

TruSight™ Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

Una mappatura genomica
completa, flessibile e scalabile
a partire da campioni FFPE

- Un unico saggio per analizzare più tipi di varianti e biomarcatori chiave in oltre 500 geni sul DNA e sull'RNA
- Dal campione ai risultati in 4-5 giorni utilizzando flussi di lavoro manuali o automatizzati che integrano la preparazione delle librerie, il sequenziamento e l'analisi dei dati con l'analisi secondaria DRAGEN™
- Generazione di dati accurati e risultati affidabili in grado di soddisfare le rigide specifiche prestazionali
- Conservazione dei campioni in sede e generazione di dati pertinenti per le istituzioni e per la comunità locali

illumina®

Introduzione

Gli studi su grandi coorti dimostrano che una mappatura genomica completa può potenzialmente identificare alterazioni genetiche rilevanti sul 90% dei campioni.¹⁻⁶ Un singolo saggio completo per valutare una vasta gamma di biomarcatori utilizza una quantità di campione inferiore e genera risultati in minor tempo rispetto a test multipli e iterativi. TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput di Illumina consentono ai ricercatori di lavorare con quantità di tessuto e tempo limitati (Tabella 1).

Analisi di diversi tipi di tumore e biomarcatori in un singolo flusso di lavoro

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput sono saggi di sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing) che analizzano contemporaneamente il DNA e l'RNA (Figura 1) in un singolo flusso di lavoro (Figura 2). Il contenuto del pannello include diversi tipi di variante e biomarcatori chiave (Figura 3) su 523 geni rilevanti per il cancro dal DNA e 55 geni dall'RNA (Tabella 2, Tabella 3 e Tabella 4), eliminando così la necessità di sprecare tempo e campioni preziosi, come i blocchi di tessuto fissati in formalina e inclusi in paraffina (FFPE, formalin fixed, paraffin embedded), in test iterativi.

Tabella 1: TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

Parametro	TruSight Oncology 500	TruSight Oncology 500 High-Throughput	
Sistema	NextSeq 550 System o NextSeq 550Dx Instrument (modalità di ricerca)	NovaSeq 6000 System o NovaSeq 6000Dx Instrument (modalità di ricerca) ^a	NovaSeq X Series ^a
Processività dei campioni	8 campioni per corsa	16-192 campioni per corsa	Cella a flusso singola: 32-480 campioni per corsa Doppia cella a flusso: 32-960 campioni per corsa
Dimensione pannello	1,94 Mb di DNA, 358 kb di RNA	1,94 Mb di DNA, 358 kb di RNA	1,94 Mb di DNA, 358 kb di RNA
Requisito di input di DNA	40 ng	40 ng	40 ng
Requisito di input di RNA	40 ng	40-80 ng	40-80 ng
Requisito di input FFPE	Si consigliano almeno 2 mm ³ da campioni di tessuto FFPE	Si consigliano almeno 2 mm ³ da campioni di tessuto FFPE	Si consigliano almeno 2 mm ³ da campioni di tessuto FFPE
Durata totale del saggio	4-5 giorni dall'acido nucleico al report sulle varianti	4-5 giorni dall'acido nucleico al report sulle varianti	4-5 giorni dall'acido nucleico al report sulle varianti
Durata della corsa di sequenziamento	24 ore	19 ore (SP e S1), 25 ore (S2) o 36 ore (S4)	18,5 ore (1,5 miliardi), 20 ore (10 miliardi) o 33 ore (25 miliardi)
Corsa di sequenziamento	2 × 101 cicli	2 × 101 cicli	2 × 101 cicli
Versione del software	DRAGEN TruSight Oncology v2.5.2+	DRAGEN TruSight Oncology v2.5.2+	DRAGEN TruSight Oncology v2.5.2+
Limite di rilevamento	5% di VAF per varianti piccole 5 copie per input di RNA in ng per le fusioni CNV: variazione pari a 2,2 volte per le amplificazioni Variazione pari a 0,5 volte per le delezioni	5% di VAF per varianti piccole 5 copie per input di RNA in ng per le fusioni (80 ng di input) CNV: variazione pari a 2,2 volte per le amplificazioni Variazione pari a 0,5 volte per le delezioni	5% di VAF per varianti piccole 5 copie per input di RNA in ng per le fusioni (80 ng di input) CNV: variazione pari a 2,2 volte per le amplificazioni Variazione pari a 0,5 volte per le delezioni
Sensibilità analitica	> 96% (per tutti i tipi di varianti al 5% di VAF)	> 96% (per tutti i tipi di varianti al 5% di VAF)	> 96% (per tutti i tipi di varianti al 5% di VAF)
Specificità analitica	> 99,9995%	> 99,9995%	> 99,9995%

a. Se si desidera un'analisi secondaria con un server in sede, occorre un server DRAGEN separato e indipendente.

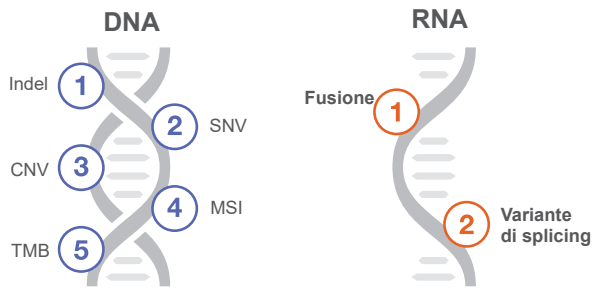


Figura 1: tipi di variante rilevati dai saggi TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

Progettazione del contenuto completa

Per progettare il contenuto di TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput, Illumina ha stabilito partnership con autorità riconosciute nella comunità oncologica. I pannelli ottenuti forniscono una copertura completa dei biomarcatori comunemente mutati in numerosi tipi di cancro (Figura 3), compresi 523 geni per le varianti di singolo nucleotide (SNV, single nucleotide variant), inserzioni/delezioni (indel), variazioni del numero di copie (CNV, copy number variation) e 55 geni per le varianti di fusione e per le varianti di splicing note e nuove (Tabella 2, Tabella 3).

Il contenuto comprende i geni elencati nelle attuali linee guida con copertura significativa delle linee guida chiave per più tipi di tumore (Figura 4) e geni coinvolti in più di 1.000 trial clinici. Inoltre, i pannelli TruSight Oncology 500 includono il biomarcatore di instabilità microsatellitare (MSI, microsatellite instability), con correlazioni note alle risposte⁷⁻⁹ e il biomarcatore di carico mutazionale del tumore (TMB, tumor mutational burden) (Tabella 4).¹⁰

Flusso di lavoro integrato

L'implementazione della CGP in sede è semplificata grazie a un flusso di lavoro completo e ottimizzato a partire dall'input del campione fino al report finale (Figura 2).

L'utilizzo di kit e metodi automatizzati per la preparazione delle librerie, di strumenti per l'identificazione di varianti e di software di interpretazione e creazione di report consente di ottenere un flusso di lavoro senza intoppi, che può essere completato in soli quattro giorni.

A partire dal DNA o dall'RNA

I saggi TruSight Oncology 500 utilizzano l'RNA o il DNA estratto dallo stesso campione utilizzato come materiale di input. Quando si utilizza il DNA, la preparazione dei campioni inizia con la frammentazione del DNA genomico (gDNA, genomic DNA). Quando si parte dall'RNA, il primo passo consiste nella trascrizione inversa del campione nel cDNA. Le librerie pronte per il sequenziamento sono preparate contemporaneamente a partire da gDNA e cDNA frammentati.



Figura 2: flusso di lavoro di TruSight Oncology 500. TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput si integrano negli attuali flussi di lavoro dei laboratori, passando dagli acidi nucleici alle identificazioni di varianti in quattro giorni.

a. I kit TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput sono disponibili in versioni compatibili con l'automazione.

b. NextSeq 550Dx Instrument e NovaSeq 6000Dx Instrument in modalità di ricerca.

c. Local Run Manager TruSight Oncology 500 Analysis Module è disponibile solo con NextSeq 550 System.

d. Non disponibile in tutti i Paesi. Illumina Connected Insights supporta l'analisi terziaria definita dall'utente attraverso le identificazioni API a fonti di conoscenza di terze parti.












Pan-cancer: <i>BRAF, NTRK1, NTRK2, NTRK3, RET, MSI, TMB</i>													
Geni con biomarcatori di rilevanza clinica*												Geni con biomarcatori di potenziale rilevanza clinica†	
	Seno	<i>BRCA1</i>	<i>BRCA2</i>	<i>ERBB2</i>	<i>ESR1</i>	<i>PALB2</i>	<i>PIK3CA</i>						180
	Colon-retto	<i>ERBB2</i>	<i>KRAS</i>	<i>NRAS</i>									166
	Ossa	<i>EGFR</i>	<i>ERG</i>	<i>ETV1</i>	<i>ETV4</i>	<i>EWSR1</i>	<i>FEV</i>	<i>FLI1</i>	<i>FUS</i>	<i>H3F3A</i>	<i>HEY1</i>	<i>IDH1</i>	140
	Polmone	<i>ALK</i>	<i>EGFR</i>	<i>ERBB2</i>	<i>KRAS</i>	<i>MET</i>	<i>NUTM1</i>	<i>ROS1</i>					223
	Melanoma	<i>KIT</i>	<i>NRAS</i>	<i>ROS1</i>									172
	Ovaie	<i>BRCA1</i>	<i>BRCA2</i>	<i>FOXL2</i>									149
	SNC‡	<i>APC</i>	<i>ATRX</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>CDKN2B</i>	<i>EGFR</i>	<i>H3F3A</i>	<i>HIST1H3B</i>	<i>HIST1H3C</i>	<i>IDH1</i>	<i>IDH2</i>	<i>MYCN</i>	140
	Prostata	<i>AR</i>	<i>ATM</i>	<i>BARD1</i>	<i>BRCA1</i>	<i>BRCA2</i>	<i>BRIP1</i>	<i>CDK12</i>	<i>CHEK1</i>	<i>CHEK2</i>	<i>FANCL</i>	<i>FGFR2</i>	151
	Tiroide	<i>HRAS</i>	<i>KRAS</i>	<i>NRAS</i>	<i>TERT</i>								165
	Utero e cervice	<i>BRCA2</i>	<i>EPC1</i>	<i>ERBB2</i>	<i>ESR1</i>	<i>FOXO1</i>	<i>GREB1</i>	<i>JAZF1</i>	<i>NCOA2</i>	<i>NCOA3</i>	<i>NUTM2A</i>	<i>NUTM2B</i>	138
	Altri tumori solidi	<i>ALK</i>	<i>APC</i>	<i>ARID1A</i>	<i>ASPSCR1</i>	<i>ATF1</i>	<i>ATIC</i>	<i>BAP1</i>	<i>BCOR</i>	<i>BRCA1</i>	<i>BRCA2</i>	<i>CAMTA1</i>	152
		<i>CARS</i>	<i>CCNB3</i>	<i>CDK4</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>CIC</i>	<i>CITED2</i>	<i>CLTC</i>	<i>COL1A1</i>	<i>COL6A3</i>	<i>CREB1</i>	<i>CREB3L1</i>	
		<i>CREB3L2</i>	<i>CSF1</i>	<i>CTNNB1</i>	<i>DDIT3</i>	<i>DDX3X</i>	<i>DNAJB1</i>	<i>DUX4</i>	<i>EED</i>	<i>EGFR</i>	<i>ERBB2</i>	<i>ERG</i>	
		<i>ETV1</i>	<i>ETV4</i>	<i>ETV6</i>	<i>EWSR1</i>	<i>FEV</i>	<i>FGFR2</i>	<i>FGFR3</i>	<i>FLI1</i>	<i>FOXL2</i>	<i>FOXO1</i>	<i>FOXO4</i>	
		<i>FUS</i>	<i>GLI1</i>	<i>HEY1</i>	<i>HGF</i>	<i>HMGA2</i>	<i>IDH1</i>	<i>KRAS</i>	<i>LEUTX</i>	<i>MAML3</i>	<i>MDM2</i>	<i>MYB</i>	
		<i>MYOD1</i>	<i>NAB2</i>	<i>NCOA2</i>	<i>NF1</i>	<i>NFATC2</i>	<i>NFIB</i>	<i>NR4A3</i>	<i>NRAS</i>	<i>NUTM1</i>	<i>NUTM2A</i>	<i>NUTM2B</i>	
		<i>PALB2</i>	<i>PATZ1</i>	<i>PAX3</i>	<i>PAX7</i>	<i>PDGFB</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>PRKACA</i>	<i>PRKD1</i>	<i>RANBP2</i>	<i>ROS1</i>	<i>SDHA</i>	
		<i>SDHB</i>	<i>SDHC</i>	<i>SDHD</i>	<i>SMARCB1</i>	<i>SS18</i>	<i>SSX1</i>	<i>SSX2</i>	<i>SSX4</i>	<i>STAT6</i>	<i>SUZ12</i>	<i>TAF15</i>	
		<i>TCF12</i>	<i>TERT</i>	<i>TFE3</i>	<i>TFEB</i>	<i>TFG</i>	<i>TP53</i>	<i>TPM3</i>	<i>TPM4</i>	<i>TRAF7</i>	<i>TSPAN31</i>	<i>VGLL2</i>	
		<i>WT1</i>	<i>WWTR1</i>	<i>YAP1</i>	<i>YWHAE</i>	<i>ZC3H7B</i>							

Figura 3: sottoinsieme di biomarcatori per la profilazione dei tumori genomici per diversi tipi di tumore. TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput includono biomarcatori guida principali, biomarcatori emergenti e biomarcatori pan-tumorali come *BRAF, NTRK1, NTRK2, NTRK3, RET, MSI* e *TMB*. Analisi del contenuto fornita da Velsera in base alla Knowledge Base v8.5 del software (febbraio 2023).

* Geni con biomarcatori di rilevanza clinica collegati alle attuali etichette o linee guida del farmaco.

† Geni con biomarcatori di potenziale rilevanza clinica in base alla presenza nei trial clinici.

‡ SNC, sistema nervoso centrale.

Tabella 2: contenuto di DNA incluso in TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

ABL1	BCR	CHEK1	EPHA7	FGF23	GSK3B	IDH2	MAP3K1	NF2	PIK3CA	RAD51D	SMAD4	TGFBR2
ABL2	BIRC3	CHEK2	EPHB1	FGF3	H3F3A	IFNGR1	MAP3K13	NFE2L2	PIK3CB	RAD52	SMARCA4	TMEM127
ACVR1	BLM	CIC	ERBB2	FGF4	H3F3B	INHBA	MAP3K14	NFKBIA	PIK3CD	RAD54L	SMARCB1	TMPRSS2
ACVR1B	BMP1A	CREBBP	ERBB3	FGF5	H3F3C	INPP4A	MAP3K4	NKX2-1	PIK3CG	RAF1	SMARCD1	TNFAIP3
AKT1	BRAF	CRKL	ERBB4	FGF6	HGF	INPP4B	MAPK1	NKX3-1	PIK3R1	RANBP2	SMC1A	TNFRSF14
AKT2	BRCA1 ^a	CRLF2	ERCC1	FGF7	HIST1H1C	INSR	MAPK3	NOTCH1	PIK3R2	RARA	SMC3	TOP1
AKT3	BRCA2 ^a	CSF1R	ERCC2	FGFR1	HIST1H2BD	IRF2	MAX	NOTCH2	PIK3R3	RASA1	SMO	TOP2A
ALK	BRD4	CSF3R	ERCC3	FGFR2	HIST1H3A	IRF4	MCL1	NOTCH3	PIM1	RB1	SNCAIP	TP53
ALOX12B	BRIP1	CSNK1A1	ERCC4	FGFR3	HIST1H3B	IRS1	MDC1	NOTCH4	PLCG2	RBM10	SOCS1	TP63
ANKRD11	BTG1	CTCF	ERCC5	FGFR4	HIST1H3C	IRS2	MDM2	NPM1	PLK2	RECQL4	SOX10	TRAF2
ANKRD26	BTK	CTLA4	ERG	FH	HIST1H3D	JAK1	MDM4	NRAS	PMAIP1	REL	SOX17	TRAF7
APC	C11orf30	CTNNA1	ERF1	FLCN	HIST1H3E	JAK2	MED12	NRG1	PMS1	RET	SOX2	TSC1
AR	CALR	CTNBN1	ESR1	FLI1	HIST1H3F	JAK3	MEF2B	NSD1	PMS2	RFWD2	SOX9	TSC2
ARAF	CARD11	CUL3	ETS1	FLT1	HIST1H3G	JUN	MEN1	NTRK1	PNRC1	RHEB	SPEN	TSHR
ARFRP1	CASP8	CUX1	ETV1	FLT3	HIST1H3H	KAT6A	MET	NTRK2	POLD1	RHOA	SPOP	U2AF1
ARID1A	CBFB	CXCR4	ETV4	FLT4	HIST1H3I	KDM5A	MGA	NTRK3	POLE	RICTOR	SPTA1	VEGFA
ARID1B	CBL	CYLD	ETV5	FOXA1	HIST1H3J	KDM5C	MITF	NUP93	PPARG	RIT1	SRC	VHL
ARID2	CCND1	DAXX	ETV6	FOXL2	HIST2H3A	KDM6A	MLH1	NUTM1	PPM1D	RNF43	SRSF2	VTCN1
ARID5B	CCND2	DCUN1D1	EWSR1	FOXO1	HIST2H3C	KDR	MLL	PAK1	PPP2R1A	ROS1	STAG1	WISP3
ASXL1	CCND3	DDR2	EZH2	FOXP1	HIST2H3D	KEAP1	MLL2	PAK3	PPP2R2A	RPS6KA4	STAG2	WT1
ASXL2	CCNE1	DDX41	FAM123B	FRS2	HIST3H3	KEL	MPL	PAK7	PPP6C	RPS6KB1	STAT3	XIAP
ATM	CD274	DHX15	FAM175A	FUBP1	HLA-A	KIF5B	MRE11A	PALB2	PRDM1	RPS6KB2	STAT4	XPO1
ATR	CD276	DICER1	FAM46C	FYN	HLA-B	KIT	MSH2	PARK2	PREX2	RPTOR	STAT5A	XRCC2
ATRX	CD74	DIS3	FANCA	GABRA6	HLA-C	KLF4	MSH3	PARP1	PRKAR1A	RUNX1	STAT5B	YAP1
AURKA	CD79A	DNAJB1	FANCC	GATA1	HNF1A	KLHL6	MSH6	PAX3	PRKCI	RUNX1T1	STK11	YES1
AURKB	CD79B	DNMT1	FANCD2	GATA2	HNRNP	KMT2B	MST1	PAX5	PRKDC	RYBP	STK40	ZBTB2
AXIN1	CDC73	DNMT3A	FANCE	GATA3	HOXB13	KMT2C	MST1R	PAX7	PRSS8	SDHA	SUFU	ZBTB7A
AXIN2	CDH1	DNMT3B	FANCF	GATA4	IGF1	KMT2D	MTOR	PAX8	PTCH1	SDHAF2	SUZ12	ZFHX3
AXL	CDK12	DOT1L	FANCG	GATA6	IGF1R	KRAS	MUTYH	PBRM1	PTEN	SDHB	SYK	ZNF217
B2M	CDK4	E2F3	FANCI	GEN1	IGF2	LAMP1	MYB	PDCD1	PTPN11	SDHC	TAF1	ZNF703
BAP1	CDK6	EED	FANCL	GID4	IKBKE	LATS1	MYC	PDCD1LG2	PTPRD	SDHD	TBX3	ZRSR2
BARD1	CDK8	EGFL7	FAS	GLI1	IKZF1	LATS2	MYCL1	PDGFRA	PTPRS	SETBP1	TCEB1	
BBC3	CDKN1A	EGFR	FAT1	GNA11	IL10	LMO1	MYCN	PDGFRB	PTPRT	SETD2	TCF3	
BCL10	CDKN1B	EIF1AX	FBXW7	GNA13	IL7R	LRP1B	MYD88	PDK1	QKI	SF3B1	TCF7L2	
BCL2	CDKN2A	EIF4A2	FGF1	GNAQ	INHBA	LYN	MYOD1	PDPK1	RAB35	SH2B3	TERC	
BCL2L1	CDKN2B	EIF4E	FGF8	GNAS	HRAS	LZTR1	NAB2	PGR	RAC1	SH2D1A	TERT ^b	
BCL2L11	CDKN2C	EML4	FGF9	GPR124	HSD3B1	MAGI2	NBN	PHF6	RAD21	SHQ1	TET1	
BCL2L2	CEBPA	EP300	FGF10	GPS2	HSP90AA1	MALT1	NCOA3	PHOX2B	RAD50	SLIT2	TET2	
BCL6	CENPA	EPCAM	FGF14	GREM1	ICOSLG	MAP2K1	NCOR1	PIK3C2B	RAD51	SLX4	TFE3	
BCOR	CHD2	EPHA3	FGF19	GRIN2A	ID3	MAP2K2	NEGR1	PIK3C2G	RAD51B	SMAD2	TFRC	
BCORL1	CHD4	EPHA5	FGF2	GRM3	IDH1	MAP2K4	NF1	PIK3C3	RAD51C	SMAD3	TGFBR1	

a. Grandi riarrangiamenti (CNV a livello di esone) rilevati per i geni BRCA1 e BRCA2.

b. La regione del promotore TERT è coperta solo per l'identificazione di varianti.

L'identificazione di CNV è disponibile per tutti i geni tranne: HIST2H3A, HIST2H3C, HLA-A, HLA-B, HLA-C, KMT2B, KMT2C, KMT2D, TERT

Tabella 3: contenuto di RNA incluso nei pannelli TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

<i>ABL1</i>	<i>EGFR</i>	<i>FGFR2</i>	<i>MLL</i>	<i>PAX3</i>
<i>AKT3</i>	<i>EML4</i>	<i>FGFR3</i>	<i>MLLT3</i>	<i>PAX7</i>
<i>ALK</i>	<i>ERBB2</i>	<i>FGFR4</i>	<i>MSH2</i>	<i>PDGFRA</i>
<i>AR</i>	<i>ERG</i>	<i>FLI1</i>	<i>MYC</i>	<i>PDGFRB</i>
<i>AXL</i>	<i>ESR1</i>	<i>FLT1</i>	<i>NOTCH1</i>	<i>PIK3CA</i>
<i>BCL2</i>	<i>ETS1</i>	<i>FLT3</i>	<i>NOTCH2</i>	<i>PPARG</i>
<i>BRAF</i>	<i>ETV1</i>	<i>JAK2</i>	<i>NOTCH3</i>	<i>RAF1</i>
<i>BRCA1</i>	<i>ETV4</i>	<i>KDR</i>	<i>NRG1</i>	<i>RET</i>
<i>BRCA2</i>	<i>ETV5</i>	<i>KIF5B</i>	<i>NTRK1</i>	<i>ROS1</i>
<i>CDK4</i>	<i>EWSR1</i>	<i>KIT</i>	<i>NTRK2</i>	<i>RPS6KB1</i>
<i>CSF1R</i>	<i>FGFR1</i>	<i>MET</i>	<i>NTRK3</i>	<i>TMPRSS2</i>

Per tutti i geni elencati vengono valutate le fusioni note e quelle nuove; per il contenuto in grigio vengono analizzate le varianti di splicing.

Automatizzazione per l'efficienza

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput offrono opzioni manuali e automatizzate a supporto della preparazione scalabile delle librerie. Illumina ha collaborato con Hamiton e Beckman Coulter Life Sciences, produttori leader nella gestione dei liquidi, al fine di produrre flussi di lavoro completamente automatizzati per i saggi TruSight Oncology 500 in grado di adattarsi a una vasta gamma di esigenze di processività. Questi flussi di lavoro automatizzati raggiungono gli stessi risultati di alta qualità ottenibili con protocolli manuali, ma riducendo gli interventi manuali di circa il 50%; questo permette ai laboratori di risparmiare sui costi di manodopera e migliorare l'efficienza.

Aggiunta di tag ai fini della specificità analitica

Durante la preparazione delle librerie, gli identificatori molecolari univoci (UMI, Unique Molecular Identifier)¹¹ vengono aggiunti ai frammenti di gDNA o cDNA. Questi identificatori UMI consentono il rilevamento delle varianti a bassa frequenza allelica delle varianti (VAF, variant allele frequency) ed eliminano simultaneamente gli errori, fornendo elevata specificità analitica.

Arricchimento delle librerie per interventi mirati

La preparazione delle librerie si basa sulla comprovata chimica di cattura mediante ibridazione per purificare i target selezionati da librerie basate su DNA e RNA. Le sonde biotinilate vengono ibridate sulle regioni di interesse, che vengono raccolte tramite microsferiche magnetiche rivestite di streptavidina e quindi eluite per arricchire il pool della libreria. L'arricchimento basato sull'ibridazione è una strategia utile per l'analisi di specifiche varianti genetiche in un dato campione e consente di sequenziare in modo affidabile gli esomi o un ampio numero di geni (ad es. più di 50 geni). Genera risultati affidabili su un'ampia gamma di tipi e quantità di input. La chimica di cattura mediante ibridazione offre diversi vantaggi rispetto al sequenziamento degli ampliconi, inclusa la resa di dati con meno artefatti e dropout. Inoltre, la chimica di cattura mediante ibridazione non si basa sulla fusione e consente così il rilevamento e la caratterizzazione di fusioni sia note che nuove. A differenza degli approcci a base di ampliconi, che richiedono test di conferma in quanto possono generare falsi positivi, il metodo di cattura mediante ibridazione è altamente sensibile e può caratterizzare accuratamente le fusioni geniche con partner noti e nuovi.

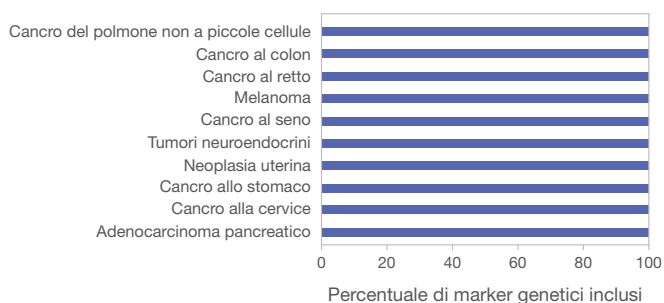


Figura 4: allineamento del contenuto di TruSight Oncology 500 alle linee guida chiave per tipo di cancro. Il grafico fornisce esempi di allineamento del contenuto (il grafico non è esaustivo).

Tabella 4: analisi simultanea di più biomarcatori del cancro del polmone utilizzando DNA e RNA nello stesso campione

Biomarcatore	Contenuto di DNA	Contenuto di RNA
MSI	✓	
TMB	✓	
Geni biomarcatori	Varianti piccole	Fusioni
AKT1	✓	
ALK	✓	✓
BRAF	✓	✓
DDR2	✓	
EGFR	✓	✓
ERBB2	✓	✓
FGFR1	✓	✓
FGFR3	✓	✓
KRAS	✓	
MAP2K1	✓	
MET	✓	✓
NRAS	✓	
NTRK1	✓	✓
NTRK2	✓	✓
NTRK3	✓	✓
PIK3CA	✓	✓
PTEN	✓	
RET	✓	✓
TP53	✓	

Sequenziamento di 8-960 campioni

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput seguono lo stesso flusso di lavoro per la preparazione dei campioni e delle librerie. La differenza principale tra i saggi è la portata. TruSight Oncology 500 viene eseguito su NextSeq™ 550 System o NextSeq 550Dx System*. Tali sistemi sono in grado di raggruppare fino a otto campioni alla volta. TruSight Oncology 500 High-Throughput offre scalabilità per una maggiore processività dei campioni. Quando viene eseguito su NovaSeq™ 6000 System o su NovaSeq 6000Dx System*, i clienti possono creare batch da 16 a 192 campioni. Quando viene eseguito su NovaSeq X Series, i clienti possono creare batch da 32 a 480 campioni in una corsa a cella a flusso singola e da 64 a 960 campioni in una corsa a doppia cella a flusso. Questa notevole flessibilità tra piattaforme è resa possibile dalla disponibilità di 192 indici univoci per le celle a flusso di TruSight Oncology 500 High-Throughput e NovaSeq che si adattano a diversi livelli di processività (Tabella 5). Ogni indice di campione funziona in modo coerente per generare metriche di sequenziamento al di sopra delle aspettative del controllo qualità (QC, Quality Control).

Analisi dei dati

L'identificazione di varianti per TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput è disponibile insieme all'analisi secondaria DRAGEN, in sede con un server DRAGEN locale o sul cloud con Illumina Connected Analytics, ora con streaming dei dati e funzionalità di avvio automatico. Entrambe le versioni traggono vantaggio da sofisticati algoritmi proprietari che eliminano errori,


* NextSeq 550Dx Instrument o NovaSeq 6000Dx Instrument in modalità di ricerca.

Tabella 5: soluzione scalabile

Saggio	TruSight Oncology 500		TruSight Oncology 500 High-Throughput						
	System	NextSeq 550 System o NextSeq 550Dx System (modalità di ricerca)	NovaSeq 6000 System o NovaSeq 6000Dx System (modalità di ricerca)				NovaSeq X Series ^a		
Cella a flusso		Output elevato	SP	S1	S2	S4	1,5 miliardi	10 miliardi	25 miliardi
N. di campioni		8	16	32	72	192	32	192	480

a. La processività mostrata si riferisce a una singola cella a flusso su NovaSeq X System. NovaSeq X Plus System offre l'opzione di una doppia cella a flusso con il doppio della capacità indicata.

artefatti e varianti della linea germinale, ottenendo in tal modo prestazioni altamente accurate nell'identificazione di varianti, con una specificità analitica che supera il 99,9995%. Questo livello di specificità è particolarmente vantaggioso quando è fondamentale conoscere l'esatto numero di mutazioni per Mb, come nella valutazione di TMB in un flusso di lavoro esclusivamente tumorale. I dati delle varianti di DNA analizzati con TruSight Oncology 500 Local App[†] e DRAGEN TruSight Oncology 500 mostrano risultati concordanti (Figura 5C, Figura 6C); tuttavia, la velocità di analisi con la pipeline di DRAGEN è da 2 a 4 volte maggiore rispetto a quella raggiunta dall'app locale (Tabella 6), riducendo così i tempi necessari per i risultati finali.

 Per maggiori informazioni su Illumina Connected Analytics, leggere la nota tecnica [Security, privacy, and compliance with Illumina Connected Analytics](#) (Sicurezza, privacy e conformità con Illumina Connected Analytics).

Le informazioni sulle varianti e la generazione dei report sono disponibili tramite l'integrazione con Illumina Connected Insights e altri fornitori commerciali, tra cui Velsera Clinical Genomics Workspace. I file di identificazione di varianti prodotti localmente o tramite cloud con Illumina Connected Analytics possono essere caricati nello strumento di analisi terziaria preferito. Da potenzialmente migliaia di varianti, le varianti biologicamente rilevanti possono essere filtrate e priorizzate in un report finale personalizzabile.

Tabella 6: analisi più veloce con DRAGEN TruSight Oncology 500 Analysis Software

N. campioni di biopsia tissutale	Durata media per il completamento dell'analisi ^a	
	Local App ^b	Pipeline DRAGEN ^c
8	5,5 ore	2 ore
16	12 ore	3 ore
32	18 ore	5 ore
72	24 ore	10 ore

a. La durata dell'analisi si basa sulle corse effettive e varia da corsa a corsa.
 b. Specifiche del server locale: Amazon EC2, istanza c5.9xlarge (36 vCPU, 72 GiB di memoria); la durata dell'analisi varia a seconda delle specifiche del server.
 c. Tempo per l'esecuzione della pipeline DRAGEN sul server DRAGEN v3.

† Precedente generazione del software TruSight Oncology 500 (non basata sulla pipeline di DRAGEN).

Risultati comprovati e affidabili

Sebbene TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput siano stati progettati per essere eseguiti su piattaforme di sequenziamento separate con diverse opzioni di processività, i saggi hanno lo stesso contenuto genomico e le stesse aspettative prestazionali in termini di identificazione delle varianti. Entrambi i saggi dimostrano elevata concordanza quando rilevano MSI, TMB, CNV, varianti piccole e fusioni.

Valutazione accurata di TMB e MSI

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput sono adatti per l'interrogazione di MSI e TMB e si affidano all'analisi di più loci genomici. Tradizionalmente, lo stato di MSI viene analizzato con PCR (MSI-PCR) e immunoistochimica. Sebbene altri metodi forniscano un risultato qualitativo che descrive i campioni come MSI-stabile o MSI-alto, la valutazione basata su NGS con i saggi TruSight Oncology 500 interroga 130 siti di marcatori MSI omopolimerici per calcolare un punteggio quantitativo accurato per lo stato MSI (Figura 5).¹²

La possibilità di ottenere un valore TMB preciso e riproducibile a bassi livelli di mutazione può essere difficile con pannelli più piccoli. I pannelli TruSight Oncology 500 uniscono contenuto genomico completo e algoritmi informatici sofisticati per fornire una stima accurata di TMB altamente concordante con gli studi dell'intero genoma (Figura 6, Tabella 7).¹² L'aggiunta di identificatori UMI durante la preparazione delle librerie assieme ad informatica proprietaria di Illumina riduce i tassi di errore del sequenziamento di 10-20 volte.¹¹ La rimozione degli artefatti causati da FFPE (come deaminazione, ossidazione) consente di ottenere una sensibilità analitica di appena il 5% di VAF a partire da campioni di DNA di scarsa qualità.

Tabella 7: elevata concordanza tra sequenziamento dell'intero esoma (WES, whole-exome sequencing) e TruSight Oncology 500 per la classificazione di TMB a 10 mutazioni/Mb

Metrica	Valore
Percentuale di concordanza positiva	94,7%
Percentuale di concordanza negativa	96,1%
Percentuale di concordanza complessiva	95,4%

Sulla base dei valori TMB da 108 campioni di tessuto FFPE viene mostrata la percentuale di concordanza per le classificazioni TMB-elevato o TMB-basso, con 10 mutazioni/Mb come valore di soglia.

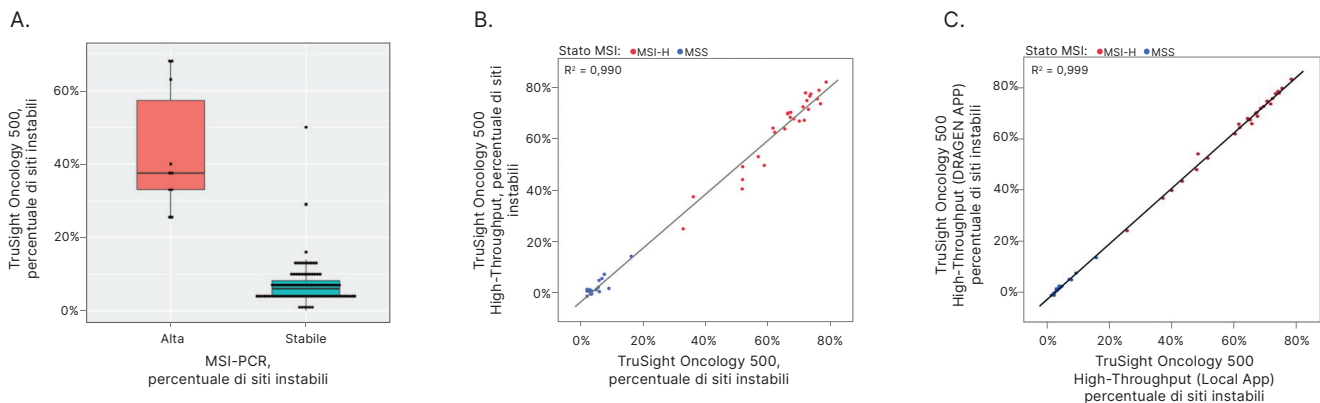


Figura 5: valutazione accurata dello stato di MSI. (A) I campioni di tessuto FFPE analizzati utilizzando TruSight Oncology 500 generano un punteggio quantitativo (asse Y) confrontato con il punteggio qualitativo utilizzando MSI-PCR (asse X). (B) Elevata concordanza dell'analisi di MSI tra TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput. (C) Elevata concordanza tra i dati TruSight Oncology 500 analizzati con DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2.

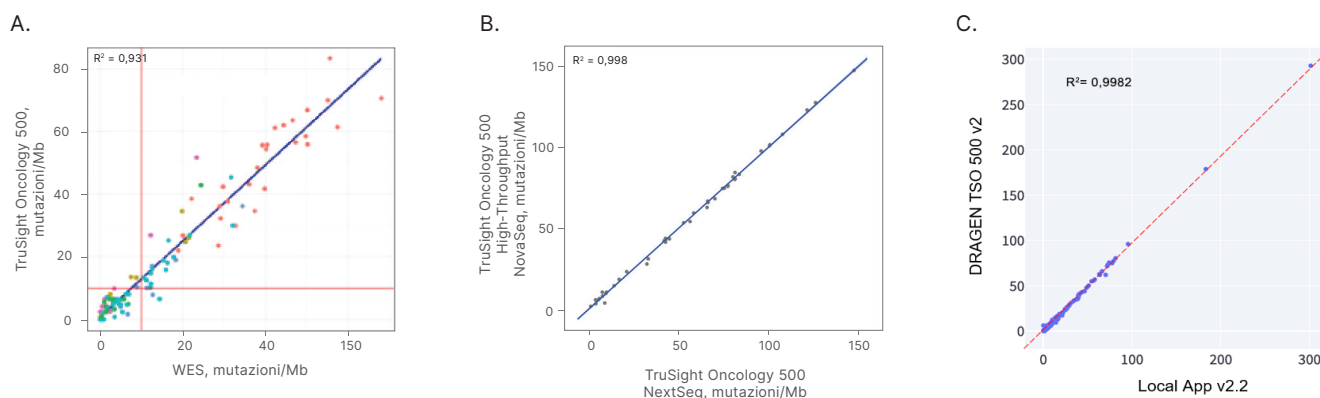


Figura 6: valutazione accurata dello stato TMB. (A) L'analisi di 108 campioni di tessuto FFPE mostra un'elevata concordanza tra le misurazioni del TMB utilizzando WES e TruSight Oncology 500. La linea rossa indica il valore di soglia (10 mutazioni/Mb). (B) Elevata concordanza dell'analisi del TMB tra TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput. (C) Elevata concordanza tra i dati TruSight Oncology 500 analizzati con DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2.

Rilevamento sensibile di CNV

I cambiamenti del numero di copie in diversi geni e i tipi di tumore sono stati associati alla tumorigenesi.¹³ Entrambi i saggi TruSight Oncology 500 includono l'analisi di 514 geni associati alle CNV e sono in grado di rilevare le amplificazioni con un limite di rilevamento a 2,2x di variazione e le delezioni a 0,5x (Figura 7, Tabella 8).

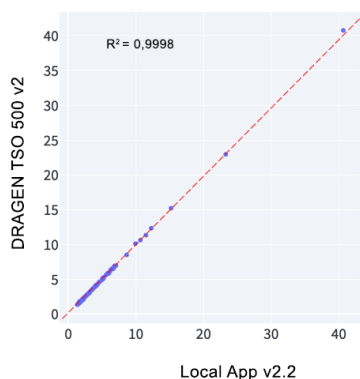


Figura 7: elevata concordanza del rilevamento di CNV tra i dati di TruSight Oncology 500 analizzati con DRAGEN TruSight Oncology v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2. Confronto delle CNV effettuato con 59 geni.

Rilevamento di grandi riarrangiamenti del gene *BRCA*

Una fase di grande riarrangiamento (LR, Large Rearrangement) del gene *BRCA* nel flusso di lavoro di analisi di DRAGEN TruSight Oncology 500 consente il rilevamento di CNV a livello di esone per i geni *BRCA* 1 e 2. Per tre o più esoni, la sensibilità è del 43% mentre per meno di tre esoni è del 50% su NextSeq 550 System (Tabella 9).

Rilevamento altamente sensibile di varianti da campioni FFPE

Un vantaggio della chimica di arricchimento dei target è l'utilizzo di sonde progettate sufficientemente grandi da impartire un'elevata specificità di legame, ma consente anche l'ibridazione di target contenenti piccole mutazioni. Questo meccanismo riduce i dropout dei campioni in presenza di variazioni alleliche naturali e artefatti della sequenza introdotti da campioni di tessuto FFPE. Questo saggio può rilevare in modo riproducibile le varianti in campioni FFPE ad appena il 5% di VAF (Figura 8, Tabella 10).

Tabella 8: rilevamento sensibile di CNV

Gene	Variazione media	
	DRAGEN TruSight Oncology 500 v2	TruSight Oncology 500 Local App v2.2
<i>AR</i>	2,03	2,17
<i>BRAF</i>	2,09	2,09
<i>BRCA1</i>	1,42	1,42
<i>BRCA2</i>	1,92	1,93
<i>CCND1</i>	4,15	4,14
<i>CCNE1</i>	1,62	1,63
<i>CDK4</i>	3,23	3,24
<i>CDK6</i>	1,85	1,84
<i>CHEK2</i>	1,65	1,68
<i>EGFR</i>	3,55	3,53
<i>ERBB2</i>	8,63	8,66
<i>FGF10</i>	1,60	1,59
<i>FGF19</i>	3,28	3,30
<i>FGFR1</i>	3,57	3,57
<i>KRAS</i>	2,19	2,19
<i>MDM2</i>	2,46	2,47
<i>MDM4</i>	1,65	1,64
<i>MET</i>	1,70	1,69
<i>MYC</i>	1,97	1,98
<i>MYCN</i>	1,45	1,46

Le informazioni contenute in questa tabella mostrano esempi di elevata concordanza dei dati analizzati con DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2 e non rappresentano un elenco completo delle CNV rilevate.

Rilevamento efficace delle fusioni

Il cancro può essere causato da modifiche epigenetiche, modifiche nel livello dell'espressione e fusioni geniche non rilevabili dal sequenziamento standard.^{14,15} I saggi TruSight Oncology 500 rilevano e caratterizzano le fusioni indipendentemente dal partner. Per ottenere risultati confrontabili con l'analisi dell'RNA, si raccomanda di utilizzare 40 ng di RNA con TruSight Oncology 500 e un intervallo di 40-80 ng di RNA con TruSight Oncology 500 High-Throughput. Nei casi in cui le rese dell'RNA FFPE ottenuto da tessuti FFPE siano basse, è comunque possibile utilizzare input di 40 ng di RNA per rilevare le varianti espresse a livelli da medio ad alto con TruSight Oncology 500 High-Throughput. Tuttavia, ove disponibili, input di 80 ng di RNA contribuiscono a massimizzare la sensibilità per fusioni presenti a concentrazioni basse (Tabella 11).

Tabella 9: rilevamento sensibile di LR del gene BRCA

LR del gene BRCA 1/2 rilevato	VAF LR stimata
Perdita dell'esone 8 del gene BRCA1	0,26
Perdita degli esoni 21-24 del gene BRCA2	0,44
Perdita degli esoni 14-24 del gene BRCA1	0,51
Perdita degli esoni 21-24 del gene BRCA1	0,85
Perdita degli esoni 1-3 del gene BRCA1	0,48
Perdita degli esoni 1-23 del gene BRCA1	0,70
Guadagno degli esoni 25-27 del gene BRCA2	0,37
Perdita degli esoni 1-3 del gene BRCA1	0,86
Guadagno degli esoni 5-16 del gene BRCA1	0,83
Guadagno degli esoni 17-18 del gene BRCA1	0,51
Guadagno degli esoni 1-16 del gene BRCA1	0,61
Guadagno dell'esone 13 del gene BRCA1	0,69
Guadagno dell'esone 25 del gene BRCA2	0,40
Guadagno degli esoni 11-27 del gene BRCA2	0,54
Guadagno degli esoni 12-13 del gene BRCA2	0,35
Perdita dell'esone 22 del gene BRCA1	0,92

Questi dati sono stati generati con DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 Software.

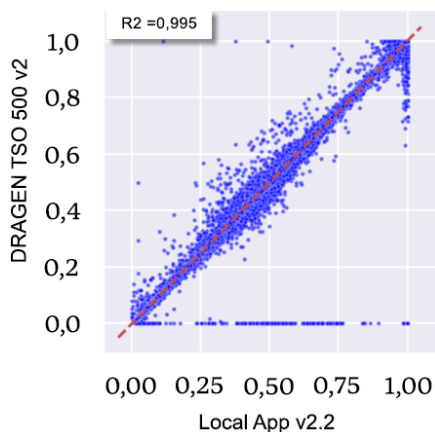


Figura 8: elevata concordanza di VAF tra i dati di TruSight Oncology 500 analizzati con DRAGEN TruSight Oncology v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2

Tabella 10: rilevamento altamente sensibile di varianti piccole del DNA

Gene	Mutazione	DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 (VAF media)
Tipo di variante: variante di singolo nucleotide (SNV)		
AKT1	E17K	5%
APC	R1450*	8%
BRAF	V600E	13%
CTNNB1	T41A	8%
EGFR	L858R	7%
EGFR	T790M	7%
FGFR3	S249C	6%
FOXL2	C134W	7%
GNAS	R201C	7%
IDH1	R132C	7%
KIT	D816V	8%
KRAS	G12D	7%
NOTCH1	P668S	5%
NRAS	Q61R	7%
PIK3CA	E545G	5%
RET	M918T	8%
TP53	R248Q	7%
Tipo di variante: variante complessa		
EGFR	L747_P753>Q	3%
Tipo di variante: inserzione		
APC	T1556Nfs*3	7%
ERBB2	A775-G776insYVMA	7%
Tipo di variante: delezione		
FBXW7	FBXW7:G667fs	5%
PTEN	PTEN:K267fs*9	7%
TP53	TP53:C242fs*5	6%

Le informazioni contenute in questa tabella mostrano esempi di concordanza tra i dati analizzati con DRAGEN TruSight Oncology 500 v2 Software e TruSight Oncology 500 Local App v2.2 e non rappresentano un elenco completo delle SNV e delle indel rilevate.

Tabella 11: rilevamento efficace delle fusioni e delle varianti di splicing

Fusione dell'RNA	Quantità di input di RNA			Tessuto
	40 ng	60 ng	80 ng	
<i>ALK-EML4</i>	15	21	40	Polmone
<i>EGFR-RAB3IP</i>	5	9	19	Cervello
<i>EGFR-METTL1</i>	25	84	71	Cervello
<i>BRCA1-MPP2</i>	25	28	29	Sconosciuto
<i>ALK-BRE</i>	75	112	128	Sarcoma
<i>CCDC170-ESR1</i>	122	59	168	Rene
<i>MYC-MRPL13</i>	27	35	52	Seno
<i>MYC-STK3</i>	11	39	28	Seno
<i>ROS1;GOPC-ENC1</i>	32	53	93	Polmone
<i>ROS1;GOPC-CD74</i>	104	92	141	Polmone
<i>ANKUB1;RNF13-ETV5;DGKG</i>	29	45	72	Utero
<i>NTRK3-SEMA6A</i>	7	16	25	Pelle
<i>RET-NCOA4</i>	74	78	154	Tiroide
<i>EWSR1-ATF1</i>	19	30	32	Sarcoma
<i>EWSR1-CBY1</i>	44	30	97	Sarcoma
<i>BRCA2-NRXN3</i>	33	60	84	Ossa
<i>FLT3-SMOX</i>	50	72	54	Ossa
<i>FLT3-VWA8</i>	29	51	69	Ossa
<i>FLT3-LCP1</i>	12	32	47	Ossa
Variante di splicing				
<i>ARv7</i>	26	38	46	Seno
<i>EGFR v3</i>	567	884	937	Cervello
<i>EGFR v3</i>	1.249	1.614	2.049	Cervello

Questi dati sono stati generati con la pipeline di un'app locale (non con il software DRAGEN).

Piani per il futuro

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput si integrano facilmente nei laboratori che utilizzano correntemente l'NGS, consentendo loro di offrire funzionalità di CGP senza la necessità di passare a una tecnologia completamente nuova. Consolidando più saggi indipendenti con singolo biomarcatore in un unico saggio,

i laboratori possono risparmiare campioni, tempo e denaro e al contempo aumentare le probabilità di identificare un biomarcatore positivo. Oltre a portare i saggi per il tumore in sede, i laboratori possono conservare i campioni e i dati non elaborati.

Attributi del prodotto migliorati

Illumina offre livelli elevati di assistenza e supporto per garantire il corretto funzionamento del laboratorio. Per consentire una maggiore efficienza, i prodotti TruSight Oncology 500[†] offrono:

- **Notifica avanzata delle modifiche:** Illumina informa i laboratori sei mesi prima che vengano apportate modifiche significative a un prodotto del portafoglio TruSight Oncology 500.[†]
- **Certificato di analisi:** ogni prodotto TruSight Oncology 500[†] viene rilasciato con un certificato di analisi (CoA, certificate of analysis) dal reparto Quality Assurance di Illumina che attesta che il prodotto ha soddisfatto le specifiche e la qualità predeterminate per il rilascio del prodotto.
- **Maggiore durata di conservazione:** la durata di conservazione minima garantita per i reagenti TruSight Oncology 500 viene estesa a sei mesi, riducendo il rischio di scadenza del prodotto e consentendo ai laboratori di utilizzare i reagenti in base alle attuali esigenze di analisi.

Riepilogo

TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput sono saggi di cattura mediante ibridazione basati su NGS che consentono la CGP attraverso l'analisi di biomarcatori chiave presenti nelle linee guida e nei trial clinici, in un singolo saggio utilizzando una piccola quantità di campione. La combinazione della cattura mediante ibridazione di DNA ed RNA con procedure informatiche avanzate riduce gli errori e produce dati di alta qualità, anche partendo da campioni FFPE. Con TruSight Oncology 500 High-Throughput, i laboratori possono aumentare le dimensioni dei batch ed elaborare più campioni la settimana su una vasta gamma di piattaforme per il sequenziamento. Sfruttando l'efficacia dell'analisi secondaria di DRAGEN, TruSight Oncology 500 migliora l'efficienza del laboratorio e produce risultati eccellenti.

[†] Per i pacchetti TruSight Oncology 500 su NextSeq 550Dx Instrument, le funzioni avanzate si applicano solo ai kit di preparazione delle librerie e non ai materiali di consumo principali.

Maggiori informazioni

[TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput](#)

[Analisi secondaria DRAGEN](#)

[Illumina Connected Analytics](#)

[Illumina Connected Insights](#)

Informazioni per gli ordini: TruSight Oncology 500

	Tipo di campione	Preparazione delle librerie		Velsera incluso
		Prodotto	N. di catalogo	
Manuale	DNA	TruSight Oncology 500 DNA Kit ^a (16 indexes, 48 samples)	20028213	
		TruSight Oncology 500 DNA Kit, plus Velsera ^a (16 indexes, 48 samples)	20032624	✓
		TruSight Oncology 500 DNA Kit, for Use with NextSeq ^b (16 indexes, 48 samples)	20028214	
		TruSight Oncology 500 DNA Kit, for Use with NextSeq, plus Velsera ^a (16 indexes, 48 samples)	20032625	✓
	DNA/RNA	TruSight Oncology 500 DNA/RNA Bundle ^a (16 indexes, 24 samples)	20028215	
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Bundle, plus Velsera ^a (16 indexes, 24 samples)	20032626	✓
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Bundle, for Use with NextSeq ^b (16 indexes, 24 samples)	20028216	
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Bundle, for Use with NextSeq, plus Velsera ^a (16 indexes, 24 samples)	20032627	✓
Automatizzato	DNA	TruSight Oncology 500 DNA Automation ^a Kit (16 indexes, 64 samples)	20045504	
		TruSight Oncology 500 DNA Automation Kit, plus Velsera ^a (16 indexes, 64 samples)	20045506	✓
		TruSight Oncology 500 DNA Automation Kit, for Use with NextSeq ^b (16 indexes, 64 samples)	20045505	
		TruSight Oncology 500 DNA Automation Kit, for Use with NextSeq, plus Velsera ^a (16 indexes, 64 samples)	20045507	✓
	DNA/RNA	TruSight Oncology 500 DNA/RNA ^a Automation Kit (16 indexes, 32 samples)	20045508	
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Automation Kit, plus Velsera ^a (16 indexes, 32 samples)	20045509	✓
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Automation Kit, for Use with NextSeq ^b (16 indexes, 32 samples)	20045990	
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA Automation Kit, for Use with NextSeq, plus Velsera ^a (16 indexes, 32 samples)	20045991	✓

a. Include i reagenti per la preparazione delle librerie e i reagenti di arricchimento; non include i reagenti per il sequenziamento per NextSeq 550 System. I reagenti per il sequenziamento per NextSeq 550 System sono disponibili separatamente. Visitare la pagina Web [illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/cluster-gen-sequencing-reagents/nextseq-series-kits-v2-5.html](https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/cluster-gen-sequencing-reagents/nextseq-series-kits-v2-5.html).

b. Include i reagenti per la preparazione delle librerie, i reagenti di arricchimento e il reagente per il sequenziamento per NextSeq 550 System.

Informazioni per gli ordini: TruSight Oncology 500 e TruSight Oncology 500 High-Throughput

Tipo di campione	Preparazione delle librerie			Automazione		
	Prodotto	N. di catalogo	Velsera incluso	Prodotto	N. di catalogo	
Manuale	DNA	TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Kit ^a (48 samples)	20040765		Beckman Coulter i-Series	Contattare un addetto alle vendite Illumina
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Kit, with Velsera ^a (48 samples)	20040769	✓	Hamilton Microlab STAR	Contattare un addetto alle vendite Illumina
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Kit ^a (144 samples)	20040767			
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput, with Velsera ^a (144 samples)	20040771	✓		
	DNA/RNA	TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Kit ^a (24 samples)	20040764			
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Kit, with Velsera ^a (24 samples)	20040768	✓		
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Kit ^a (72 samples)	20040766			
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Kit, with Velsera ^a (72 samples)	20040770	✓		
Automatizzato	DNA	TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Automation Kit ^a (64 samples)	20049283			
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Automation Kit ^a (64 samples) plus Velsera	20049277	✓		
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Automation Kit ^a (144 samples)	20049285			
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput Automation Kit ^a (144 samples) plus Velsera	20049279	✓		
	DNA/RNA	TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Automation Kit ^a (32 samples)	20049282			
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Automation Kit ^a (32 samples) plus Velsera	20049276	✓		
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Automation Kit ^a (72 samples)	20049284			
		TruSight Oncology 500 DNA/RNA High-Throughput Automation Kit ^a (72 samples) plus Velsera	20049278	✓		

a. Include i reagenti per la preparazione delle librerie e i reagenti di arricchimento; non include IDT per gli indici Illumina né i reagenti per il sequenziamento per NovaSeq 6000 System o NovaSeq X Series.

Informazioni per gli ordini: TruSight Oncology 500 High-Throughput, continua

Materiali di consumo		
Prodotto		N. di catalogo
Kit di indicizzazione		
Manuale	IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20034701
	IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20034702
Automatizzato	IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes for Automation Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20066404
	IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes for Automation Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20063213
Kit di reagenti per il sequenziamento NovaSeq 6000		
	NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20040719
	NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028318
	NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028315
	NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028313
Kit di reagenti per il sequenziamento NovaSeq X		
	NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (200 cycles)	20104704
	NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (200 cycles)	20085595
	NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

Informazioni per gli ordini: opzioni di analisi

Identificazione di varianti in sede		
Prodotto		N. di catalogo
	Illumina DRAGEN Server v3	20040619
	Illumina DRAGEN Server v4	20051343
	Illumina DRAGEN Server Advance Exchange Plan	20032797
Identificazione di varianti basata sul cloud		
	Illumina Connected Analytics Basic Annual Subscription	20044874
	Illumina Connected Analytics Professional Annual Subscription	20044876
	Illumina Connected Analytics Enterprise Annual Subscription	20038994
	Illumina Connected Analytics Enterprise Compliance Add-on (si applica solo alla versione Basic)	20066830
	Illumina Connected Analytics Training and Onboarding	20049422
	Illumina Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 1 credit	20042038
	Illumina Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics Starter Pack, 1000 credits	20042039
	Illumina Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 5000 credits	20042040
	Illumina Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 50,000 credits	20042041
	Illumina Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 100,000 credits	20042042
Creazione di report sulle varianti basata sul cloud		
	Illumina Connected Insights—Annual Subscription	20090137
	Illumina Connected Insights—Oncology Genome Equivalent Sample-VCF	20090138
	Illumina Connected Insights—Training and Onboarding	20092376
	Informatics Professional Services	20071787

Bibliografia

1. Stransky N, Cerami E, Schalm S, Kim JL, Lengauer C. [The landscape of kinase fusions in cancer](#). *Nat Commun*. 2014;5:4846. doi:10.1038/ncomms5846.
2. Boland GM, Piha-Paul SA, Subbiah V, et al. [Clinical next generation sequencing to identify actionable aberrations in a phase I program](#). *Oncotarget*. 2015;6(24):20099-20110. doi:10.18632/oncotarget.4040.
3. Massard C, Michiels S, Féré C, et al. [High-Throughput Genomics and Clinical Outcome in Hard-to-Treat Advanced Cancers: Results of the MOSCATO 01 Trial](#). *Cancer Discov*. 2017;7(6):586-595. doi:10.1158/2159-8290.CD-16-1396.
4. Harris MH, DuBois SG, Glade Bender JL, et al. [Multicenter Feasibility Study of Tumor Molecular Profiling to Inform Therapeutic Decisions in Advanced Pediatric Solid Tumors: The Individualized Cancer Therapy \(iCat\) Study](#). *JAMA Oncol*. 2016;2(5):608-615. doi:10.1001/jamaoncol.2015.5689.
5. Parsons DW, Roy A, Yang Y, et al. [Diagnostic Yield of Clinical Tumor and Germline Whole-Exome Sequencing for Children With Solid Tumors](#). *JAMA Oncol*. 2016;2(5):616-624. doi:10.1001/jamaoncol.2015.5699.
6. 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;23(6):703-713. doi:10.1038/nm.4333.
7. Tray N, Weber JS, Adams S. [Predictive Biomarkers for Checkpoint Immunotherapy: Current Status and Challenges for Clinical Application](#). *Cancer Immunol Res*. 2018;6(10):1122-1128. doi:10.1158/2326-6066.CIR-18-0214.
8. Samstein RM, Lee CH, Shoushtari AN, et al. [Tumor mutational load predicts survival after immunotherapy across multiple cancer types](#). *Nat Genet*. 2019;51(2):202-206. doi:10.1038/s41588-018-0312-8.
9. U.S. Food & Drug Administration. FDA Approves First-Line Immunotherapy for Patients with MSI-H/dMMR Metastatic Colorectal Cancer. [fda.gov/news-events/press-announcements/fda-approves-first-line-immunotherapy-patients-msi-hdmmr-metastatic-colorectal-cancer](#). Pubblicato nel 2020. Consultato il 30 marzo 2022.
10. U.S. Food & Drug Administration. FDA approves pembrolizumab for adults and children with TMB-H solid tumors. [fda.gov/drugs/drug-approvals-and-databases/fda-approves-pembrolizumab-adults-and-children-tmb-h-solid-tumors](#). Pubblicato nel 2020. Consultato il 30 marzo 2022.
11. Illumina. TruSight Oncology UMI Reagents technical note. [illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/trusight-oncology-umi-reagents-datasheet-100000050425.pdf](#). Pubblicato nel 2018. Consultato il 30 marzo 2022.
12. Illumina. Analysis of TMB and MSI Status with TruSight Oncology 500. [illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/appnotes/trusight-oncology-500-tmb-analysis-1170-2018-009.pdf](#). Pubblicato nel 2018. Consultato il 30 marzo 2022.
13. Beroukhi R, Mermel CH, Porter D, et al. [The landscape of somatic copy-number alteration across human cancers](#). *Nature*. 2010;463(7283):899-905. doi:10.1038/nature08822.
14. Green MR, Vicente-Dueñas C, Romero-Camarero I, et al. [Transient expression of Bcl6 is sufficient for oncogenic function and induction of mature B-cell lymphoma](#). *Nat Commun*. 2014;5:3904. doi:10.1038/ncomms4904.
15. Piskol R, Ramaswami G, Li JB. [Reliable identification of genomic variants from RNA-seq data](#). *Am J Hum Genet*. 2013;93(4):641-651. doi:10.1016/j.ajhg.2013.08.008.



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina Web www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-00173 ITA v7.0