

TruSight^{MC} Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

Permet un profilage
génomique complet à partir
d'échantillons FFPE, avec
flexibilité et adaptabilité

- Analyse de plusieurs types de variants et de biomarqueurs clés dans plus de 500 gènes à partir de brins d'ADN et d'ARN, ce avec un seul test
- Passage de l'échantillon aux résultats en 4 à 5 jours en utilisant des flux de travail manuels ou automatisés qui intègrent la préparation des bibliothèques, le séquençage et l'analyse des données
- Génération de données précises et des résultats fiables qui répondent à des spécifications de performance exigeantes
- Conservation des échantillons à l'interne et obtention de données pertinentes pour l'institution et la communauté locales

illumina[®]

Introduction

Des études récentes portant sur de grandes cohortes montrent que le profilage génomique complet a le potentiel d'identifier des altérations génétiques pertinentes sur environ 90 % des échantillons¹⁻⁶. L'utilisation d'un test unique et complet pour évaluer un large éventail de biomarqueurs nécessite moins d'échantillons et permet d'obtenir des résultats plus rapidement que des tests multiples et itératifs. Pour aider les chercheurs qui travaillent avec une quantité limitée de tissus et des délais serrés, Illumina offre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput (tableau 1). Grâce à une technologie éprouvée, des biomarqueurs pertinents et plusieurs partenariats avec des entreprises pharmaceutiques établies, ces tests sont bien placés pour constituer le fondement des tests diagnostiques de profilage de tumeurs du futur.

Analyse de plusieurs types de tumeurs et de biomarqueurs avec un seul flux de travail

TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput sont des tests de séquençage de nouvelle génération (SNG) qui analysent simultanément l'ADN

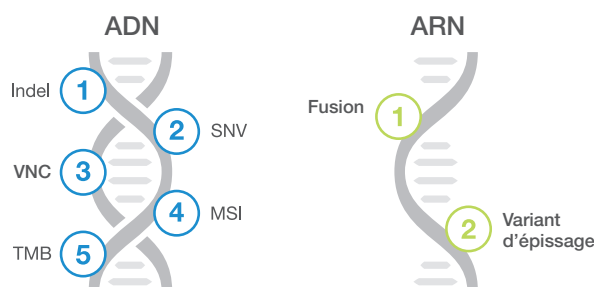


Figure 1: Types de variants détectés par les panels TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

et l'ARN (figure 1) dans un seul flux de travail intégré (figure 2). Le contenu du panel comprend plusieurs types de variants et des biomarqueurs clés (figure 3) sur 523 gènes de l'ADN et de l'ARN pertinents pour le cancer (tableau 2, tableau 3 et tableau 4), ce qui évite de devoir consacrer du temps et des échantillons précieux, tels que des blocs de tissus fixés au formol et imprégnés à la paraffine (FFPE), à des tests itératifs.

Tableau 1 : TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

Paramètre	TruSight Oncology 500	TruSight Oncology 500 High-Throughput
Système	Systèmes NextSeq 500, NextSeq 550 ou NextSeq 550Dx (mode recherche)	Système NovaSeq 6000
Taille du panel	1,94 Mb d'ADN, 358 kb d'ARN	1,94 Mb d'ADN, 358 kb d'ARN
Exigence d'entrée d'ADN	40 ng	40 ng
Exigence d'entrée d'ARN	40 ng	40 à 80 ng
Exigence d'entrée de FFPE	Minimum recommandé de 2 mm ³ d'échantillons de tissus FFPE	Minimum recommandé de 2 mm ³ d'échantillons de tissus FFPE
Durée totale du test	4 à 5 jours de l'acide nucléique au rapport sur les variants	4 à 5 jours de l'acide nucléique au rapport sur les variants
Durée de l'analyse de séquençage	24 heures	19 heures (SP et S1P), 25 heures (S2) ou 36 heures (S4)
Analyse de séquençage	2 × 101 cycles	2 × 101 cycles
Débit d'échantillons	8 échantillons par analyse	16 à 192 échantillons par analyse
Seuil de détection	FAV de 5 % pour les petits variants 5 copies par ng d'ARN en entrée pour les fusions 2,2× de modification de facteur pour les VNC	FAV de 5 % pour les petits variants 5 copies par ng d'ARN en entrée pour les fusions (80 ng d'entrée) 2,2× de modification de facteur pour les VNC
Sensibilité analytique	> 96 % (pour tous les variants à une FAV de 5 %)	> 96 % (pour tous les variants à une FAV de 5 %)
Spécificité analytique	99,9998 %	99,9998 %

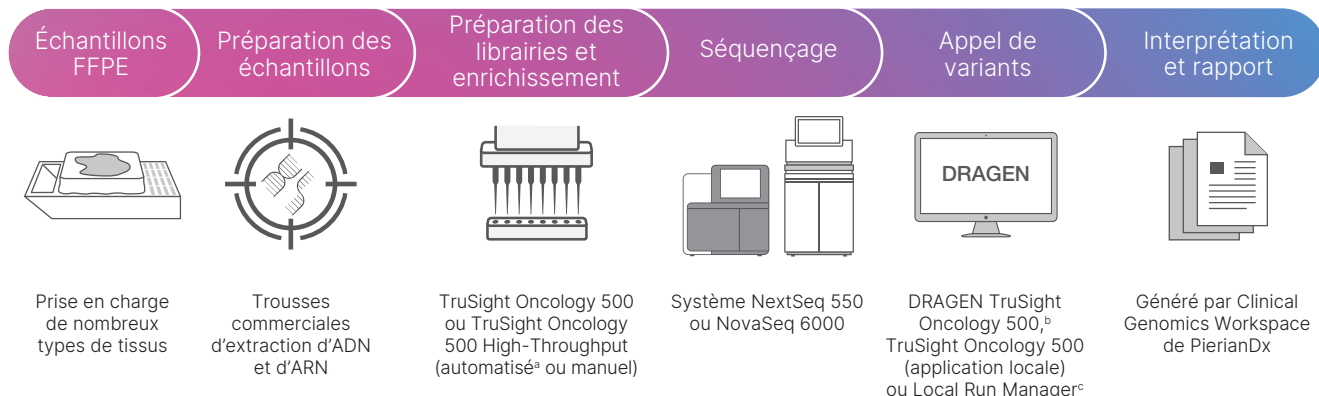


Figure 2 : Flux de travail du test TruSight Oncology 500 – TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput s'intègrent dans les flux de travail de laboratoire actuels, allant des acides nucléiques aux définitions de variants en quatre jours. Local Run Manager n'est offert qu'avec le test TruSight Oncology 500.

- a. Les trousse TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput sont disponibles en versions compatibles avec l'automatisation.
- b. Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage.
- c. Local Run Manager est disponible uniquement sur le système NextSeq 550.

NTRK1, NTRK2, NTRK3 (pan-cancer) | MSI (pan-cancer) | TMB (pan-cancer)









 Poumon	 Mélanome	 Côlon	 Ovaires	 Sein	 Gastrique	 Vessie	 Sarcome
AKT1 ALK BRAF DDR2 EGFR ERBB2 FGFR1 FGFR3 KRAS MAP2K1 MET NRAS PIK3CA PTEN RET TP53	BRAF CTNNB1 GNA11 GNAQ KIT MAP2K1 NF1 NRAS PDGFRA PIK3CA PTEN TP53	AKT1 BRAF HRAS KRAS MET MLH1 MSH2 MSH6 NRAS PIK3CA PMS2 PTEN SMAD4 TP53	BRAF BRCA1 BRCA2 KRAS PDGFRA FOXL2 TP53	AKT1 AR BRCA1 BRCA2 ERBB2 FGFR1 FGFR2 PIK3CA PTEN	BRAF KIT KRAS MET MLH1 PDGFRA TP53	MSH6 PMS2 TSC1	ALK APC BRAF CDK4 CTNNB1 ETV6 EWSR1 FOXO1 GLI1 KIT MDM2 MYOD1 NAB2 NF1 PAX3 PAX7 PDGFRA PDGFRB SDHB SDHC SMARCB1 TFE3 WT1

Figure 3 : Biomarqueurs génomiques pour le profilage tumoral de nombreux types de cancers – TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput contiennent les biomarqueurs principaux des recommandations pour de nombreux types de cancers, en plus des biomarqueurs communs à tous les cancers comme la MSI, NTRK1-3 et le TMB.

Tableau 2 : Contenu d'ADN dans TruSight Oncology 500 et 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	BMPRI1A	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	CRLF2	ERCC1	FGF7	HIST1H1C	INSR	MAPK3	NOTCH1	PIK3R2	RARA	SMC3	TOP1
AKT3	BRCA2	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	ERRF1	FLCN	HIST1H3E	JAK2	MED12	NRG1	PMS1	RET	SOX2	TSC1
AR	CALR	CTNNB1	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	MLL3	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	PRKARIA	RUNX1	STAT5B	YAP1
AURKA	CD79A	DNAJB1	FANCC	GATA1	HNF1A	KLHL6	MSH6	PAX3	PRKCI	RUNX1T1	STK11	YES1
AURKB	CD79B	DNMT1	FANCD2	GATA2	HNRNPK	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	INHHA	LYN	MYOD1	PDPK1	RAB35	SH2B3	TERC	
BCL2L1	CDKN2B	EIF4E	FGF8	GNAS	HRAS	LZTR1	NAB2	PGR	RAC1	SH2D1A	TERT	
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	

Le contenu en grisé est analysé pour la détection des VNC

Tableau 3 : Contenu d'ARN dans les panels TruSight Oncology 500 et 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>

Tous les gènes énumérés sont évalués pour les fusions connues et nouvelles; le contenu en grisé est analysé pour les variantes d'épissage

Conception de contenu complète

Illumina s'est associée à des autorités reconnues de la communauté oncologique pour concevoir le contenu TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput. Ces panels offrent une couverture complète des biomarqueurs mutés les plus courants dans plusieurs types de cancers (figure 3), y compris 523 gènes pour les variants mononucléotidiques (SNV), les insertions/délétions (indels), les variations du nombre de copies (VNC) et 55 gènes pour les variants de fusion et d'épissage connus et nouveaux (tableau 2, tableau 3). Le contenu du panel comprend les gènes énumérés dans les recommandations actuelles avec une couverture importante des recommandations principales de plusieurs types de tumeurs (figure 4) et les gènes impliqués dans plus de 1 000 essais cliniques. De plus, les panels TruSight Oncology 500 comprennent le biomarqueur d'instabilité des microsatellites (MSI), avec les corrélations connues aux réponses⁷⁻⁹ et le biomarqueur de fardeau mutationnel tumoral (FMT) (tableau 4).¹⁰

Tableau 4 : Analyse simultanée de plusieurs biomarqueurs de cancer du poumon avec l'ADN et l'ARN du même échantillon

Biomarqueur	Contenu d'ADN	Contenu d'ARN
MSI	✓	
TMB	✓	
Gènes biomarqueurs	Petits variants	Fusions
<i>AKT1</i>	✓	
<i>ALK</i>	✓	✓
<i>BRAF</i>	✓	✓
<i>DDR2</i>	✓	
<i>EGFR</i>	✓	✓
<i>ERBB2</i>	✓	✓
<i>FGFR1</i>	✓	✓
<i>FGFR3</i>	✓	✓
<i>KRAS</i>	✓	
<i>MAP2K1</i>	✓	
<i>MET</i>	✓	✓
<i>NRAS</i>	✓	
<i>NTRK1</i>	✓	✓
<i>NTRK2</i>	✓	✓
<i>NTRK3</i>	✓	✓
<i>PIK3Ca</i>	✓	✓
<i>PTEN</i>	✓	
<i>RET</i>	✓	✓
<i>TP53</i>	✓	

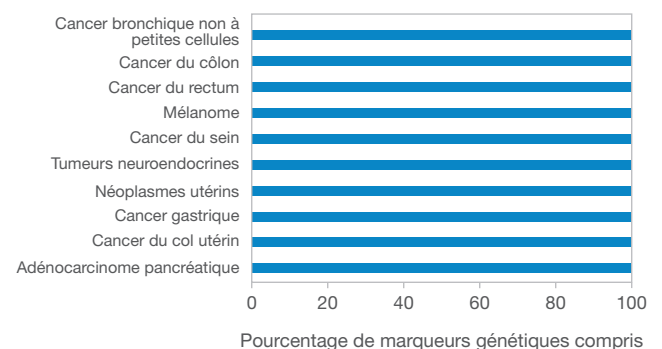


Figure 4 : Alignement de contenu du test TruSight Oncology 500 sur les recommandations principales par type de cancer – Le graphique donne des exemples d'alignement de contenu et ne vise pas l'inclusion de toutes les recommandations.

Flux de travail intégré

La mise en œuvre du PGC en interne est simplifiée par la disponibilité d'un flux de travail complet et rationalisé qui s'étend de l'entrée des échantillons au rapport final (figure 2). L'utilisation de trousseaux et de méthodes automatisées de préparation de bibliothèques, d'outils d'appel des variants et de logiciels d'interprétation et de production de rapports permet un flux de travail fluide qui peut être réalisé en quatre jours seulement.

Au début, de l'ADN ou de l'ARN

Les tests TruSight Oncology 500 peuvent utiliser de l'ARN ou de l'ADN extrait du même échantillon comme matériel d'entrée. Si de l'ADN est utilisé, la préparation de l'échantillon commence par un découpage de l'ADN génomique (ADNg). Si de l'ARN est utilisé, la première étape est une transcription inversée de l'échantillon en ADNc. Les bibliothèques prêtes pour le séquençage sont préparées simultanément à partir d'ADNg et d'ADNc découpés.

Automatiser pour plus d'efficacité

TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput offrent des options manuelles et automatisées pour permettre la préparation de bibliothèques évolutives. Illumina a établi un partenariat avec Hamilton et Beckman Coulter Life Sciences, des fabricants de premier plan dans le domaine de la manipulation des liquides, afin de produire des flux de travail entièrement automatisés pour les tests TruSight Oncology 500 qui répondent à une série de besoins en matière de débit. Ces flux de travail automatisés permettent d'obtenir les mêmes résultats de haute qualité que ceux produits par les protocoles manuels, tout en réduisant la durée de manipulation d'environ 50 %, ce qui permet aux laboratoires d'économiser sur les coûts de main-d'œuvre et d'améliorer leur efficacité.

Ajouter des étiquettes pour améliorer la spécificité analytique

Pendant la préparation de bibliothèques, des identifiants moléculaires uniques (IMU)¹¹ sont ajoutés aux fragments d'ADNg ou d'ADNc. Ces IMU permettent la détection de fréquences alléliques de variants (FAV) basses tout en éliminant les erreurs, ce qui procure une spécificité analytique élevée.

Enrichir les bibliothèques pour concentrer les efforts

La préparation de bibliothèques est basée sur une chimie éprouvée de capture hybride utilisant des sondes biotinylées et des billes magnétiques enduites de streptavidine pour purifier les cibles sélectionnées à partir de bibliothèques d'ADN et d'ARN. Les régions d'intérêt

sont hybridées aux sondes biotinylées, magnétiquement tirées vers le bas, puis éluées pour enrichir le regroupement de bibliothèques. L'enrichissement de type hybridation est une stratégie pratique pour analyser des variantes génétiques précises dans un échantillon donné et pour séquencer de manière fiable des exomes ou un grand nombre de gènes (c.-à-d. plus de 50 gènes). Il fournit des résultats fiables pour un large éventail de types d'entrée et de quantités. La chimie de capture hybride offre plusieurs avantages par rapport au séquençage d'amplicons, notamment la production de données avec moins d'artéfacts et d'abandons. De plus, la chimie de capture hybride n'a pas d'incidence sur les fusions, ce qui permet la détection et la caractérisation des fusions connues et nouvelles. Contrairement aux approches basées sur les amplicons qui nécessitent des tests de confirmation à cause des faux positifs produits, la méthode de capture hybride est très sensible et peut caractériser avec exactitude les deux fusions géniques des partenaires connus et nouveaux.

Séquençage de 8 à 192 échantillons

Les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput suivent le même flux de travail pour les échantillons et la préparation de bibliothèques. La principale différence entre ces tests est l'échelle. Le test TruSight Oncology 500 est utilisé sur les systèmes NextSeq^{MC} 500 ou NextSeq 550Dx* qui peuvent traiter en lot jusqu'à 8 échantillons à la fois. Le test TruSight Oncology 500 High-Throughput est adaptable et peut traiter un plus grand débit d'échantillons. Quand il est utilisé sur le système NovaSeq^{MC} 6000, les clients peuvent traiter des lots de 16 à 192 échantillons. Cette flexibilité est rendue possible par les 192 index uniques disponibles pour le test TruSight Oncology 500 High-Throughput et par les Flow Cell NovaSeq qui peuvent traiter différents débits (tableau 5). Chaque index d'échantillons a un rendement constant pour produire des indicateurs de séquençage au-delà des attentes en matière de contrôle de la qualité (CQ).

Tableau 5 : Solution adaptable

Test	TruSight Oncology 500	TruSight Oncology 500 High-Throughput			
	Système NextSeq 550 ou NextSeq 550Dx ^a	NovaSeq 6000			
Instrument	Débit élevé	SP	S1	S2	S4
Nombre d'échantillons	8	16	32	72	192

a. Instrument NextSeq 550Dx en mode recherche

* Instrument NextSeq 550Dx en mode recherche

Analyse de données

L'appel des variants pour TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput est actuellement effectué à l'aide d'une application locale sur un serveur local. Une version DRAGEN^{MC} de l'application, exécutée soit sur place à l'aide d'un serveur DRAGEN local, soit en tant que solution basée sur le nuage, sera bientôt disponible. Les deux applications tirent parti d'algorithmes propriétaires sophistiqués qui suppriment les erreurs, les artéfacts et les variants germinaux. Il en résulte une performance de définition de variants très exacte avec une spécificité analytique de 99,9998 %. Ce niveau de spécificité est particulièrement utile quand il est essentiel de connaître de nombre exact de mutations par Mb, comme pour l'évaluation du TMB dans un flux de travail sur les tumeurs. Les données des variants d'ADN analysés avec l'application locale TruSight Oncology 500 et l'application DRAGEN TruSight Oncology 500 présentent des résultats concordants (figure 5C, figure 6C); cependant, l'application DRAGEN termine l'analyse 2 à 4 fois plus vite que l'application locale (tableau 6), ce qui réduit le temps nécessaire pour obtenir les résultats finaux.

Pour l'interprétation et la production de rapports, les fichiers de rapports sur les variants peuvent être téléchargés dans le nuage PierianDx Clinical Genomics Workspace directement à partir du système de séquençage. Soutenu par une base de connaissances génomiques complète, continuellement mise à jour et conservée par des experts,¹² le PierianDx Clinical Genomics Workspace effectue l'annotation et le filtrage des variants pour une interprétation et un rapport sans faille. À partir de milliers de variants dans le génome, le PierianDx Clinical Genomics Workspace filtre et priorise les variants biologiques pertinents pour la production automatique du rapport génomique personnalisable final.

Tableau 6 : Analyse plus rapide grâce à l'application DRAGEN TruSight Oncology 500^a

Nombre d'échantillons de biopsie de tissu	Délai moyen d'exécution de l'analyse ^b	
	Application locale ^c	Application DRAGEN ^d
8	5,5 heures	2 heures
16	12 heures	3 heures
32	18 heures	5 heures
72	24 heures	10 heures

- a. Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage
- b. Les temps d'analyse sont basés sur les exécutions réelles et varient d'une exécution à l'autre
- c. Spécifications du serveur local : Amazon EC2, instance c5.9xlarge (36 vCPU, 72 Go de mémoire); le temps d'analyse varie en fonction des spécifications du serveur
- d. Application DRAGEN exécutée sur le serveur DRAGEN v3

Résultats fiables et éprouvés

Bien que les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput ont été conçus pour être exécutés sur des plateformes de séquençage distinctes avec différentes options de débit, ils contiennent le même contenu génomique et offrent le même rendement en termes de définition de variants. Les deux tests ont démontré une concordance élevée lors de la détection de la MSI, du TMB, des VNC, des petits variants et des fusions.

Évaluation exacte du TMB et de la MSI

Les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput conviennent parfaitement à l'étude de la MSI et du TMB, qui nécessite l'analyse de plusieurs locus génomiques. Le statut de la MSI était conventionnellement analysé par PCR (MSI-PCR) et par immunohistochimie. Bien que d'autres méthodes fournissent un résultat qualitatif qui indique si le statut de la MSI des échantillons est stable ou élevé, l'évaluation basée sur le SNG effectuée par les tests TruSight Oncology 500 analyse le marqueur de MSI sur 130 sites d'homopolymères pour calculer un résultat quantitatif exact du statut de la MSI (figure 5).¹³

Obtenir une valeur de TMB exacte et reproductible à de faibles niveaux de mutation peut être un défi avec des panels plus petits. Les panels TruSight Oncology 500 combinent un contenu génomique complet et des algorithmes informatiques sophistiqués pour fournir une estimation du TMB exacte qui concorde fortement avec les études d'exomes entiers (figure 6, tableau 7).¹³ L'ajout d'IMU pendant la préparation de bibliothèques couplé aux solutions informatiques exclusives d'Illumina réduit le taux d'erreurs de séquençage par un facteur de 10 à 20.¹¹ L'élimination d'artéfacts de FFPE (comme la désamination ou l'oxydation) permet une sensibilité analytique avec une FAV aussi basse que 5 % à partir d'échantillons d'ADN de mauvaise qualité.

Tableau 7 : Concordance élevée entre le séquençage du génome entier et le test TruSight Oncology 500 pour la classification du TMB à 10 mutations/Mb

Indicateur	Valeur
Concordance positive en pourcentage	94,7 %
Concordance négative en pourcentage	96,1 %
Concordance globale en pourcentage	95,4 %

Basé sur les valeurs TMB de 108 échantillons de tissus FFPE; le pourcentage de concordance indiqué pour les classifications TMB-Élevé et TMB-Faible, avec 10 mutations/Mb comme valeur de seuil

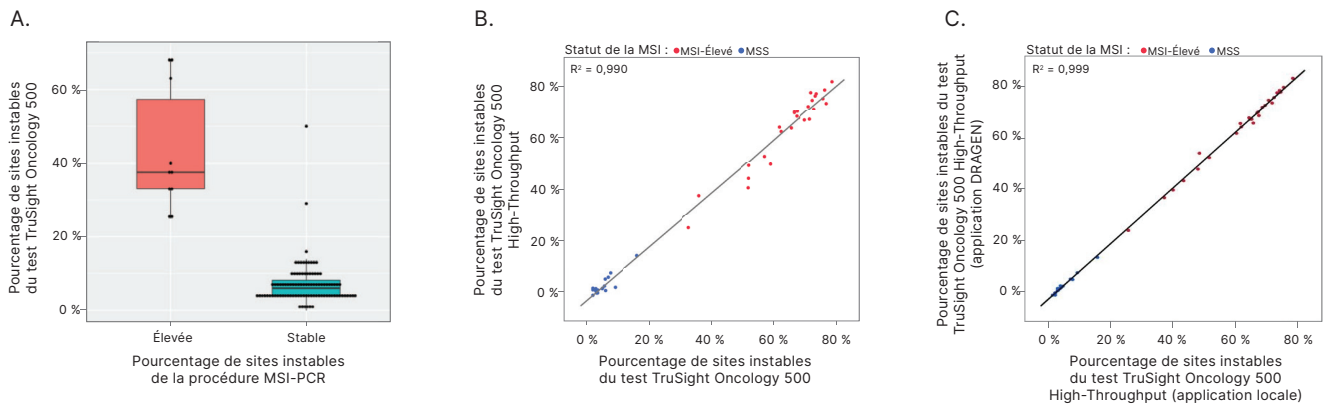


Figure 5 : Évaluation exacte du statut de la MSI – (A) Des échantillons de tissus FFPE analysés à l'aide du test TruSight Oncology 500 produisent un résultat quantitatif (axe des ordonnées) comparé à un résultat qualitatif à l'aide de la procédure MSI-PCR (axe des abscisses). (B) Concordance élevée de la détection des VNC entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput. (C) Haute concordance entre les données TruSight Oncology 500 High-Throughput analysées à l'aide de l'application DRAGEN TruSight Oncology 500 et de l'application locale TruSight Oncology 500. Remarque : Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage.

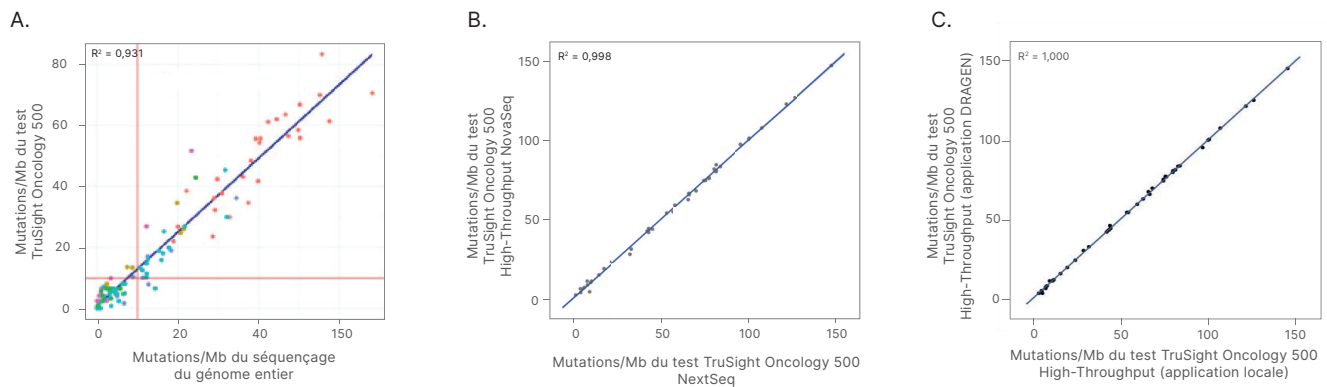


Figure 6 : Évaluation exacte du statut du TMB – (A) L'analyse de 108 échantillons de tissus FFPE montre une concordance élevée entre les mesures du TMB avec le séquençage du génome entier et le test TruSight Oncology 500. La ligne rouge indique la valeur de seuil (10 mutations/Mb). (B) Concordance élevée de l'analyse du TMB entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput. (C) Haute concordance entre les données TruSight Oncology 500 High-Throughput analysées à l'aide de l'application DRAGEN TruSight Oncology 500 et de l'application locale TruSight Oncology 500. Remarque : Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage.

Détection sensible des VNC

Les modifications du nombre de copies dans plusieurs gènes et types de tumeurs ont été associées à la tumorigenèse.¹⁴ Les tests TruSight Oncology 500 comprennent l'analyse de 59 gènes associés aux VNC et des amplifications avec un seuil de détection à 2,2x de différence d'ordre de grandeur (figure 7, tableau 8).

Détection très sensible de variants à partir d'échantillons FFPE

Un avantage de la chimie d'enrichissement des cibles est l'utilisation de sondes suffisamment grandes pour conférer une spécificité de liaison élevée, mais également pour permettre l'hybridation de cibles contenant de petites mutations. Ce mécanisme réduit les éliminations d'échantillons en présence à la fois de variations alléliques naturelles et d'artéfacts de séquençage introduits à partir d'échantillons de tissus FFPE. Le test peut détecter de façon reproductible des variants dans des échantillons FFPE ayant une FAV aussi basse que 5 % (figure 8, tableau 9).

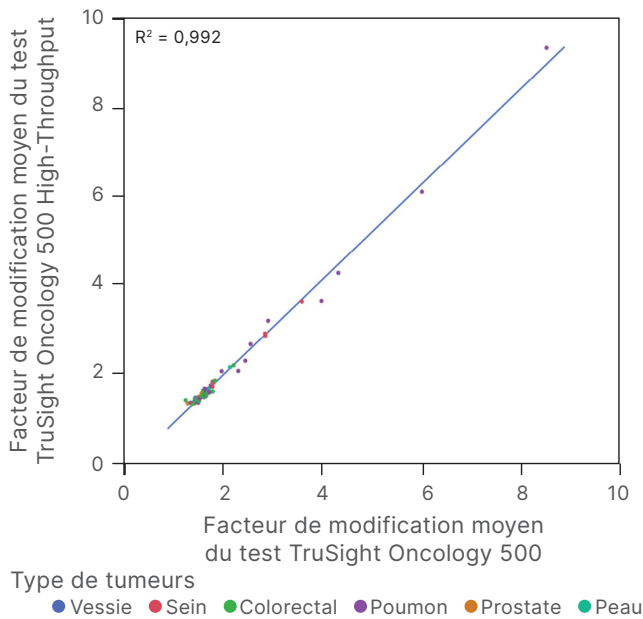


Figure 7 : Concordance élevée de la détection des VNC entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

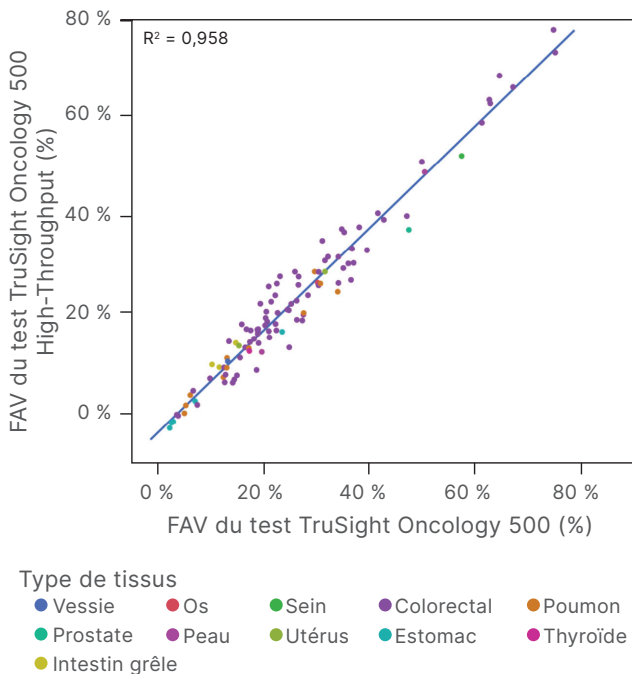


Figure 8 : Concordance élevée de la détection des FAV entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

Tableau 8 : Détection sensible des VNC^a

Gène	Modification de facteur			Tissu
	TruSight Oncology 500	Application locale TruSight Oncology 500 HT		
		Application locale	Application DRAGEN ^b	
<i>ERBB2</i>	23,43	23,37	23,90	Sein
<i>MDM2</i>	8,50	9,34	10,58	Poumon
<i>EGFR</i>	6,00	6,12	6,53	Poumon
<i>EGFR</i>	4,32	4,31	4,31	Poumon
<i>MET</i>	3,98	3,68	3,90	Poumon
<i>MYC</i>	3,59	3,67	3,71	Sein
<i>ERBB2</i>	2,86	2,91	2,96	Sein
<i>BRAF</i>	2,31	2,12	2,07	Poumon
<i>MYC</i>	2,22	2,24	2,25	Colorectal
<i>CCND1</i>	2,15	2,20	2,15	Peau
<i>KRAS</i>	1,82	1,86	1,87	Sein
<i>MDM4</i>	1,80	1,77	1,85	Sein
<i>CCNE1</i>	1,76	1,79	1,71	Poumon
<i>FGF19</i>	1,73	1,74	1,70	Peau
<i>AR</i>	1,72	1,68	1,66	Colorectal
<i>MET</i>	1,69	1,62	1,66	Colorectal
<i>KRAS</i>	1,64	1,73	1,79	Poumon
<i>MYCN</i>	1,63	1,66	1,60	Colorectal
<i>CDK6</i>	1,62	1,60	1,62	Colorectal
<i>CHEK2</i>	1,58	1,54	1,49	Poumon
<i>FGF10</i>	1,54	1,51	1,58	Poumon
<i>BRCA2</i>	1,53	1,53	1,51	Sein
<i>FGF7</i>	1,49	1,50	1,53	Colorectal
<i>FGFR1</i>	1,39	1,38	1,39	Colorectal

a. Les données de ce tableau montrent des exemples de concordance entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput et ne constituent pas une liste complète des VNC détectés
 b. Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage

Tableau 9 : Détection très sensible des petits variants d'ADN^a

Gène	Mutation	FAV		
		TruSight Oncology 500	TruSight Oncology 500 High-Throughput	
			App- lication locale	App- lication DRAGEN ^b
Type de variant : variant mononucléotidique (SNV)				
<i>AKT1</i>	E17K	20 %	18 %	16 %
<i>BRAF</i>	V600E	19 %	19 %	19 %
<i>CDKN2A</i>	R58	12 %	14 %	14 %
<i>CTNNB1</i>	G34E	16 %	18 %	18 %
<i>EGFR</i>	L858R	18 %	17 %	17 %
<i>EGFR</i>	T790M	13 %	12 %	12 %
<i>FBXW7</i>	R465C	8 %	7 %	7 %
<i>FGFR2</i>	S252W	32 %	32 %	31 %
<i>GNAS</i>	R844C	5 %	5 %	5 %
<i>H3F3B</i>	K37M	31 %	30 %	29 %
<i>IDH2</i>	R140Q	23 %	22 %	22 %
<i>KRAS</i>	G12D	6 %	6 %	6 %
<i>NRAS</i>	Q61K	15 %	18 %	18 %
<i>PIK3CA</i>	E542K	14 %	15 %	15 %
<i>PTCH1</i>	A563V	4 %	4 %	4 %
<i>SMARCA4</i>	R973W	3 %	3 %	3 %
<i>TP53</i>	R248Q	29 %	27 %	27 %
Type de variant : variant polynucléotide (MNV)				
<i>RET</i>	A845V	7 %	8 %	8 %
Type de variant : insertion				
<i>APC</i>	T1556Nfs*3	21 %	20 %	20 %
Type de variant : suppression				
<i>ARID1A</i>	D1850Tfs*33	4 %	5 %	5 %
<i>EP300</i>	H2324fs*29	24 %	20 %	20 %
<i>KMT2A (MLL)</i>	K3828Rfs*31	3 %	3 %	3 %
<i>PTEN</i>	K267Rfs*9	21 %	21 %	19 %
<i>RNF43</i>	G659Vfs*41	18 %	18 %	18 %

a. Les données de ce tableau montrent des exemples de concordance entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput et ne constituent pas une liste complète des SNV et des indels détectés

b. Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage

Grande capacité de détection des fusions

Le cancer peut surgir à la suite de modifications épigénétiques, de modifications des niveaux d'expression ainsi que de fusions géniques indétectables par le séquençage standard^{15,16}. Les tests TruSight Oncology 500 détectent et caractérisent les fusions indépendamment du partenaire. Pour obtenir des résultats comparables avec l'analyse d'ARN, il est recommandé d'utiliser 40 ng d'ARN avec le test TruSight Oncology 500, alors qu'une entrée de 40 à 80 ng est recommandée pour l'utilisation avec le test TruSight Oncology 500 High-Throughput. Si les rendements en ARN de tissus FFPE sont faibles, une entrée de 40 ng d'ARN peut être utilisée pour détecter des variants exprimés à des niveaux moyens à élevés avec le test TruSight Oncology 500 High-Throughput. Cependant, quand la quantité d'ARN est suffisante, une entrée de 80 ng maximisera la sensibilité pour la détection de fusions présentes à de faibles concentrations (tableau 10).

Planifier pour le futur

Les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput s'intègrent facilement aux laboratoires qui utilisent actuellement le SNG, ce qui permet d'offrir des capacités complètes de profilage génomique sans avoir à explorer une nouvelle technologie. En regroupant plusieurs tests à un biomarqueur indépendants en un seul test, les laboratoires peuvent faire des économies d'échantillons, de temps et d'argent tout en améliorant les chances d'identifier un biomarqueur positif. De plus, en faisant les tests de tumeurs sur place, les laboratoires peuvent conserver les échantillons et les données brutes et jouer un rôle plus actif dans les conseils sur les tumeurs moléculaires.

Récapitulatif

TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput sont des tests hybrides de capture basés sur le SNG qui permettent d'analyser les biomarqueurs clés présents dans les directives et les essais cliniques, en un seul test utilisant une petite quantité d'un échantillon. Combiner la capture hybride d'ADN et d'ARN avec une solution informatique sophistiquée permet de réduire les erreurs et de produire des données de grande qualité, même à partir d'échantillons FFPE. Grâce au test TruSight Oncology 500 High-Throughput, les laboratoires peuvent augmenter la taille de leurs lots et traiter plus d'échantillons chaque semaine. Profitez de la puissance du test TruSight Oncology 500 pour améliorer l'efficacité du laboratoire et produire des résultats significatifs.

Tableau 10 : Grande capacité de détection de fusions et de variants d'épissage

Fusion d'ARN	Quantité d'entrée d'ARN			Tissu
	40 ng	60 ng	80 ng	
ALK-EML4	15	21	40	Poumon
EGFR-RAB3IP	5	9	19	Cerveau
EGFR-METTL1	25	84	71	Cerveau
BRCA1-MPP2	25	28	29	Inconnu
ALK-BRE	75	112	128	Sarcome
CCDC170-ESR1	122	59	168	Rein
MYC-MRPL13	27	35	52	Sein
MYC-STK3	11	39	28	Sein
ROS1;GOPC-ENC1	32	53	93	Poumon
ROS1;GOPC-CD74	104	92	141	Poumon
ANKUB1; RNF13-ETV5; DGKG	29	45	72	Utérus
NTRK3-SEMA6A	7	16	25	Peau
RET-NCOA4	74	78	154	Thyroïde
EWSR1-ATF1	19	30	32	Sarcome
EWSR1-CBY1	44	30	97	Sarcome
BRCA2-NRXN3	33	60	84	Os
FLT3-SMOX	50	72	54	Os
FLT3-VWA8	29	51	69	Os
FLT3-LCP1	12	32	47	Os
Variant d'épissage				
ARV7	26	38	46	Sein
EGFR v3	567	884	937	Cerveau
EGFR v3	1249	1614	2049	Cerveau

a. Les données de ce tableau montrent des exemples de concordance entre les tests TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput et ne constituent pas une liste complète des SNV et des indels détectés
 b. Prochainement, le logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500 sera disponible sur site et dans le nuage

En savoir plus

TruSight^{MC} Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput : www.illumina.com/tso500

Références

1. Stransky N, Cerami E, Schalm S, Kim JL, Lengauer C. [The landscape of kinase fusions in cancer](#). *Nat Commun*. 2014;5:4846.
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.
3. Massard C, Michiels S, Ferté 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.
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.
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.
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.
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.
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.
9. Food & Drug Administration des États-Unis. [FDA Approves First-Line Immunotherapy for Patients with MSI-H/bMMR Metastatic Colorectal Cancer](#). Source consultée le 1er mai 2021.
10. Food & Drug Administration des États-Unis. [FDA approves pembrolizumab for adults and children with TMB-H solid tumors](#). Source consultée le 1er mai 2021.
11. Illumina (2017) [TruSight Oncology UMI Reagents technical note](#).
12. PierianDx - [Genomic Knowledgebase](#). Source consultée le 1er mai 2021.
13. Illumina (2018) [Analysis of TMB and MSI Status with TruSight Oncology 500 application note](#).
14. Beroukhim R1, Mermel CH, Porter D, et al. [The landscape of somatic copy-number alteration across human cancers](#). *Nature*. 2010;463(7283):899-905.
15. Green MR, Vicente-Duenas 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.
16. Piskol R, Ramaswami G, Li JB. [Reliable identification of genomic variants from RNA-seq data](#). *Am J Hum Genet*. 2013;93(4):641-651.

Informations pour la commande de TruSight Oncology 500

	Type d'échantillon	Préparation de la librairie		PierianDx inclus	Appel des variants	
		Produit	N° de référence		Produit	N° de référence
Mode manuel	ADN	Trousse TruSight Oncology 500 DNA ^a (16 index, 48 échantillons)	20028213		Licence d'un an	
		Trousse TruSight Oncology 500 DNA, plus PierianDx ^a (16 index, 48 échantillons)	20032624	✓	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 1 (120 échantillons d'ADN ou 96 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Trousse ADNTruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq ^b (16 index, 48 échantillons)	20028214		Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 2 (360 échantillons d'ADN ou 288 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Trousse ADNTruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq, plus PierianDx ^b (16 index, 48 échantillons)	20032625	✓	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 3 (600 échantillons d'ADN ou 480 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
	ADN/ARN	Ensemble TruSight Oncology 500 ADN/ARN ^a (16 index, 24 échantillons)	20028215		Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 4 (925 échantillons d'ADN ou 740 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Ensemble TruSight Oncology 500 ADN/ARN, plus PierianDx ^a (16 index, 24 échantillons)	20032626	✓	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 5 (1 850 échantillons d'ADN ou 1 480 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Ensemble TruSight Oncology 500 ADN/ARN, pour utilisation avec NextSeq ^b (16 index, 24 échantillons)	20028216		Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 6 (5 550 échantillons d'ADN ou 4 440 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Ensemble TruSight Oncology 500 ADN/ARN, pour utilisation avec NextSeq, plus PierianDx ^b (16 index, 24 échantillons)	20032627	✓	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 7 (9 250 échantillons d'ADN ou 7 400 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
Automatisé	ADN	Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500 ^a (16 index, 64 échantillons)	20045504		Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 8 (18 500 échantillons d'ADN ou 14 800 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
		Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500, plus PierianDx ^a (16 index, 64 échantillons)	20045506	✓	Matériel (pour l'analyse sur site)	
		Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq ^b (16 index, 64 échantillons)	20045505		Serveur DRAGEN S3	20040619
	ADN/ARN	Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq, plus PierianDx ^b (16 index, 64 échantillons)	20045507	✓		
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500 ^a (16 index, 32 échantillons)	20045508			
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500, plus PierianDx ^a (16 index, 32 échantillons)	20045509	✓		
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq ^b (16 index, 32 échantillons)	20045990			
Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500, pour utilisation avec NextSeq, plus PierianDx ^b (16 index, 32 échantillons)	20045991	✓				

a. Comprend les réactifs de préparation de librairies et d'enrichissement; ne comprend pas les réactifs de séquençage du système NextSeq 550
 b. Comprend les réactifs de préparation de librairies et d'enrichissement et les réactifs de séquençage du système NextSeq 550

Informations de commande : TruSight Oncology 500 et TruSight Oncology 500 High-Throughput

Type d'échantillon	Préparation de la librairie			Automatisation			
	Produit	N° de référence	PierianDx inclus	Produit	N° de référence		
Mode manuel	ADN	Trousse TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput ^a (48 échantillons)	20040765		Beckman Coulter, série i	Contactez le service commercial d'Illumina	
		Trousse TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput, avec PierianDx ^a (48 échantillons)	20040769	✓	Hamilton Microlab STAR	Contactez le service commercial d'Illumina	
		Trousse TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput ^a (144 échantillons)	20040767				
		TruSight Oncology 500 DNA High-Throughput, avec PierianDx ^a (144 échantillons)	20040771	✓			
	ADN/ARN	Trousse TruSight Oncology 500 ADN/ARN High-Throughput ^a (24 échantillons)	20040764				
		Trousse TruSight Oncology 500 ADN/ARN High-Throughput, avec PierianDx ^a (24 échantillons)	20040768	✓			
		Trousse TruSight Oncology 500 ADN/ARN High-Throughput ^a (72 échantillons)	20040766				
		Trousse TruSight Oncology 500 ADN/ARN High-Throughput, avec PierianDx ^a (72 échantillons)	20040770	✓			
	Automatisé	ADN	Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (64 échantillons)	20049283			
			Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (64 échantillons) plus PierianDx	20049277	✓		
Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (144 échantillons)			Prochainement				
Trousse d'automatisation ADN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (144 échantillons) plus PierianDx			Prochainement	✓			
ADN/ARN		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (32 échantillons)	20049282				
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (32 échantillons) plus PierianDx	20049276	✓			
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (72 échantillons)	Prochainement				
		Trousse d'automatisation ADN/ARN TruSight Oncology 500 High-Throughput ^a (72 échantillons) plus PierianDx	Prochainement	✓			

a. Comprend les réactifs de préparation de librairies et d'enrichissement; ne comprend pas les réactifs de séquençage du système NovaSeq 6000 ou des index Illumina

Informations de commande : TruSight Oncology 500 High-Throughput

Consommables		Appel des variants		
Produit	N° de référence	Produit	N° de référence	
Trousses d'indexage		Licence d'un an		
Mode manuel	IDT pour ADN/ARN UMI Indexes d'Illumina – ensemble A, ligation (96 index, 96 échantillons)	20034701	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 1 (120 échantillons d'ADN ou 96 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
	IDT pour ADN/ARN UMI Indexes d'Illumina – ensemble B, ligation (96 index, 96 échantillons)	20034702	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 2 (360 échantillons d'ADN ou 288 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
Automatisé	IDT pour ADN/ARN UMI Indexes d'Illumina – ensemble d'automatisation A, ligation (96 index, 96 échantillons)	Prochainement	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 3 (600 échantillons d'ADN ou 480 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
	IDT pour DNA/RNA UD Indexes d'Illumina – ensemble B, ligation (96 index, 96 échantillons)	20063213	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 4 (925 échantillons d'ADN ou 740 échantillons d'ADN/ARN)	Prochainement
Trousses de réactifs de séquençage		Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 5 (1 850 échantillons d'ADN ou 1 480 échantillons d'ADN/ARN)		Prochainement
Trousse NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20040719	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 6 (5 550 échantillons d'ADN ou 4 440 échantillons d'ADN/ARN)		Prochainement
Trousse NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028318	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 7 (9 250 échantillons d'ADN ou 7 400 échantillons d'ADN/ARN)		Prochainement
Trousse NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028315	Logiciel d'analyse DRAGEN TruSight Oncology 500, On-Premise, Niveau 8 (18 500 échantillons d'ADN ou 14 800 échantillons d'ADN/ARN)		Prochainement
Trousse NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028313	Matériel (pour l'analyse sur site)		
		Serveur DRAGEN S3		20040619



Numéro sans frais aux États-Uni : + (1) 800 0809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez le lien www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-00173 FRA v2.0