

表 4 : FFPE 腫瘍サンプルでの TruSight Tumor パネルのパフォーマンス

遺伝子	変異	リファレンス配列	置換配列	深度	頻度
<i>BRAF</i>	V600E	A	T	38,111x	66.3%
<i>AKT1</i>	E17K	C	T	33,141x	39.0%
<i>KRAS</i>	G13D	C	T	7,403x	34.5%
<i>NRAS</i>	Q16R	T	C	13,682x	42.7%
<i>PIK3CA</i>	E545K	G	A	76,822x	49.4%

FFPE 腫瘍サンプルから抽出した DNA を、TruSight Tumor アッセイにより評価し、MiSeq システムでシーケンスを行いました。

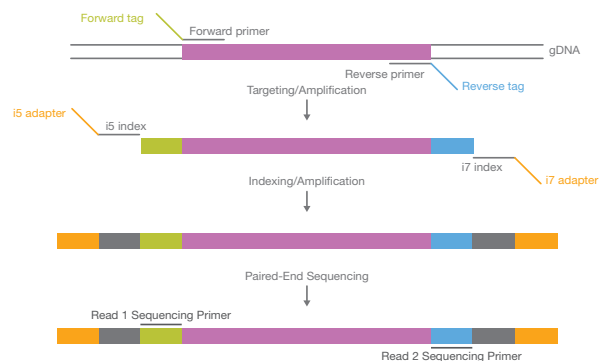


図 2 : TruSight Tumor パネルのケミストリー マルチプレックス PCR 法を採用した TruSight Tumor アッセイで高精度を実現。

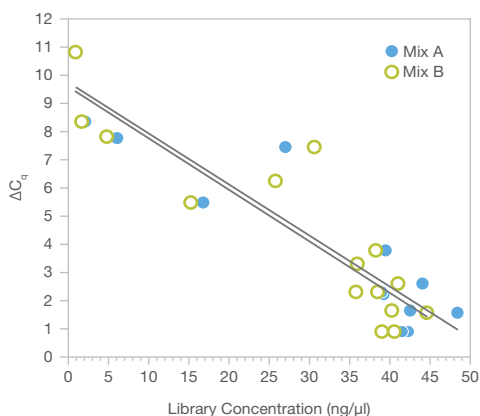


図 3 : クオリティマトリクスでの一致 TruSight Tumor パネル (20ng/μl) が採用するクオリティ閾値と、qPCR による DNA の品質評価で得られる ΔC_q スコアとの高い相関性が確認できます。Mix A および Mix B は、サンプル毎に調製した 2 つの異なるライブラリーを示します。

まとめ

TruSight Tumor パネルは、一般に固形癌で最もよくみられる体細胞変異の検出に適した包括的なワークフローソリューションを提供します。主要なオピニオンリーダーや後期薬剤臨床試験から得られた情報やデータを組み入れながら、科学的根拠に基づいたガイドラインに従って開発されたこのパネルにより、研究室で NGS 技術のパワーを利用して最も関連性のある遺伝子に集中した評価を行い、FFPE サンプルの DNA から低頻度の変異を安定して解析することが可能になります。1 回のアッセイで 15 の遺伝子进行评估することにより、このパネルは、NGS を初めてご使用になる研究室にも受け入れが容易な、効率的で経済的なソリューションをご提供します。

本製品は研究目的の使用に限定されます。

製品情報

製品名	カタログ番号
TruSight Tumor 15 24 サンプル分のライブラリー調製試薬、 MiSeq シーケンス試薬 (3 ラン) を含む	OP-101-1001
TruSight Tumor 15 24 サンプル分のライブラリー調製試薬を含む	OP-101-1002

詳細について

腫瘍学でのイルミナテクノロジーの利用法についての詳細は、www.illumina.com/jp/applications/cancer.ilmn をご覧ください。

参考文献

- Wagle N, Berger MF, Davis MJ, et al. High-throughput detection of actionable genomic alterations in clinical tumor samples by targeted, massively parallel sequencing. *Cancer Discov.* 2012;2:82-93.
- NCCN Clinical Practice Guidelines in Oncology (www.nccn.org/professionals/physician_gls/f_guidelines.asp#site) Accessed 15 June 2015.
- Van Cutsem E, Cervantes A, Nordlinger B, Arnold D; ESMO Guidelines Working Group. Metastatic colorectal cancer: ESMO Clinical Practice Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up. *Ann Oncol.* 2014;25 Suppl 3:iii1-9.
- Rousseau B, Jacquot C, Le Palabe J, et al. TP53 transcription factor for the *NEDD9/HEF1/Cas-L* gene: potential targets in non-small cell lung cancer treatment. *Sci Rep.* 2015;5:10356.
- Haley L, Tseng LH, Zheng G, et al. Performance characteristics of next-generation sequencing in clinical mutation detection of colorectal cancers [published online July 31 2015]. *Mod Pathol.* 2015. doi:10.1038/modpathol.2015.86.
- Salipante SJ, Kawashima T, Rosenthal C, et al. Performance and comparison of Illumina and Ion Torrent next-generation sequencing platforms for 16S rRNA-based bacterial community profiling. *Appl Environ Microbiol.* 2014;80:7583-7591.
- Van den Hoek S, Verhelst J, Vuylsteke M, Saelens X. Analysis of the genetic diversity of influenza A viruses using next-generation DNA sequencing. *BMC Genomics.* 2015;16:79.

