>	<i>EGFR</i>	<i>MYBL1</i>	<i>RSPO2</i>
<i>AXL</i>	<i>FGFR1</i>	<i>JAK3</i>	<i>NFE2L2</i>	<i>SMAD4</i>	<i>BRCA2</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>SMARCA4</i>	<i>BRAF</i>	<i>IGF1R</i>	<i>TERT</i>	<i>ERBB2</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>RSPO3</i>
<i>BRAF</i>	<i>FGFR2</i>	<i>KDR</i>	<i>NRAS</i>	<i>SMO</i>	<i>CDK12</i>	<i>NOTCH2</i>	<i>SMARCB1</i>	<i>CCND1</i>	<i>KIT</i>		<i>ERBB4</i>	<i>NOTCH4</i>	<i>TERT</i>
<i>BTK</i>	<i>FGFR3</i>	<i>KIT</i>	<i>NTRK1</i>	<i>SPOP</i>	<i>CDKN1B</i>	<i>NOTCH3</i>	<i>STK11</i>	<i>CCND2</i>	<i>KRAS</i>		<i>ERG</i>	<i>NRG1</i>	
<i>CBL</i>	<i>FGFR4</i>	<i>KNSTRN</i>	<i>NTRK2</i>	<i>SRC</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>PALB2</i>	<i>TP53</i>	<i>CCND3</i>	<i>MDM2</i>		<i>ESR1</i>	<i>NTRK1</i>	
<i>CCND1</i>	<i>FLT3</i>	<i>KRAS</i>	<i>NTRK3</i>	<i>STAT3</i>	<i>CDKN2B</i>	<i>PIK3R1</i>	<i>TSC1</i>	<i>CCNE1</i>	<i>MDM4</i>		<i>ETV1</i>	<i>NTRK2</i>	
<i>CDK4</i>	<i>FOXL2</i>	<i>MAGOH</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>TERT</i>	<i>CHEK1</i>	<i>PMS2</i>	<i>TSC2</i>	<i>CDK2</i>	<i>MET</i>		<i>ETV4</i>	<i>NTRK3</i>	
<i>CDK6</i>	<i>GATA2</i>	<i>MAP2K1</i>	<i>PDGFRB</i>	<i>TOP1</i>	<i>CREBBP</i>	<i>POLE</i>		<i>CDK4</i>	<i>MYC</i>		<i>ETV5</i>	<i>NUTM1</i>	
<i>CHEK2</i>	<i>GNA11</i>	<i>MAP2K2</i>	<i>PIK3CA</i>	<i>U2AF1</i>	<i>FANCA</i>	<i>PTCH1</i>		<i>CDK6</i>	<i>MYCL</i>		<i>FGFR1</i>	<i>PDGFRA</i>	
<i>CSF1R</i>	<i>GNAQ</i>	<i>MAP2K4</i>	<i>PIK3CB</i>	<i>XPO1</i>	<i>FANCD2</i>	<i>PTEN</i>		<i>EGFR</i>	<i>MYCN</i>		<i>FGFR2</i>	<i>PDGFRB</i>	
<i>CTNNB1</i>	<i>GNAS</i>	<i>MAPK1</i>	<i>PPP2R1A</i>		<i>FANCI</i>	<i>RAD50</i>		<i>ERBB2</i>	<i>NTRK1</i>		<i>FGFR3</i>	<i>PIK3CA</i>	
<i>DDR2</i>	<i>H3F3A</i>	<i>MAX</i>	<i>PTPN11</i>		<i>FBXW7</i>	<i>RAD51</i>		<i>ESR1</i>	<i>NTRK2</i>		<i>FGR</i>	<i>PPARG</i>	
<i>EGFR</i>	<i>HIST1H3B</i>	<i>MDM4</i>	<i>RAC1</i>		<i>MLH1</i>	<i>RAD51B</i>		<i>FGF19</i>	<i>NTRK3</i>		<i>FLT3</i>	<i>PRKACA</i>	

¹**Hotspot genes:** Only recurrently mutated regions of these genes (i.e., mutational hotspots) are sequenced.

²**Full-length genes:** All coding regions and intron-exon boundaries (i.e., splice sites) of these genes are sequenced.

³**CNV genes:** These genes are assessed for copy number ≥ 5 (i.e., gene amplification).

⁴**Gene fusions:** Tumor RNA is assessed for fusions of the listed oncogenic 'driver genes' with a set of known 'partner genes'.