

Panel global v3 AmpliSeq^{MC} pour Illumina

À partir de l'ADN ou de l'ARN, analysez rapidement et précisément les variants de 161 gènes associés à divers types de cancer.

Points forts

- **Contenu génétique pertinent**

Ciblage de 161 gènes distincts associés au cancer

- **Flux de travail rapide et efficace**

Préparation de bibliothèques prêtes au séquençage en seulement une journée à partir d'aussi peu que 1 ng d'ADN ou d'ARN de haute qualité, ou 10 ng d'ADN ou d'ARN provenant de tissus FFPE

- **Données exactes**

Détection des mutations somatiques jusqu'à une fréquence minimale de 5 % avec l'analyse locale ou infonuagique

Introduction

Le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina permet l'utilisation du reséquençage ciblé pour étudier les mutations somatiques dans 161 gènes ayant été associés au cancer (tableau 1). Le panel global v3 fait partie d'un flux de travail rationalisé qui comprend la préparation de bibliothèques basées sur la PCR AmpliSeq pour Illumina, le séquençage par synthèse (SBS) et la technologie de séquençage nouvelle génération (SNG) d'Illumina, ainsi que l'analyse automatisée.

Le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina ne nécessite que 1 ng d'ADN ou d'ARN de haute qualité et est compatible avec divers types d'échantillons, notamment les tissus fixés au formol et imprégnés à la paraffine (FFPE). Le contenu génétique élevé et le peu d'entrée d'ADN/ARN requis rendent possible un flux de travail simplifié qui permet d'évaluer rapidement les variations génétiques associées au cancer, ce qui donne aux chercheurs la possibilité de tirer une abondance d'information génétique de divers types de tumeurs.

Contenu génétique pertinent

Le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina couvre 161 gènes associés au cancer, y compris les kinases et les gènes intervenant dans la réparation de l'ADN. Le contenu du panel couvre les points chauds, les gènes pleine longueur, les variations du nombre de copies, les fusions de gènes intergéniques et les remaniements intragéniques. Des scientifiques chevronnés ont participé à la sélection du contenu, de façon à assurer la couverture des cibles clés et l'alignement avec les données publiées. Ce panel prêt à utiliser permet aux chercheurs d'économiser du temps et de l'énergie pour l'identification des cibles, la conception des amplicons et l'optimisation de la performance.



Obtenez la [liste complète des gènes compris dans le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina](#).

Tableau 1 : Aperçu du panel global v3 AmpliSeq pour Illumina

| Paramètre | Caractéristique |
|--|--|
| Nbre de gènes | 161 |
| Cibles | Points chauds et gènes pleine longueur |
| Taille des cibles cumulées | ADN : 397 kb, ARN : 86 kb |
| Types de variants | SNV, indels, CNV et fusions de gènes ^a |
| Taille de l'amplicon | ADN : 105 pb en moyenne, ARN : 99 pb en moyenne |
| Nbre d'amplicons | ADN : 3 781, ARN : 867 |
| ADN/ARN d'entrée requise | De 1 à 100 ng (10 ng recommandés par regroupement) |
| Nbre de regroupements par panel | Panel d'ADN : 2 regroupements, panel d'ARN : 2 regroupements |
| Types d'échantillons compatibles | Tissus FFPE |
| Pourcentage de cibles ayant une couverture d'au moins 500x au débit recommandé | > 95 % |
| Uniformité de la couverture (pourcentage des cibles ayant une couverture moyenne > 0,2x) | > 95 % |
| Pourcentage de lectures alignées sur la cible | > 95 % |
| Durée totale du test ^b | De 5 à 6 heures |
| Durée de manipulation | < 1,5 heure |
| Durée, de l'ADN/ARN aux données | 2,5 jours |

- a. SNV : variations à simple nucléotide, indels : insertions/délétions, CNV : variations du nombre de copies
- b. La durée représente la préparation des bibliothèques uniquement et ne comprend pas leur quantification, leur normalisation ni leur regroupement.

Données internes d'Illumina, Inc. 2017

Flux de travail simple et rationalisé

Le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina fait partie d'une solution de l'ADN/ARN au variant qui offre un contenu rationalisé, une préparation facile des bibliothèques, des systèmes de séquençage à boutons de commande et une analyse des données simplifiée.

La préparation de bibliothèques suit un protocole simple basé sur la PCR pouvant se faire en seulement 5 heures (ADN) ou 6 heures (ARN), nécessitant moins de 1,5 heure de manipulation. Les bibliothèques obtenues peuvent être normalisées, regroupées, puis chargées sur une Flow Cell aux fins du séquençage. Les bibliothèques préparées sont séquençées au moyen de la chimie éprouvée SBS dans l'un ou l'autre des systèmes de séquençage d'Illumina (tableau 2).

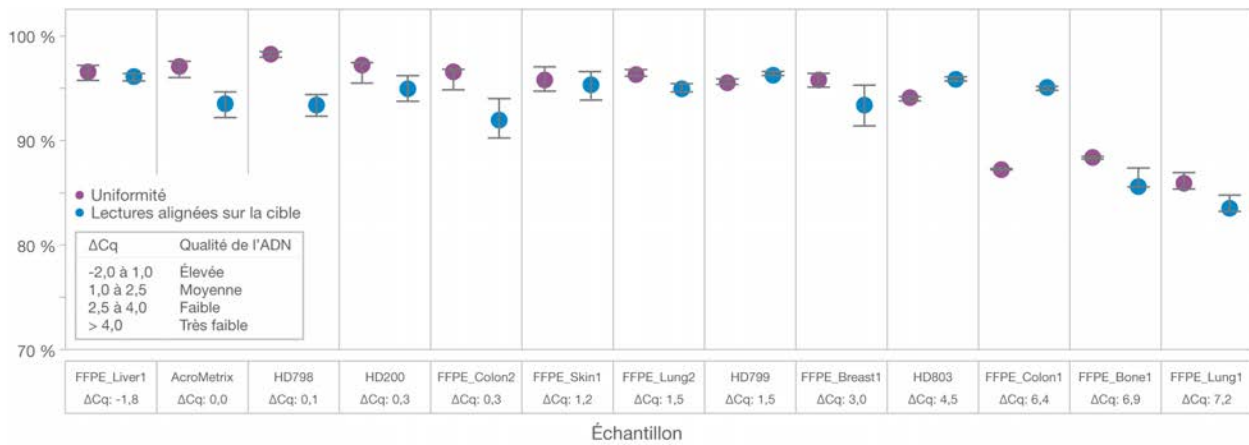


Figure 1 : Grande uniformité de couverture et exactitude de l'alignement : L'ADN extrait d'échantillons FFPE et HD de qualité variable a été préparé à l'aide du panel global v3 AmpliSeq pour Illumina et séquençé sur l'instrument. Les barres d'erreur indiquent la variabilité des réplicats techniques. La valeur ΔCq est un indicateur de la qualité de l'ADN provenant de tissus FFPE.

Les données obtenues peuvent être analysées localement avec Local Run Manager ou transmises facilement dans BaseSpace^{MC} Sequence Hub. Local Run Manager et BaseSpace Sequence Hub peuvent accéder au flux de travail d'analyse d'amplicons d'ADN pour effectuer l'alignement et l'appel de variants. BaseSpace Sequence Hub donne accès à BaseSpace Variant Interpreter, ce qui aide à transformer les données sur les appels de variants en résultats annotés.

 En savoir plus sur les [systèmes de séquençage d'Illumina](#)


 En savoir plus sur les solutions [informatiques AmpliSeq pour Illumina](#)

Tableau 2 : Systèmes de séquençage d'Illumina recommandés pour utilisation avec le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina

| Instrument | Nbre d'échantillons par analyse | Durée de l'analyse |
|-------------------------------|---------------------------------|--------------------|
| Système MiniSeq (débit élevé) | 3 | 24 heures |
| Système MiSeq (chimie v3) | 3 | 32 heures |
| Système NextSeq (débit moyen) | 16 | 26 heures |
| Système NextSeq (débit élevé) | 48 | 29 heures |

Données exactes

Le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina permet d'évaluer simultanément plus de 160 gènes par échantillon, tout en maintenant un excellent taux d'uniformité et de spécificité.

Couverture et sensibilité

Pour démontrer les capacités du test, un échantillon de contrôle AcroMetrix et des échantillons Horizon Discovery (HD) et FFPE ont été évalués avec le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina dans le système NextSeq^{MC}. Les résultats ont démontré une grande uniformité de couverture et des lectures alignées atteignant le pourcentage cible, même avec des échantillons de tissus de qualité variable et de types différents (figure 1). La précision de la définition des variants a été testée avec des échantillons HD de différente qualité. Les données obtenues montrent une concordance élevée entre la fréquence de variant (VF) prévue et celle détectée (figure 2).

Détection des fusions géniques

Pour démontrer la capacité du test à détecter les variants structuraux dans les transcrits d'ARN, les échantillons HD et le mélange de référence Seraseq Fusion RNA Mix v2 ont été analysés au moyen du panel global v3 AmpliSeq pour Illumina et des systèmes MiniSeq^{MC} et MiSeq^{MC}. Les résultats montrent un débit d'appel de 100 % pour les fusions de gènes dans ces échantillons (tableau 3).

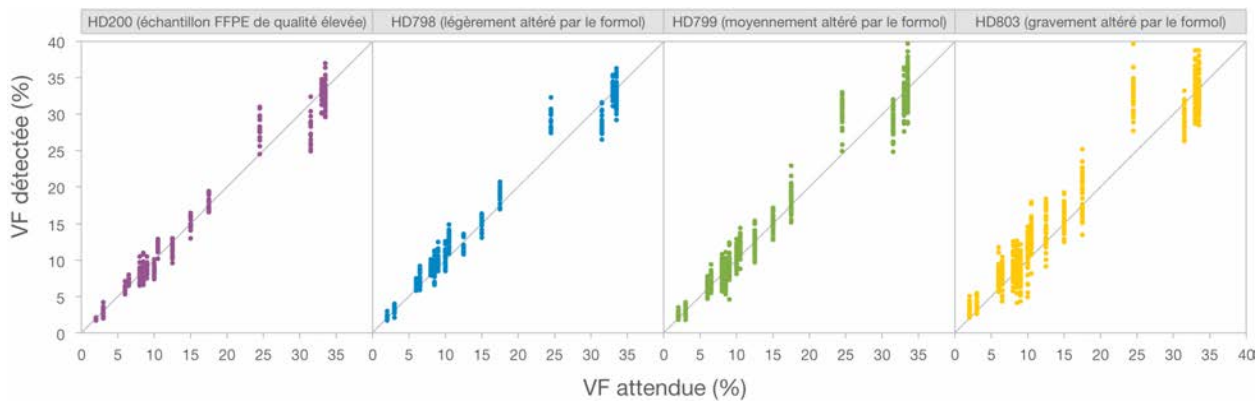


Figure 2 : Concordance élevée entre les fréquences de variants attendues et détectées : L'ADN provenant d'échantillons HD fixés au formol a été préparé avec le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina et séquençé dans les systèmes MiniSeq et MiSeq. Les résultats démontrent que 100 % des SNV attendus ont été détectés. Les valeurs ΔCq sont présentées à la figure 1.

Tableau 3 : Débit élevé d'appel des fusions de gènes

| Fusion | Nbre d'échantillons NON détectés | Nbre d'échantillons détectés | Débit d'appel |
|---|----------------------------------|------------------------------|---------------|
| Source d'ARN : HD784 | | | |
| <i>CCDC6-RET</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>EML4-ALK</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>SLC34A2-ROS1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>SLC34A2-ROS1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| Source d'ARN : Seraseq Fusion RNA Mix v2 | | | |
| <i>CD74-ROS1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>EGFR-SEPT14</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>EML4-ALK</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>ETV6-NTRK3</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>FGFR3-BAIAP2L1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>FGFR3-TACC3</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>KIF5B-RET</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>LMNA-NTRK1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>MET-MET</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>NCOA4-RET</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>PAX8-PPARG</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>SLC34A2-ROS1</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>SLC45A3-BRAF</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>TMPRSS2-ERG</i> | 0 | 16 | 100 % |
| <i>TPM3-NTRK1</i> | 0 | 16 | 100 % |

Deux échantillons d'ARN affichant des résultats de fusion positifs, HD784 et Seraseq Fusion RNA Mix v2, ont été utilisés pour générer des bibliothèques d'ARN avec le panel global v3 AmpliSeq pour Illumina, puis séquençés dans les systèmes MiniSeq et MiSeq.

Renseignements relatifs à la commande

Commandez en ligne les produits AmpliSeq pour Illumina sur le site www.illumina.com.

| Produit | N° de référence |
|--|-----------------|
| Panel global v3 AmpliSeq pour Illumina (24 réactions) | 20019109 |
| Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (24 réactions) | 20019101 |
| Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (96 réactions) | 20019102 |
| Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (384 réactions) | 20019103 |
| Index doubles combinatoires AmpliSeq pour Illumina, ensemble A (96 index, 96 échantillons) | 20019105 |
| Synthèse d'ADNc AmpliSeq pour Illumina (96 réactions) | 20022654 |
| ADN de tissus FFPE direct AmpliSeq pour Illumina | 20023378 |
| Librairie Equalizer AmpliSeq pour Illumina | 20019171 |

En savoir plus

En savoir plus sur le [panel global v3 AmpliSeq pour Illumina](#)

En savoir plus sur la [solution de séquençage ciblé AmpliSeq pour Illumina](#)