

Avsedd användning

TruSight Oncology Comprehensive (EU) är ett *in vitro*-diagnostiskt test som använder riktad nästa generations sekvensering (NGS) för att identifiera varianter i 517 gener med hjälp av nukleinsyror extraherade från formalinfixerade, paraffininbäddade (FFPE) tumörvävnadsprover från cancerpatienter med solida maligna tumörer med hjälp av Illumina[®] NextSeq[™] 550Dx-instrumentet. Testet kan användas för att identifiera enkelnukleotidvarianter, multinukleotidvarianter, insertioner, deletioner och genamplifieringar från DNA samt genfusioner och splicevarianter från RNA. Testet rapporterar även en tumörmutationsbörda (TMB) och mikrosatellitinstabilitetsstatus (MSI).

Testet är avsett som en produkt för behandlingsvägledande diagnostik som används för att identifiera cancerpatienter som kan hjälpas av den riktade behandlingen som listas i [Tabell 1](#) i enlighet med den godkända terapeutiska produktmärkningen. Dessutom är testet avsett att tillhandahålla tumörprofileringsinformation som ska användas av kvalificerad sjukvårdspersonal i enlighet med professionella riktlinjer och är inte avgörande eller normativt för angiven användning av någon specifik terapeutisk produkt.

Tabell 1 Indikation för produkter för behandlingsvägledande diagnostik

Tumörtyp	Biomarkörer	Riktad behandling
Solida tumörer	NTRK1, NTRK2 och NTRK3 Genfusioner	VITRAKVI [®] (larotrectinib)

Sammanfattning och förklaring av analysen

Klinisk beskrivning

Cancer är en ledande dödsorsak över hela världen och har potential att uppstå i vilken vävnad som helst.¹ Analys av en tumörs genetiska grund är viktig för att identifiera patienter som kan dra nytta av riktade terapier och för att utveckla nya behandlingsmetoder. Flera olika gener har visat orsakssamband med tumörer eller tumörprogression, och många tumörer bär på olika varianter som påverkar de här generna och deras funktioner. Varianterna kan vara genmutationer som enkelnukleotidvarianter (SNV:er), multinukleotidvarianter (MNV:er), insertioner eller deletioner, genamplifieringar, genfusioner och splicevarianter. En annan konsekvens av tumörigenmutationer är förekomsten av neoantigener som framkallar tumörspecifika immunsvaret. En tumörs mutationstillstånd kan representeras av TMB och MSI, vilka är genomiska signaturer som är associerade med tumörneoantigener.

TruSight Oncology Comprehensive (TSO Comprehensive) är ett nästa generations sekvenseringstest (NGS) med omfattande genomisk profilering (CGP) som bedömer genomiska varianter i en omfattande panel med cancerrelaterade gener som listas i [Tabell 2](#). Analysen identifierar små varianter i alla 517 gener, samt genamplifieringar, fusioner och splicevarianter enligt [Tabell 2](#). Analysen ger kodningssekvenstäckning för alla gener utom TERT, där endast promotorområdet täcks. Analysen bedömer även TMB-resultat och MSI-status. Analysmålen inkluderar innehåll som citeras av professionella organisationer som European Society for Medical Oncology (ESMO) och andra viktiga amerikanska riktlinjer.² Oberoende publikationer och läkemedelsforskning ett i sent skede påverkade även utformningen av TSO Comprehensive-analysen.

En lista över regioner som är uteslutna från variantbestämning finns i *TruSight Oncology Comprehensive Block List (Blockeringslista för TruSight Oncology Comprehensive) (dokumentnr 200009524)* på Illumina Support Center. Blockeringslistan kallas för svartlista i vissa filer.

I [Tabell 2](#) identifieras fyra varianttypskategorier: liten DNA-variant (S), genamplifiering (A), fusion (F) och splicevariant (Sp). Små DNA-varianter inkluderar SNV:er, MNV:er, insertioner och deletioner.

Tabell 2 Genpanel för TSO Comprehensive-analysen (EU)

Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp
1	25	ABL1	S	176	2261	FGFR3	S, F	351	7849	PAX8	S
2	27	ABL2	S	177	2264	FGFR4	S	352	55193	PBRM1	S
3	84142	ABRAXAS1	S	178	2271	FH	S	353	5133	PDCD1	S
4	90	ACVR1	S	179	201163	FLCN	S	354	80380	PDCD1LG2	S
5	91	ACVR1B	S	180	2313	FLI1	S	355	5156	PDGFRA	S
6	25960	ADGRA2	S	181	2321	FLT1	S	356	5159	PDGFRB	S
7	207	AKT1	S	182	2322	FLT3	S	357	5163	PDK1	S
8	208	AKT2	S	183	2324	FLT4	S	358	5170	PDPK1	S
9	10000	AKT3	S	184	3169	FOXA1	S	359	5241	PGR	S
10	238	ALK	S, F	185	668	FOXL2	S	360	84295	PHF6	S
11	242	ALOX12B	S	186	2308	FOXO1	S	361	8929	PHOX2B	S
12	139285	AMER1	S	187	27086	FOXP1	S	362	5287	PIK3C2B	S
13	29123	ANKRD11	S	188	10818	FRS2	S	363	5288	PIK3C2G	S
14	22852	ANKRD26	S	189	8880	FUBP1	S	364	5289	PIK3C3	S
15	324	APC	S	190	2534	FYN	S	365	5290	PIK3CA	S
16	367	AR	S	191	2559	GABRA6	S	366	5291	PIK3CB	S
17	369	ARAF	S	192	2623	GATA1	S	367	5293	PIK3CD	S
18	10139	ARFRP1	S	193	2624	GATA2	S	368	5294	PIK3CG	S
19	8289	ARID1A	S	194	2625	GATA3	S	369	5295	PIK3R1	S
20	57492	ARID1B	S	195	2626	GATA4	S	370	5296	PIK3R2	S
21	196528	ARID2	S	196	2627	GATA6	S	371	8503	PIK3R3	S
22	84159	ARID5B	S	197	348654	GEN1	S	372	5292	PIM1	S
23	171023	ASXL1	S	198	79018	GID4	S	373	5336	PLCG2	S
24	55252	ASXL2	S	199	2735	GLI1	S	374	10769	PLK2	S
25	472	ATM	S	200	2767	GNA11	S	375	5366	PMAIP1	S

Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp
26	545	ATR	S	201	10672	GNA13	S	376	5378	PMS1	S
27	546	ATRX	S	202	2776	GNAQ	S	377	5395	PMS2	S
28	6790	AURKA	S	203	2778	GNAS	S	378	10957	PNRC1	S
29	9212	AURKB	S	204	2874	GPS2	S	379	5424	POLD1	S
30	8312	AXIN1	S	205	26585	GREM1	S	380	5426	POLE	S
31	8313	AXIN2	S	206	2903	GRIN2A	S	381	5468	PPARG	S
32	558	AXL	S, F	207	2913	GRM3	S	382	8493	PPM1D	S
33	567	B2M	S	208	2932	GSK3B	S	383	5518	PPP2R1A	S
34	8314	BAP1	S	209	3020	H3F3A	S	384	5520	PPP2R2A	S
35	580	BARD1	S	210	3021	H3F3B	S	385	5537	PPP6C	S
36	27113	BBC3	S	211	440093	H3F3C	S	386	639	PRDM1	S
37	8915	BCL10	S	212	3082	HGF	S	387	80243	PREX2	S
38	596	BCL2	S, F	213	3006	HIST1H1C	S	388	5573	PRKAR1A	S
39	598	BCL2L1	S	214	3017	HIST1H2BD	S	389	5584	PRKCI	S
40	10018	BCL2L11	S	215	8350	HIST1H3A	S	390	5591	PRKDC	S
41	599	BCL2L2	S	216	8358	HIST1H3B	S	391	5071	PRKN	S
42	604	BCL6	S	217	8352	HIST1H3C	S	392	5652	PRSS8	S
43	54880	BCOR	S	218	8351	HIST1H3D	S	393	5727	PTCH1	S
44	63035	BCORL1	S	219	8353	HIST1H3E	S	394	5728	PTEN	S
45	613	BCR	S	220	8968	HIST1H3F	S	395	5781	PTPN11	S
46	330	BIRC3	S	221	8355	HIST1H3G	S	396	5789	PTPRD	S
47	641	BLM	S	222	8357	HIST1H3H	S	397	5802	PTPRS	S
48	657	BMPR1A	S	223	8354	HIST1H3I	S	398	11122	PTPRT	S
49	673	BRAF	S, F	224	8356	HIST1H3J	S	399	9444	QKI	S
50	672	BRCA1	S	225	333932	HIST2H3A	S	400	11021	RAB35	S
51	675	BRCA2	S	226	126961	HIST2H3C	S	401	5879	RAC1	S
52	23476	BRD4	S	227	653604	HIST2H3D	S	402	5885	RAD21	S
53	83990	BRIP1	S	228	8290	HIST3H3	S	403	10111	RAD50	S
54	694	BTG1	S	229	6927	HNF1A	S	404	5888	RAD51	S
55	695	BTK	S	230	3190	HNRNPK	S	405	5890	RAD51B	S
56	811	CALR	S	231	10481	HOXB13	S	406	5889	RAD51C	S
57	84433	CARD11	S	232	3265	HRAS	S	407	5892	RAD51D	S
58	841	CASP8	S	233	3283	HSD3B1	S	408	5893	RAD52	S
59	865	CBFB	S	234	3320	HSP90AA1	S	409	8438	RAD54L	S
60	867	CBL	S	235	23308	ICOSLG	S	410	5894	RAF1	S, F
61	595	CCND1	S	236	3399	ID3	S	411	5903	RANBP2	S
62	894	CCND2	S	237	3417	IDH1	S	412	5914	RARA	S
63	896	CCND3	S	238	3418	IDH2	S	413	5921	RASA1	S
64	898	CCNE1	S	239	3459	IFNGR1	S	414	5925	RB1	S
65	29126	CD274	S	240	3479	IGF1	S	415	8241	RBM10	S

Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp
66	80381	CD276	S	241	3480	IGF1R	S	416	9401	RECQL4	S
67	972	CD74	S	242	3481	IGF2	S	417	5966	REL	S
68	973	CD79A	S	243	9641	IKBKE	S	418	5979	RET	S, F
69	974	CD79B	S	244	10320	IKZF1	S	419	6009	RHEB	S
70	79577	CDC73	S	245	3586	IL10	S	420	387	RHOA	S
71	999	CDH1	S	246	3575	IL7R	S	421	253260	RICTOR	S
72	51755	CDK12	S	247	3623	INHA	S	422	6016	RIT1	S
73	1019	CDK4	S	248	3624	INHBA	S	423	54894	RNF43	S
74	1021	CDK6	S	249	3631	INPP4A	S	424	6098	ROS1	S, F
75	1024	CDK8	S	250	8821	INPP4B	S	425	8986	RPS6KA4	S
76	1026	CDKN1A	S	251	3643	INSR	S	426	6198	RPS6KB1	S
77	1027	CDKN1B	S	252	3660	IRF2	S	427	6199	RPS6KB2	S
78	1029	CDKN2A	S	253	3662	IRF4	S	428	57521	RPTOR	S
79	1030	CDKN2B	S	254	3667	IRS1	S	429	861	RUNX1	S
80	1031	CDKN2C	S	255	8660	IRS2	S	430	862	RUNX1T1	S
81	1050	CEBPA	S	256	3716	JAK1	S	431	23429	RYBP	S
82	1058	CENPA	S	257	3717	JAK2	S	432	6389	SDHA	S
83	1106	CHD2	S	258	3718	JAK3	S	433	54949	SDHAF2	S
84	1108	CHD4	S	259	3725	JUN	S	434	6390	SDHB	S
85	1111	CHEK1	S	260	7994	KAT6A	S	435	6391	SDHC	S
86	11200	CHEK2	S	261	5927	KDM5A	S	436	6392	SDHD	S
87	23152	CIC	S	262	8242	KDM5C	S	437	26040	SETBP1	S
88	64326	COP1	S	263	7403	KDM6A	S	438	29072	SETD2	S
89	1387	CREBBP	S	264	3791	KDR	S	439	23451	SF3B1	S
90	1399	CRKL	S	265	9817	KEAP1	S	440	10019	SH2B3	S
91	64109	CRLF2	S	266	3792	KEL	S	441	4068	SH2D1A	S
92	1436	CSF1R	S	267	3799	KIF5B	S, F	442	55164	SHQ1	S
93	1441	CSF3R	S	268	3815	SATS	S	443	9353	SLIT2	S
94	1452	CSNK1A1	S	269	9314	KLF4	S	444	84464	SLX4	S
95	10664	CTCF	S	270	89857	KLHL6	S	445	4087	SMAD2	S
96	1493	CTLA4	S	271	4297	KMT2A	S	446	4088	SMAD3	S
97	1495	CTNNA1	S	272	3845	KRAS	S	447	4089	SMAD4	S
98	1499	CTNNB1	S	273	3916	LAMP1	S	448	6597	SMARCA4	S
99	8452	CUL3	S	274	9113	LATS1	S	449	6598	SMARCB1	S
100	1523	CUX1	S	275	26524	LATS2	S	450	6602	SMARCD1	S
101	7852	CXCR4	S	276	4004	LMO1	S	451	8243	SMC1A	S
102	1540	CYLD	S	277	53353	LRP1B	S	452	9126	SMC3	S
103	1616	DAXX	S	278	4067	LYN	S	453	6608	SMO	S
104	54165	DCUN1D1	S	279	8216	LZTR1	S	454	9627	SNCAIP	S
105	4921	DDR2	S	280	9863	MAGI2	S	455	8651	SOCS1	S

Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp
106	51428	DDX41	S	281	10892	MALT1	S	456	6663	SOX10	S
107	1665	DHX15	S	282	5604	MAP2K1	S	457	64321	SOX17	S
108	23405	DICER1	S	283	5605	MAP2K2	S	458	6657	SOX2	S
109	22894	DIS3	S	284	6416	MAP2K4	S	459	6662	SOX9	S
110	3337	DNAJB1	S	285	4214	MAP3K1	S	460	23013	SPEN	S
111	1786	DNMT1	S	286	9175	MAP3K13	S	461	8405	SPOP	S
112	1788	DNMT3A	S	287	9020	MAP3K14	S	462	6708	SPTA1	S
113	1789	DNMT3B	S	288	4216	MAP3K4	S	463	6714	SRC	S
114	84444	DOT1L	S	289	5594	MAPK1	S	464	6427	SRSF2	S
115	1871	E2F3	S	290	5595	MAPK3	S	465	10274	STAG1	S
116	8726	EED	S	291	4149	MAX	S	466	10735	STAG2	S
117	51162	EGFL7	S	292	4170	MCL1	S	467	6774	STAT3	S
118	1956	EGFR	S, F, Sp	293	9656	MDC1	S	468	6775	STAT4	S
119	1964	EIF1AX	S	294	4193	MDM2	S	469	6776	STAT5A	S
120	1974	EIF4A2	S	295	4194	MDM4	S	470	6777	STAT5B	S
121	1977	EIF4E	S	296	9968	MED12	S	471	6794	STK11	S
122	6921	ELOC	S	297	100271849	MEF2B	S	472	83931	STK40	S
123	27436	EML4	S, F	298	4221	MEN1	S	473	51684	SUFU	S
124	56946	EMSY	S	299	4233	MET	S, A, Sp	474	23512	SUZ12	S
125	2033	EP300	S	300	23269	MGA	S	475	6850	SYK	S
126	4072	EPCAM	S	301	4286	MITF	S	476	6872	TAF1	S
127	2042	EPHA3	S	302	4292	MLH1	S	477	6926	TBX3	S
128	2044	EPHA5	S	303	4300	MLLT3	S	478	6929	TCF3	S
129	2045	EPHA7	S	304	4352	MPL	S	479	6934	TCF7L2	S
130	2047	EPHB1	S	305	4361	MRE11	S	480	7012	TERC	S
131	2064	ERBB2	S, A	306	4436	MSH2	S	481	7015	TERT	S
132	2065	ERBB3	S	307	4437	MSH3	S	482	80312	TET1	S
133	2066	ERBB4	S	308	2956	MSH6	S	483	54790	TET2	S
134	2067	ERCC1	S	309	4485	MST1	S	484	7030	TFE3	S
135	2068	ERCC2	S	310	4486	MST1R	S	485	7037	TFRC	S
136	2071	ERCC3	S	311	2475	MTOR	S	486	7046	TGFBR1	S
137	2072	ERCC4	S	312	4595	MUTYH	S	487	7048	TGFBR2	S
138	2073	ERCC5	S	313	4602	MYB	S	488	55654	TMEM127	S
139	2078	ERG	S, F	314	4609	MYC	S	489	7113	TMPRSS2	S, F
140	54206	ERRFI1	S	315	4610	MYCL	S	490	7128	TNFAIP3	S
141	2099	ESR1	S, F	316	4613	MYCN	S	491	8764	TNFRSF14	S
142	2113	ETS1	S	317	4615	MYD88	S	492	7150	TOP1	S
143	2115	ETV1	S, F	318	4654	MYOD1	S	493	7153	TOP2A	S
144	2118	ETV4	S, F	319	4665	NAB2	S	494	7157	TP53	S
145	2119	ETV5	S	320	4683	NBN	S	495	8626	TP63	S

Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp	Nr	Entrez-ID	Gen	Varianttyp
146	2120	ETV6	S	321	8202	NCOA3	S	496	7186	TRAF2	S
147	2130	EWSR1	S	322	9611	NCOR1	S	497	84231	TRAF7	S
148	2146	EZH2	S	323	257194	NEGR1	S	498	7248	TSC1	S
149	54855	FAM46C	S	324	4763	NF1	S	499	7249	TSC2	S
150	2175	FANCA	S	325	4771	NF2	S	500	7253	TSHR	S
151	2176	FANCC	S	326	4780	NFE2L2	S	501	7307	U2AF1	S
152	2177	FANCD2	S	327	4792	NFKBIA	S	502	7422	VEGFA	S
153	2178	FANCE	S	328	7080	NKX2-1	S	503	7428	VHL	S
154	2188	FANCF	S	329	4824	NKX3-1	S	504	79679	VTCN1	S
155	2189	FANCG	S	330	4851	NOTCH1	S	505	8838	WISP3	S
156	55215	FANCI	S	331	4853	NOTCH2	S	506	7490	WT1	S
157	55120	FANCL	S	332	4854	NOTCH3	S	507	331	XIAP	S
158	355	FAS	S	333	4855	NOTCH4	S	508	7514	XPO1	S
159	2195	FAT1	S	334	4869	NPM1	S	509	7516	XRCC2	S
160	55294	FBXW7	S	335	4893	NRAS	S	510	10413	YAP1	S
161	2246	FGF1	S	336	3084	NRG1	S, F	511	7525	YES1	S
162	2255	FGF10	S	337	64324	NSD1	S	512	57621	ZBTB2	S
163	2259	FGF14	S	338	4914	NTRK1	S, F	513	51341	ZBTB7A	S
164	9965	FGF19	S	339	4915	NTRK2	S, F	514	463	ZFHX3	S
165	2247	FGF2	S	340	4916	NTRK3	S, F	515	7764	ZNF217	S
166	8074	FGF23	S	341	9688	NUP93	S	516	80139	ZNF703	S
167	2248	FGF3	S	342	256646	NUTM1	S	517	8233	ZRSR2	S
168	2249	FGF4	S	343	5058	PAK1	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
169	2250	FGF5	S	344	5063	PAK3	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
170	2251	FGF6	S	345	57144	PAK5	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
171	2252	FGF7	S	346	79728	PALB2	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
172	2253	FGF8	S	347	142	PARP1	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
173	2254	FGF9	S	348	5077	PAX3	S, F	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
174	2260	FGFR1	S, F	349	5079	PAX5	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt
175	2263	FGFR2	S, F	350	5081	PAX7	S	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt	Ej tillämpligt

Grundläggande principer

TSO Comprehensive (EU)-analysen är ett distribuerat test som utförs med extraherad nukleinsyra som material. DNA och/eller RNA extraherat från FFPE-vävnad används för att bereda bibliotek som sedan anrikas för cancerrelaterade gener och sekvenseras på NextSeq 550Dx instrumentet.

TSO Comprehensive (EU)-analysen innefattar fyra huvudsakliga processer.

- **Biblioteksberedning och anrikning** – 40 ng totalt RNA omvandlas till dubbelsträngat komplementärt DNA (cDNA). 40 ng genomiskt DNA (gDNA) klipps i små fragment. Universella adaptrar för sekvensering ligeras till cDNA och gDNA-fragment. P5- och P7-indexsekvenser integreras i varje bibliotek för att möjliggöra att biblioteksfragment fångas på ytan av flödescellen under sekvensering. Indexen inkluderar en unik sekvens för att identifiera varje individuellt prov och, i fallet med bibliotek från gDNA-prover, individuella molekyler med användning av unika moleky-ID (UMI). Biblioteken anrikas sedan för de specifika generna av intresse med hjälp av en fångstbaserad metod. Biotinylerade probsekvenser som omfattar analysens målgenregioner av intresse hybridiseras till biblioteken. Proberna och de hybridiserade målbiblioteken isoleras från icke-målbibliotek genom fångst med magnetiska streptavidinpartiklar. De anrikade målbiblioteken tvättas och amplifieras. Därefter normaliseras antalet i varje anrikat bibliotek med en magnetkulebaserad metod för att säkerställa likvärdig representation i biblioteksuppsättningen för sekvensering.
- **Sekvensering och primär analys** – normaliserade, anrikade bibliotek poolas i kluster på en flödescell och sekvenseras därefter med hjälp av SBS-kemi (sekvensering genom syntes) på NextSeq 550Dx. I SBS-kemi används en metod med reversibel terminator för att identifiera enskilda, fluorescensmärkta dNTP-baser (deoxynukleosidtrifosfat) medan de inkorporeras i växande DNA-strängar. En dNTP läggs till i nukleinsyrekedjan under varje sekvenseringscykel. dNTP-märkningen fungerar som en terminator för polymerisering. Efter varje dNTP-inkorporerande används det fluorescerande färgämnet för att identifiera basen och färgämnet klyvs sedan för att möjliggöra inkorporerande av nästa nukleotid. Fyra reversibel terminator-bundna dNTPs (A, G, T och C) förekommer som enskilda, separata molekyler. Som ett resultat minimeras inkorporeringsbiasen av naturlig konkurrens. Under den primära analysen görs basbestämningar direkt utifrån signalintensitetsmätningar under varje sekvenseringscykel, vilket resulterar i sekvensering bas för bas. Ett kvalitetsresultat tilldelas till varje basbestämning.
- **Sekundär analys** – Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module finns på NextSeq 550Dx-instrumentet som en del av Local Run Manager-programvaran för att underlätta TSO Comprehensive (EU)-körningskonfigurationen och utföra den sekundära analysen av sekvenseringsresultaten. Sekundär analys inkluderar validering av körningsbearbetning och kvalitetskontroll, följt av demultiplexering, FASTQ-filgenerering, linjering och variantbestämning. Vid demultiplexering separeras data från biblioteksuppsättningar baserat på de unika sekvensindex som lades till under biblioteksberedningen. Mellanliggande FASTQ-filer genereras och innehåller sekvenseringsavläsningarna för varje prov och kvalitetsresultaten, exklusive avläsningar från eventuella kluster som inte passerade filtret. Sekvenseringsavläsningarna linjeras sedan mot ett referensgenom för att identifiera ett förhållande mellan sekvenserna och tilldelas ett resultat baserat på liknande regioner. Linjerade avläsningar skrivs till filer i BAM-format. Analysprogramvaran använder separata algoritmer för bibliotek genererade från DNA- och/eller RNA-prover för att bestämma små DNA-varianter, genamplifieringar, TMB och MSI för DNA-prover samt fusioner och splicevarianter för RNA-prover. Analysmodulernas programvara genererar flera typer av utdata, inklusive sekvenseringsmått och VCF-filer (Variant Call Format). VCF-filer innehåller information om varianter som finns på särskilda positioner i ett referensgenom. Sekvenseringsmått och individuella utdatafiler genereras för varje prov.

- **Tertiäranalys** – utförs av Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module och består av TMB- och MSI-beräkningar, bestämning med produkter för behandlingsvägledande diagnostik, tumörprofilering av varianter i två nivåer av klinisk signifikans med hjälp av en kunskapsbas (KB) och vävnadstypen, samt generering av resultatrapporter. Tumörprofilering kan också hänvisas till som omfattande genomisk profilering. De tolkade variantresultaten och resultaten för TMB- samt MSI-biomarkörer sammanfattas i TSO Comprehensive (EU)-resultatrapporten.

Begränsningar

Endast för *in vitro*-diagnostiskt bruk.

- Endast på ordination. Testet ska användas i enlighet med bestämmelser för kliniska laboratorier.
- Genomiska resultat listade i [Tabell 2](#) för den avsedda användningen är inte föreskrivande eller avgörande för användning av en specifik terapeutisk produkt enligt produktinformationen.
- För varianter som listas i TSO Comprehensive (EU)-resultatrapporten under Genomic Findings with Evidence of Clinical Significance (Genomiska resultat med evidens för klinisk signifikans) och Genomic Findings with Potential Clinical Significance (Genomiska resultat med potentiell klinisk signifikans) har ingen klinisk validering utförts.
- Beslut om patientvård och -behandling måste baseras på den behandlande läkarens oberoende medicinska bedömning, med hänsyn till all tillämplig information om patientens tillstånd, som patient- och familjehistoria, fysiska undersökningar, information från andra diagnostiska tester och patientens önskemål, i enlighet med vårdstandarden i ett visst samhälle.
- Kvaliteten på FFPE-prover varierar mycket. Prover som inte genomgick standardfixeringsförfaranden kanske inte genererar extraherade nukleinsyror som uppfyller analysens kvalitetskontrollkrav ([Kvalitetskontroll på sidan 79](#)). FFPE-block som har förvarats längre än fem år har visat lägre giltighet.
- Prestanda för TSO Comprehensive (EU) i prover som erhållits från patienter som har genomgått en organ- eller vävnadstransplantation har inte utvärderats.
- I starkt omarrangerade genom med deletioner och heterozygotförlust kan TSO Comprehensive (EU)-programvaran felaktigt klassificera ett DNA-prov som kontaminerat (CONTAMINATION_SCORE (KONTAMINERINGSRESULTAT) > 3 106 och p-värde > 0,049).
- Ett negativt resultat utesluter inte närvaron av en mutation under analysens detektionsgräns (LoD).
- Sensitiviteten för detektion av små DNA-varianter kan påverkas av
 - genomiskt sammanhang med låg komplexitet
 - ökande variantlängd.
- TMB-resultat kan vara felaktiga i följande sammanhang:
 - När tumörinnehållet når nivåer där variantallelfrekvenser (VAF) för könsellsvarianter och somatiska varianter konvergerar.
 - I populationer som inte är väl representerade i offentliga databaser.

- Sensitiviteten för detektion av fusioner kan påverkas av
 - låg bibliotekskomplexitet som resulterar i minskat antal stödläsningar på grund av avvikelser i analysens arbetsflöde (till exempel efter blandningsstegen i [Denaturera och hybridisera RNA på sidan 45](#))
 - när en gen omfattar båda brytpunkterna
 - fall där flera fusioners brytpunkter är nära varandra med en eller flera partners – de många brytpunkterna och partnererna kan rapporteras som en brytpunkt och partner
 - små medianinsättningsstorlekar – en minsta medianinsättningsstorlek på 80 bp krävs, men känsligheten minskar i intervallet 80–100 bp
 - låg sekvenskomplexitet eller ett homologt genomiskt sammanhang för fusionsbrytpunkter.
- Upplösning av generna som är involverade i en fusion kan påverkas när fusionsbrytpunkter inträffar i genomiska regioner som innehåller överlappande gener. Analysen kommer att rapportera alla gener, avgränsade med semikolon, om flera gener överlappar en brytpunkt.
- Inkonsekvent täckning i TERT-promotorområdet kan resultera i att inget resultat rapporteras på grund av lågt djup.
- Antecknings- eller kunskapsbasfel kan orsaka ett falskt positivt eller falskt negativt resultat, inklusive listning av en variant på fel nivå (mellan Genomic Findings with Evidence of Clinical Significance (Genomiska resultat med evidens för klinisk signifikans) och Genomic Findings with Potential Clinical Significance (Genomiska resultat med potentiell klinisk signifikans)), eller så kan anteckningsinformationen i rapporten vara felaktig. Möjligheten för fel finns från tre källor:
 - TSO Comprehensive (EU)-variantanteckningar. Det finns en felfrekvens på cirka 0,0027 %, baserat på en analys av 2 448 350 varianter från COSMIC v92, därför finns det en låg risk för fel.
 - KB-fel på grund av urvals- eller nivåindelningsprocessen.
 - Relevansen av KB-innehåll förändras över tid. Rapporten kommer att återspegla kunskapsbasen vid den tidpunkt då KB-versionen hämtades.
 - Inga varianter som rapporteras i Companion Diagnostic Results (Resultat från produkt för behandlingsvägledande diagnostik) påverkas av vare sig antecknings- eller kunskapsbasfel.
- TSO Comprehensive (EU) är utformad för att rapportera somatiska varianter vid rapportering av varianter med evidens för klinisk signifikans eller varianter med potentiell klinisk signifikans. Då testet endast är till för tumörer är rapportering av (ärvda) könscellsvarianter möjlig men oavsiktlig. TSO Comprehensive (EU) använder en kunskapsbas för att rapportera varianter utan att uttryckligen notera om de är somatiska varianter eller könscellsvarianter.
- Kunskapsbasen inkluderar endast terapeutiska, diagnostiska och prognostiska associationer som är relevanta för varianter som förekommer inom en fastställd tumör. Känslighets- eller cancerrisksassociationer inkluderas inte i kunskapsbasen.

Produktkomponenter

TruSight Oncology Comprehensive (EU)-testet består av följande komponenter:

- TruSight Oncology Comprehensive (EU) Kit (Illumina-katalognummer 20063092) – satsen inkluderar reagens med tillräcklig volym för att generera 48 bibliotek (24 DNA-bibliotek och 24 RNA-bibliotek). Reagensvolymen omfattar även kontroller.
- Kunskapsbas – uppdateras varje månad och kan laddas ner från Illumina Lighthouse Portal.
- Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module – en representant från Illumina installerar en av följande tillgängliga versioner på NextSeq 550Dx-instrumentet:
 - Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module (Illumina-katalognummer 20051843), som inkluderar följande komponenter samt stöder tumörprofilering och NTRK:
 - Claims Packages TSO Comprehensive (EU) v2.1.0 (artikelnr 20079589)
 - TSO Comprehensive (EU) v2.3.6 Software Suite (artikelnr 20079588)
 - TSO Comprehensive (EU) v2.3.6 USB Kit (artikelnr 20079591)
 - Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module (Illumina-katalognummer 20051843), som inkluderar följande komponenter samt stöder tumörprofilering och NTRK:
 - Claims Packages TSO Comprehensive (EU) v2.0.0 (artikelnr 20051760)
 - TSO Comprehensive (EU) v2.3.5 Software Suite (artikelnr 20075244)
 - TSO Comprehensive (EU) v2.3.5 USB Kit (artikelnr 20075239)

Reagens

Reagens som tillhandahålls

Följande reagens tillhandahålls med TSO Comprehensive (EU)-analyssatsen.

TruSight Oncology Comp RNA Library Prep, artikelnr 20031127

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
First Strand Synthesis Mix (FSM)	20031431	1	260 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter och nukleotider	–25 °C till –15 °C

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Second Strand Mix (SSM)	20031432	1	720 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter, DNA-polymeras, RNase H och nukleotider	–25 °C till –15 °C
Elution Primer Frag Mix (EPH3)	20031433	1	250 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter och slumpmässiga hexamerer	–25 °C till –15 °C
Reverse Transcriptase (RVT)	20031434	1	70 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller omvänt transkriptas	–25 °C till –15 °C

TruSight Oncology Comp Library Prep (Freeze), artikelnr 20031118

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
End Repair A-tailing A (ERA1-A)	20031435	2	85 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller T4 DNA-polymeras och polynukleotidkinas	–25 °C till –15 °C
End Repair A-tailing B (ERA1-B)	20031436	2	210 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter och nukleotider	–25 °C till –15 °C

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Adapter Ligation Buffer 1 (ALB1)	20031437	2	1,73 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	–25 °C till –15 °C
DNA Ligase 3 (LIG3)	20031438	2	190 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller ligas	–25 °C till –15 °C
Short Universal Adapters 1 (SUA1)	20031439	1	290 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller oligonukleotider för universell sekvensering	–25 °C till –15 °C
UMI Adapters v1 (UMI)	20031496	1	290 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller oligonukleotider för universell sekvensering	–25 °C till –15 °C
Stop Ligation Buffer (STL)	20031440	2	480 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	–25 °C till –15 °C
Enhanced PCR Mix (EPM)	20031441	2	550 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller DNA-polymeras och nukleotider	–25 °C till –15 °C

TruSight Oncology Comp Library Prep (Refrigerate), artikelnr 20031119

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Resuspensionsbuffert (RSB)	20031444	1	12,4 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	2 °C till 8 °C
Sample Purification Beads (SPB)	20031442	2	6,11 ml	Vattenbaserad lösning som innehåller magnetkuler	2 °C till 8 °C
TE Buffer (TEB)	20031443	1	10 ml	Tris EDTA-lösning	2 °C till 8 °C

TruSight Oncology Comp UP Index Primers, artikelnr 20031120

Aktiva ingredienser: Buffrad vattenbaserad lösning med oligonukleotidprimrar med individuella indexsekvenser.

Obs! Använd unika indexprimrar (UPxx) för RNA- eller DNA-prover.

Index-primär	Artikel-nummer	Antal	Volym	i7-index	i7-sekvens	i5-Index	i5-sekvens	Lagrings-temperatur
UP01	20031445	1	24 µl	D702	TCCGGAGA	D503	AGGATAGG	-25 °C till -15 °C
UP02	20031446	1	24 µl	D707	CTGAAGCT	D504	TCAGAGCC	-25 °C till -15 °C
UP03	20031447	1	24 µl	D717	CGTAGCTC	D509	CATCCGAA	-25 °C till -15 °C
UP04	20031448	1	24 µl	D706	GAATTCGT	D510	TTATGAGT	-25 °C till -15 °C
UP05	20031449	1	24 µl	D712	AGCGATAG	D513	ACGAATAA	-25 °C till -15 °C
UP06	20031450	1	24 µl	D724	GCGATTAA	D515	GATCTGCT	-25 °C till -15 °C
UP07	20031451	1	24 µl	D705	ATTCAGAA	D501	AGGCTATA	-25 °C till -15 °C
UP08	20031452	1	24 µl	D713	GAATAATC	D502	GCCTCTAT	-25 °C till -15 °C
UP09	20031453	1	24 µl	D715	TTAATCAG	D505	CTTCGCCT	-25 °C till -15 °C
UP10	20031454	1	24 µl	D703	CGCTCATT	D506	TAAGATTA	-25 °C till -15 °C
UP11	20031455	1	24 µl	D710	TCCGCGAA	D517	AGTAAGTA	-25 °C till -15 °C
UP12	20031456	1	24 µl	D701	ATTACTCG	D518	GACTTCCT	-25 °C till -15 °C
UP13	20031457	1	24 µl	D716	ACTGCTTA	D511	AGAGGCGC	-25 °C till -15 °C
UP14	20031458	1	24 µl	D714	ATGCGGCT	D512	TAGCCGCG	-25 °C till -15 °C
UP15	20031459	1	24 µl	D718	GCCTCTCT	D514	TTCGTAGG	-25 °C till -15 °C
UP16	20031460	1	24 µl	D719	GCCGTAGG	D516	CGCTCCGC	-25 °C till -15 °C

TruSight Oncology Comp CP Index Primers, artikelnr 20031126

Aktiva ingredienser: Buffrad vattenbaserad lösning med oligonukleotidprimrar med individuella indexsekvenser.



FÖRSIKTIGHET!

Använd endast kombinatoriska indexprimrar (CPxx) för DNA-prover (FFPE-arbetsflöde)

Index-primär	Artikel-nummer	Antal	Volym	i7-index	Sekvens	i5-Index	Sekvens	Lagrings-temperatur
CP01	20031461	1	20 µl	D721	CATCGAGG	D507	ACGTCCTG	-25 °C till -15 °C
CP02	20031462	1	20 µl	D723	CTCGACTG	D508	GTCAGTAC	-25 °C till -15 °C
CP03	20031463	1	20 µl	D709	CGGCTATG	D519	CCGTCGCC	-25 °C till -15 °C
CP04	20031464	1	20 µl	D711	TCTCGCGC	D520	GTCCGAGG	-25 °C till -15 °C
CP05	20031465	1	20 µl	D723	CTCGACTG	D507	ACGTCCTG	-25 °C till -15 °C
CP06	20031466	1	20 µl	D709	CGGCTATG	D507	ACGTCCTG	-25 °C till -15 °C
CP07	20031467	1	20 µl	D711	TCTCGCGC	D507	ACGTCCTG	-25 °C till -15 °C
CP08	20031468	1	20 µl	D721	CATCGAGG	D508	GTCAGTAC	-25 °C till -15 °C
CP09	20031469	1	20 µl	D709	CGGCTATG	D508	GTCAGTAC	-25 °C till -15 °C
CP10	20031470	1	20 µl	D711	TCTCGCGC	D508	GTCAGTAC	-25 °C till -15 °C
CP11	20031471	1	20 µl	D721	CATCGAGG	D519	CCGTCGCC	-25 °C till -15 °C
CP12	20031472	1	20 µl	D723	CTCGACTG	D519	CCGTCGCC	-25 °C till -15 °C
CP13	20031473	1	20 µl	D711	TCTCGCGC	D519	CCGTCGCC	-25 °C till -15 °C
CP14	20031474	1	20 µl	D721	CATCGAGG	D520	GTCCGAGG	-25 °C till -15 °C
CP15	20031475	1	20 µl	D723	CTCGACTG	D520	GTCCGAGG	-25 °C till -15 °C
CP16	20031476	1	20 µl	D709	CGGCTATG	D520	GTCCGAGG	-25 °C till -15 °C

TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate), artikelnr 20031123

Reagens	Artikel-nummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagrings-temperatur
Target Capture Buffer 1 (TCB1)	20031477	2	870 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller formamid och salter	2 °C till 8 °C
Streptavidin Mag Beads (SMB)	20031478	2	7,78 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter och paramagnetiska kulor i fast fas kovalent belagda med streptavidin	2 °C till 8 °C
2N NaOH (HP3)	20031479	2	400 µl	Natriumhydroxidlösning	2 °C till 8 °C

Reagens	Artikel-nummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagrings-temperatur
Elute Target Buffer 2 (ET2)	20031480	2	290 µl	Buffrad vattenbaserad lösning	2 °C till 8 °C
Library Normalization Beads 1 (LNB1)	20031481	1	1,04 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller paramagnetiska kulor i fast fas	2 °C till 8 °C
Library Normalization Wash 1 (LNW1)	20031482	2	4,8 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter, 2-merkaptoetanol och formamid	2 °C till 8 °C
Library Normalization Storage Buffer 1 (LNS1)	20031483	2	3,5 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	2 °C till 8 °C
Resuspensionsbuffert (RSB)	20031444	1	12,4 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	2 °C till 8 °C
Sample Purification Beads (SPB)	20031442	2	6,11 ml	Vattenbaserad lösning som innehåller magnetkulor	2 °C till 8 °C

TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze), artikelnr 20031121

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Target Capture Additives 1 (TCA1)	20031486	2	521 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller oligonukleotider	–25 °C till –15 °C
Enhanced Enrichment Wash (EEW)	20031487	1	50,4 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter	–25 °C till –15 °C
Enrichment Elution 2 (EE2)	20031488	3	1,65 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller rengöringsmedel	–25 °C till –15 °C

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Enhanced PCR Mix (EPM)	20031441	2	550 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller DNA-polymeras och nukleotider	–25 °C till –15 °C
PCR Primer Cocktail 3 (PPC3)	20031490	2	150 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller P5- och P7-primrar	–25 °C till –15 °C
Library Normalization Additives 1 (LNA1)	20031491	1	4,6 ml	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller salter, 2-merkaptoetanol och formamid	–25 °C till –15 °C
PhiX Internal Control (PhiX)	20031492	1	10 µl	Buffrad vattenbaserad lösning som innehåller PhiX genomiskt DNA	–25 °C till –15 °C

TruSight Oncology Comp Content Set, artikelnr 20031122

Reagens	Artikelnummer	Antal	Volym	Aktiva ingredienser	Lagringstemperatur
Oncology RNA Probe Pool 1 (OPR1)	20031494	1	290 µl	Oligonukleotid-probuppsättning	–25 °C till –15 °C
Oncology DNA Probe Pool 2 (OPD2)	20031495	1	290 µl	Oligonukleotid-probuppsättning	–25 °C till –15 °C

Nödvändiga reagens som inte tillhandahålls

Pre-amplifieringsreagens

- Extraktions- och reningsreagens för DNA och RNA – reagenskrav finns i avsnittet [Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24](#).
- Kvantifieringsreagens för DNA och RNA – reagenskrav finns i avsnittet [Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24](#).
- TruSight Oncology DNA Control (Illumina-katalognr 20065041)
- TruSight Oncology RNA Control (Illumina-katalognr 20065042)
- Etanol, 100-procentig för molekylärbiologisk användning
- Vatten, fritt från RNas/DNas

Post-amplifieringsreagens

- NextSeq 550Dx High-Output Reagent Kit v2.5 (300 cycles) (Illumina-katalognr 20028871)
 - NextSeq 550Dx High Output Flow Cell Cartridge v2.5 (300 cycles)
 - NextSeq 550Dx High Output Reagent Cartridge v2 (300 cycles)
 - NextSeq 550Dx Buffer Cartridge v2 (300 cycles)
- Etanol, 100-procentig för molekylärbiologisk användning
- Vatten, fritt från RNas/DNas

Förvaring och hantering av reagens

- Följande reagensförpackningar skickas frysta. Förvara vid –25 °C till –15 °C.

Förpackning	Artikelnummer	Laboratorieområde
TruSight Oncology Comp RNA Library Prep	20031127	Pre-amplifiering
TruSight Oncology Comp Library Prep (Freeze)	20031118	Pre-amplifiering
TruSight Oncology Comp UP Index Primers	20031120	Pre-amplifiering
TruSight Oncology Comp CP Index Primers	20031126	Pre-amplifiering
TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze)	20031121	Post-amplifiering
TruSight Oncology Comp Content Set	20031122	Post-amplifiering



FÖRSIKTIGHET!

Förvara inte reagens i en frostfri behållare eller i kylskåpsdörrar.

- Följande reagensförpackningar levereras på gelpaket för att bibehålla en temperatur mellan 0 °C till 10 °C. Förvara vid 2 °C till 8 °C.

Förpackning	Artikelnummer	Laboratorieområde
TruSight Oncology Comp Library Prep (Refrigerate)	20031119	Pre-amplifiering
TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate)	20031123	Post-amplifiering



FÖRSIKTIGHET!

Frys inte reagens som innehåller magnetkolor (LNB1, SPB och SMB).

- Förändringar av reagensens utseende kan indikera en försämring av materialens kvalitet. Använd inte reagensen om förändringar av deras utseende observeras (till exempel förändringar av reagensens färg eller grumlighet).
- TSO Comprehensive (EU)-analysens stabilitet har utvärderats och prestanda för upp till fyra användningar av satsen har bekräftats. Reagensen är stabila när de förvaras enligt de angivna temperaturerna fram till det angivna utgångsdatumet som anges på förpackningen.

Utrustning och material

Nödvändig utrustning och material – tillhandahålls inte

Utrustning och material för pre-amplifiering

Utrustning	Tillverkare
Ultrasonikator med tillhörande tillbehör Mer information finns i Optimering av sonikatorer för att fragmentera DNA på sidan 22 .	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Termocykler med följande specifikationer: - Ett uppvärmt lock som kan ställas in på 30 °C och 100 °C (eller stängs av om det inte kan uppnå 30 °C) - Temperaturintervall från 4 °C till 100 °C - Temperaturnoggrannhet på ±0,25 °C - Kompatibel med PCR-plattor med 96 brunnar, 0,2 ml (polypropylen)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Provrörsskak	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Mikroprovsinkubatorer (2) med insatser för MIDI-plattor med 96 brunnar (2)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Utrustning	Tillverkare
Mikrocentrifug	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
En centrifug (plattcentrifug) med följande egenskaper: - Centrifugering av mikroplattor med 96 brunnar - Kapacitet för 280 x g	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Plattskakare med följande egenskaper: - Omloppsbana på 2 mm - Kan skaka vid 1 200 och 1 800 rpm	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Förseglingsrulle eller -kil	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Ett magnetiskt stativ med följande specifikationer: - Utformat för precipitation/separation av paramagnetiska kulor - Magneter på sidan av stativet, inte nertill - För MIDI-plattor med 96 brunnar	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Precisionspipetter - Pipetter med en eller flera kanaler, 20 µl - Pipetter med en eller flera kanaler, 200 µl - Pipetter med en eller flera kanaler, 1 000 µl som uppfyller följande krav: - Kalibreras regelbundet, med en noggrannhet på 5 %	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Pipettstöd	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Serologiska pipetter, 10 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Självhäftande förseglingar för plattor med 96 brunnar med följande specifikationer: - Avdragbar, transparent polyester - Passar PCR-plattor med krage och halv krage - Starkt häftämne som motstår flera temperaturförändringar inom intervallet -40 °C till 110 °C - DNas-/RNas-fria	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Mikrocentrifugrör, 1,7 ml, nukleasfria	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Nukleasfria reagensbehållare (PVC, engångstråg, 50 ml)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Utrustning	Tillverkare
Koniska rör, 15 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Koniska rör, 50 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Aerosolresistenta pipettspetsar, 20 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Aerosolresistenta pipettspetsar, 200 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Aerosolresistenta pipettspetsar, 1 000 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Förvaringsplattor för 96 brunnar, 0,8 ml (MIDI-plattor)	Fisher Scientific, artikelnr AB-0859 eller motsvarande
PCR-plattor för 96 brunnar, 0,2 ml (polypropylen)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Utrustning och material för post-amplifiering

Utrustning	Tillverkare
NextSeq 550Dx-instrument	Illumina, katalognr 20005715
En centrifug (plattcentrifug) med följande egenskaper: - Centrifugering av mikroplattor med 96 brunnar - Kapacitet för 280 x g	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Termocykler med följande specifikationer: - Uppvärm lock (100 °C) - Temperaturintervall från 4 °C till 100 °C - Temperaturnoggrannhet på ±0,25 °C - Kompatibel med PCR-plattor med 96 brunnar, 0,2 ml (polypropylen)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Provrörsskak	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Mikroprovsinkubator med en insats för MIDI-plattor med 96 brunnar	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Värmeblock med följande specifikationer: - Temperaturintervall från 25 °C till 99 °C - Temperaturnoggrannhet på ±5 °C	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Utrustning	Tillverkare
Plattskakare med följande egenskaper: • Omloppsbanan på 2 mm • Kan skaka vid 1 200 och 1 800 rpm	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Mikrocentrifug	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Förseglingsrulle eller -kil	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Ett magnetiskt stativ med följande specifikationer: • Utformat för precipitation/separation av paramagnetiska kulor • Magneter på sidan av stativet, inte nertill • För MIDI-plattor med 96 brunnar	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Precisionspipetter • Pipetter med en eller flera kanaler, 20 µl • Pipetter med en eller flera kanaler, 200 µl • Pipetter med en eller flera kanaler, 1 000 µl som uppfyller följande krav: • Kalibreras regelbundet, med en noggrannhet på 5 %	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Pipettstöd	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Serologiska pipetter, 10 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Självhäftande förseglingar för plattor med 96 brunnar med följande specifikationer: • Avdragbar, transparent polyester • Passar PCR-plattor med krage och halv krage • Starkt häftämne som motstår flera temperaturförändringar inom intervallet -40 °C till 110 °C • DNas-/RNas-fria	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Mikrocentrifugrör, nukleasfria	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Nukleasfria reagensbehållare (PVC, engångstråg, 50 ml)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Koniska rör, 15 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Koniska rör, 50 ml	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Utrustning	Tillverkare
Aerosolresistenta pipettspetsar, 20 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Aerosolresistenta pipettspetsar, 200 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Aerosolresistenta pipettspetsar, 1 000 µl	Valfri leverantör av laboratorieutrustning
Förvaringsplattor för 96 brunnar, 0,8 ml (MIDI-plattor)	Fisher Scientific, artikelnr AB-0859 eller motsvarande
PCR-plattor för 96 brunnar, 0,2 ml (polypropylen)	Valfri leverantör av laboratorieutrustning

Optimering av sonikatorer för att fragmentera DNA

DNA-fragmentering eller -klippning påverkar analysprestandan genom att bestämma fördelningen av fragmentstorlek, vilket i sin tur påverkar sekvenseringstäckningen. Flera fokuserade sonikeringskonfigurationer utvärderades och optimerades för TSO Comprehensive (EU)-analysen ([Tabell 3](#)). Klippningstiden justerades för att maximera måttet MEDIAN_EXON_COVERAGE (MEDIANEXONTÄCKNING) som beskrivs i avsnittet Kvalitetskontroll. Klippningstider (i fetstil i [Tabell 3](#)) skilde sig åt mellan konfigurationer, det gjorde även resultaten för MEDIAN_INSERT_SIZE (MEDIANFRAGMENTLÄNGD). Alla tre konfigurationer testades med provrörsremsa med åtta rör. Volymerna som användes visas i [Tabell 3](#).

Optimering av konfiguration tre (punktgivare, icke-avgasat vatten, liten vattenbadsvolym) använde pulsering och hade den kortaste klippningstiden vilket resulterade i en något större fragmentstorleksfördelning jämfört med de andra två konfigurationerna (MEDIAN_INSERT_SIZE (MEDIANFRAGMENTLÄNGD) var ungefär 5–10 baspar större). Dessutom behövde konfiguration tre en ökad DNA-inmatning (50 ng) för att uppnå liknande MEDIAN_EXON_COVERAGE (MEDIANEXONTÄCKNING) i förhållande till de andra två konfigurationerna, som använde den nominella inmatningen på 40 ng. Konfiguration tre har mer skada och/eller denaturering och därför en reducerad effektiv massa av användbara dsDNA-molekyler för biblioteksberedning.

Det rekommenderas att klippningsrören centrifugeras under återhämtningsprocessen för att säkerställa att den specificerade volymen återhämtas, eftersom eventuell förlust av material kan påverka prestandan negativt.

Tabell 3 Utvärderade konfigurationer för fokuserade sonikatorer

Parameter	Konfiguration		
	1	2	3
Givare	Linje	Punkt	Punkt
Vattenbadsvolym	5 l	5 l	85 ml
Avgasat vatten	Ja	Ja	Nej
Vattenkylare	Ja	Ja	Ja
Vattenbadstemperatur	7 °C	7 °C	12 °C
Peak Incident Power (PIP)	450 W	175 W	50 W
Arbetskvot i %	30	10	30
Cykler per skur	200	200	1 000
Pulserande (10 sekunders skurar)	Nej	Nej	Ja
Klippningstid	250 s	280 s	200 s*
Provbearbetning	1–8	1	1
Batchstorlek	1–96	1–96	1–8
Provstorlek för provrörsremsa med åtta rör i glas	130 µl	130 µl	50 µl
Motsvarande DNA-inmatning (för medianexontäckning)	40 ng	40 ng	50 ng

* Klippningstiden på 200 s består av skurar på 10 s med 20 repetitioner.

Ramphastighet för termocykler

Ramphastigheten för termocykler påverkar analysens mått för kvalitetskontroll – användbara MSI-platser, medianvärdet för diskreta värden per CNV-mål, medianinsättningsstorlek (RNA) – samt stöдавläsningar för splicevarianter och fusioner. Optimering av termocyklerns ramphastighet rekommenderas.

Insamling, transport och förvaring av prover

Följ standardförfarandet vid insamling, transport, förvaring och bearbetning av prover från tumörvävnad.

Vävnadskrav

TSO Comprehensive (EU)-analysen kräver 40 ng RNA och/eller 40 ng DNA som extraherats från FFPE-vävnad. Användning av både RNA och DNA möjliggör analys av alla påstådda varianttyper. Vävnad bör fixeras med formalinfixativ lämpligt för molekylära analyser, t.ex. 10 % neutralbuffrat formalin. Vävnad kan inte dekalCIFieras. Vävnadsprovet ska undersökas av en patolog för att säkerställa att det är lämpligt för det här testet innan TSO Comprehensive (EU)-analysen utförs. Minst 20 % tumörinnehåll (efter område) krävs för att upptäcka somatiska

drivande mutationer. Minst 30 % tumörinnehåll krävs för att detektera hög MSI. Tumörinnehåll för genamplifieringar och RNA-varianter beror på graden av amplifiering eller uttryck (se [Tumörinnehåll på sidan 101](#)).

För en hög sannolikhet att extrahera 40 ng RNA och 40 ng DNA från en mängd olika solida vävnadstyper är den rekommenderade vävnadsvolymen $\geq 1,0 \text{ mm}^3$, vilket motsvarar ett kumulativt viabelt vävnadsområde på $\geq 200 \text{ mm}^2$ med 5 μm tjocka sektioner eller $\geq 100 \text{ mm}^2$ med 10 μm tjocka sektioner. Det kumulativa vävnadsområdet är summan av det viabla vävnadsområdet i alla sektioner som ska extraheras. Till exempel kan ett kumulativt vävnadsområde på 200 mm^2 erhållas genom att extrahera fyra 5 μm sektioner med 50 mm^2 vävnadsområde vardera eller fem 10 μm sektioner med 20 mm^2 vävnadsområde vardera. Vävnadsdöd kan minska mängden nukleinsyra. Vävnaden kan makrodissekeras för att uppnå ett önskat viabelt tumörinnehåll och på så sätt minimera risken för falskt negativa resultat.

En stor mängd nekrotisk vävnad ($\geq 25 \%$) kan störa TSO Comprehensive (EU)-analysens förmåga att detektera genamplifieringar och RNA-fusioner.

Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra

- Extrahera RNA och DNA från FFPE-vävnad med hjälp av kommersiellt tillgängliga extraktionssatser. Skillnader i extraktionssatser kan påverka prestandan. Mer information finns i [Utvärdering av extraktionssatser för nukleinsyra på sidan 92](#).
- Förvara extraherad nukleinsyra i enlighet med anvisningarna från tillverkaren av extraktionssatsen.
- Mät DNA och RNA omedelbart innan biblioteksberedningen påbörjas för att undvika att koncentrationen förändras över tid. Kvantifiera RNA och DNA med en fluorometrisk kvantifieringsmetod som använder nukleinsyrebindande färgämnen. Koncentrationen av nukleinsyra ska vara medelvärdet av minst tre mätningar.
- Analysen kräver 40 ng av varje RNA-prov berett i RNas-/DNas-fritt vatten (tillhandahålls inte), med en slutlig volym på 8,5 μl (4,7 ng/ μl).
- Analysen kräver 40 ng av varje gDNA-prov med en minsta extraktionskoncentration på 3,33 ng/ μl . Klippning kräver en slutgiltig volym på 52 μl (0,77 ng/ μl) med minst 40 μl TEB (medföljer) som spädningsmedel.

Biblioteksförvaring

Du kan förvara bibliotek på PCR-plattor med låg bindning i 7 till 30 dagar, beroende på typen av bibliotek (se [Tabell 4](#)).

Tabell 4 Förvaringstider för bibliotek

Bibliotekstyp	Platta	Antal dagar	Lagringstemperatur
cDNA	PCF PCR	≤ 7	-25 °C till -15 °C
Fragmenterat gDNA	LP PCR	≤ 7	-25 °C till -15 °C

Bibliotekstyp	Platta	Antal dagar	Lagringstemperatur
Före anrikning	ALS PCR	≤ 30	-25 °C till -15 °C
Efter anrikning	ELU2 PCR	≤ 7	-25 °C till -15 °C
PCR efter anrikning	PL PCR	≤ 30	-25 °C till -15 °C
Normaliserad	NL PCR	≤ 30	-25 °C till -15 °C

Varningar och försiktighetsåtgärder

Säkerhet

1. **Vissa analyskomponenter innehåller potentiellt farliga kemikalier. Personskador kan uppstå vid inandning, intagande, hudkontakt och ögonkontakt. Använd skyddsutrustning, inklusive ögonskydd, handskar och en laboratorierock som lämpar sig för den här graden av exponering. Hantera använda reagens som kemiskt avfall och kassera dem i enlighet med nationella och lokala bestämmelser. Säkerhetsdatablad (SDS) finns på support.illumina.com/sds.html.**
2. Hantera alla prover som smittsamma ämnen.
3. Arbeta enligt vedertagna laboratorierutiner. Använd inte pipetten med munnen. Ät inte, drick inte och rök inte på angivna arbetsområden. Använd engångshandskar och laboratorierock vid hantering av prover och analysreagens. Tvätta händer noga efter att du hanterat prover och analysreagens.

Laboratorium

1. Tillämpa ett arbetsflöde med en riktning i laboratoriet för att förhindra kontaminering. Pre-amplifieringsområden och post-amplifieringsområden måste ha egen utrustning och eget material (till exempel pipetter, pipettspetsar, vortexblandare och centrifug). Förhindra amplifieringsprodukt- eller proböverföring genom att undvika att gå tillbaka till pre-amplifieringsområdet efter att du har gått vidare till post-amplifieringsområdet.
2. Utför stegen Index PCR och Anrikning i ett post-amplifieringsområde för att förhindra överföring av amplifieringsprodukt.
3. Biblioteksberedningarna kräver en RNas-/DNas-fri miljö. Dekontaminera alla arbetsområden noggrant med ett RNas-/DNas-hämmande rengöringsmedel. Använd plast som är certifierad för att vara fri från DNas, RNas och humant genomiskt DNA.
4. För post-amplifieringsförfaranden ska du rengöra arbetsområden och utrustning noggrant med en nyblandad 0,5-procentig NaOCl-lösning (natriumhypoklorit) innan och efter varje förfarande. Lämna lösningen på ytor i tio minuter och torka sedan noggrant rent med 70-procentig etanol eller isopropanol.
5. Använd nukleasfria mikrocenrifugrör, plattor, pipettspetsar och behållare.
6. Använd kalibrerad utrustning under hela analysen. Var noga med att kalibrera utrustningen efter de hastigheter, temperaturer och volymer som anges i det här protokollet.

7. Använd precisionspipetter för att säkerställa korrekt reagens- och provöverföring. Kalibrera regelbundet i enlighet med tillverkarens specifikationer.
8. Tillämpa följande riktlinjer när du använder pipetter med flera kanaler:
 - Pipettera minst $\geq 2 \mu\text{l}$.
 - Kontrollera att spetsarna sitter ordentligt och är lämpliga för pipettmärket och -modellen.
 - Fixera spetsarna med en rullande rörelse för att säkerställa att alla spetsar sitter lika bra.
 - Aspirera med en 90° vinkel och samma volymnivåer i alla spetsar.
 - Verifiera att vätska har dispenserats från varje spets efter dispensering.
9. Var noga med att använda den utrustning som anges för analysen och att konfigurera program enligt anvisningarna.
10. Angivna temperaturer för termocyklern och mikroprovsinkubatorn indikerar reaktionstemperaturer och inte nödvändigtvis utrustningens inställda temperatur.

Analys

1. Undvik korskontaminering.
 - Följ god laboratoriesed vid hantering av prover och reagens.
 - Byt till ny laboratorieutrustning för engångsbruk och nya pipettspetsar mellan prover och mellan dispensering av reagens.
 - Använd aerosolresistenta spetsar för att minska risken för korskontaminering.
 - Tillämpa ett arbetsflöde med en riktning vid förflyttning från pre-amplifieringsområden till post-amplifieringsområden.
 - Hantera och öppna endast en indexprimer åt gången. Sätt omedelbart tillbaka locket på varje indexrör efter användning. Extra lock medföljer i satsen.
 - Byt handskar ofta och om de kommer i kontakt med indexprimrar eller prover.
 - Avlägsna oanvända indexprimerrör från arbetsområdet.
 - Överför inte reagens tillbaka till satsrör efter att de har använts med en rörremsa, ett tråg eller en behållare.
 - Blanda prover med en pipett och centrifugera plattan när det anges.
 - Använd en skakapparat för mikropettor. Vortexblanda inte plattorna.
2. Byt inte ut analyskomponenter från olika partier med reagenssatser. Information om vilket parti en reagenssats tillhör finns på etiketten på reagenssatsens förpackning och masteranalysblad.
3. God laboratoriesed krävs för att förhindra att nukleaser och PCR-produkter kontaminerar reagens, instrument, prover och bibliotek. Kontaminering från nukleaser och PCR-produkter kan orsaka felaktiga och otillförlitliga resultat.

4. Rätt platttyp krävs för optimal analysprestanda och förvaring. Var noga med att följa anvisningarna för plattöverföring i avsnittet [Bruksanvisning på sidan 35](#).
5. Underlåtenhet att följa de förfaranden som beskrivs kan resultera i felaktiga resultat eller signifikant försämra bibliotekskvaliteten.
6. Fortsätt direkt till nästa steg om ingen säker stoppunkt har specificerats i avsnittet [Bruksanvisning på sidan 35](#).
7. Förvara analysreagensen eller -komponenterna vid den angivna temperaturen i avsedda pre-amplifieringsområden och post-amplifieringsområden.
8. Förvara inte reagens i en frostfri behållare eller i kylskåpsdörrar.
9. Frys inte reagens som innehåller magnetkulor (LNB1, SPB och SMB).
10. Använd inte reagens som har förvarats på ett felaktigt sätt.
11. Avvik inte från blandnings- och hanteringsförfarandena som anges för varje reagens. Otillräcklig blandning eller övervortexblandning av reagens kan resultera i misslyckade provresultat.
12. Bered nya masterblandningar och kassera resterande volym efter användning.
13. Bered alltid färsk 80-procentig etanol med RNas-/DNas-fritt vatten för tvättsteg. Etanol kan absorbera vatten från luften, vilket kan påverka resultaten. Kassera 80-procentig etanol efter användning i enlighet med lokala, nationella och/eller federala föreskrifter.
14. Överför den angivna volymen eluat. Resultaten kan påverkas om du överför mindre än den angivna volymen eluat.
15. Tillämpa följande riktlinjer för sonikatorer. Var noga med att följa tillverkarens anvisningar.
 - Överför gDNA till sonikatorröret långsamt för att undvika att bubblor skapas. Alltför många bubblor eller en luftficka i klippningsröret kan resultera i ofullständig fragmentering.
 - Dispensera långsamt i sonikatorrör och undvik stänk.
 - Undvik att vätska flyttas eller att prover går förlorade genom att inte föra pipettspetsen till sonikatorrörets botten vid avlägsnande av fragmenterat DNA.
16. Pipettera inte mindre än 2 µl av provet.
17. Använd inte ett tråg för att dispensera reagens för steg som kräver att mindre än 10 µl material tillsätts till varje provbrunn.
18. Använd en P20-pipett vid överföring av fragmenterat gDNA-prover från sonikatorrören till LP-plattan (biblioteksberedning).
19. Kombinera inte UMI- och SUA1-adaptrar.
20. Använd SUA1-adaptrar med RNA-prover.
21. Använd UMI-adaptrar med DNA-prover.
22. Tilldela olika indexprimrar till varje biblioteksprov för att kunna identifiera varje bibliotek när de poolas för sekvensering på en flödescell.
23. Kombinera inte CPxx- och UPxx-indexprimrar i samma bibliotek.

24. Bristande överensstämmelse mellan proven och indexprimrarna orsakar felaktig resultatrapportering på grund av förlust av positiv providentifikation. Ange prov-ID:n och tilldela index i Local Run Manager innan biblioteksberedningen inleds. Spara prov-ID:n, indexering och plattbrunnsriktning att använda som referens vid biblioteksberedning.
25. Använd endast UPxx-index för bibliotek från RNA-prover.
26. Använd UPxx-index eller CPxx-index för bibliotek från DNA-prover.
27. Sekvensera åtta RNA-bibliotek och åtta DNA-bibliotek per flödescell. Se [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).
28. Sekvensera minst tre bibliotek. Följ riktlinjerna i avsnittet [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).
29. Efter bindingssteget i [Fånga mål 1 på sidan 60](#) och [Fånga mål 2 på sidan 64](#) ska du omedelbart fortsätta till tvättstegsteget för att förhindra att pelletsen torkar.
30. Kontrollera att all 80-procentig etanol avlägsnas från botten av brunnarna under tvättsteg. Etanolrester kan påverka resultaten.
31. Följ antalet tvättar som anges i avsnittet [Bruksanvisning på sidan 35 för optimala analysprestanda](#).
32. Resuspendera bibliotekspelleten noggrant under förfarandet [Normalisera bibliotek på sidan 70](#) för att uppnå konsekvent klusterdensitet på flödescellen.

Metodanmärkningar

- TSO Comprehensive (EU)-arbetsflödet kan genomföras enligt följande schema.
 - Dag 1: cDNA-syntes från RNA-prover, DNA-fragmentering av gDNA-prover, biblioteksberedning och inled hybridisering över natten (den första).
 - Dag 2: Anrikning, normalisering av anrikade bibliotek och överföring av bibliotek till NextSeq 550Dx-instrumentet.

Om det inte är möjligt att utföra TSO Comprehensive (EU)-arbetsflödet enligt det här schemat finns det flera säkra stoppunkter angivna i protokollet. Om en säker stoppunkt inte har specificerats i protokollet fortsätter du direkt till nästa steg.

- Bibliotek från RNA- och DNA-prover kan beredas samtidigt i olika brunnar.
- Tabeller för beredning av masterblandning innefattar volymöverskott för att säkerställa att det finns tillräcklig volym för antalet prover som bearbetas.
- Använd vatten av molekylär kvalitet och som är fritt från nukleaser.
- Efter att reagens har tillsatts ska du skölja spetsen genom att aspirera och dispensera en gång i lämplig brunn på plattan, om inget annat anges i förfarandet.
- Rumstemperatur definieras som 15 °C till 30 °C.

Termocyklerprogram

- Programmera termocyklerprogram på pre-amplifierings- och post-amplifieringsutrustning innan protokollet inleds.
- Kontrollera att PCR-plattorna sitter ordentligt i termocyklern.
- Använd plattor som tillverkaren av termocyklern rekommenderar.

Försegling av plattan

- Försegla alltid plattor med en ny självhäftande plattförsegling. Återanvänd inte förseglingar.
- Försegla plattan genom att applicera det självhäftande omslaget på plattan med en förseglingsrulle eller -kil.
- Försegla alltid plattan med 96 brunnar med en ny självhäftande plattförsegling innan följande steg i protokollet:
 - Plattskakningssteg
 - Centrifugeringssteg
 - Termocyklersteg
 - Hybridiseringssteg
 - Långtidsförvaring
- Kontrollera att kanterna och brunnarna är förseglade för att reducera risken för korskontaminering och avdunstning.
- Placera plattan på en plan yta innan du långsamt tar bort förseglingen.
- Om någon vätska eller kondens observeras på förseglingen eller plattbrunnarnas sidoväggar ska du centrifugera vid $280 \times g$ i en minut innan förseglingen bryts.
- Använd självhäftande plattförseglingar som är effektiva vid -40 °C till 110 °C och passar PCR-plattor med krage och halv krage.

Utrustning

- Kontrollera att laboratoriepersonalen är bekant med tillverkarens anvisningar för drift och underhåll av all utrustning innan analysen startas.

Platttyp och plattöverföring

- Rätt platttyp krävs för optimal analysprestanda och förvaring.
- Vid överföring av volymer mellan plattor ska du överföra den angivna volymen från varje brunn på en platta till motsvarande brunnar på målplattan.
- Pipetter med flera kanaler kan användas vid överföring av prover mellan rörremсор eller plattor.

- Tillämpa följande riktlinjer vid skakning av plattor.
 - Använd en plattskakare för att skaka plattor. Vortexblanda inte plattor.
 - Skaka PCR-plattor vid 1 200 rpm.
 - Skaka MIDI-plattor vid 1 800 rpm.
 - Följ tillverkarens anvisningar för att säkerställa att plattskakaren håller plattan ordentligt på plats.

Centrifugering

- När anvisningarna i protokollet instruerar att centrifugera kort ska du centrifugera vid $280 \times g$ i en minut.
- Om någon vätska observeras på förseglingen eller på sidorna av en brunn ska du centrifugera plattan vid $280 \times g$ i en minut.

Hantera reagens

- Stäng alla reagensrör ordentligt omedelbart efter användning för att begränsa avdunstning och förhindra kontaminering.
- Placera reagenset i den angivna förvaringstemperaturen igen när de inte längre behövs i ett förfarande.
- Följ reagensberedningen som kommer före varje förfarandedel i avsnittet [Bruksanvisning på sidan 35](#).
- Var noga med att bereda rätt volym masterblandning, elueringsblandning och 80-procentig etanol för antalet prover som ska bearbetas.
- Volymerna som anges i tabellerna för masterblandning och lösningar innefattar överskott. Överskottsvolymen beräknas enligt följande:
 - [Tabell 13](#)
 - Volym för FSM = $(7,2 \mu\text{l}) \times (\text{antalet prover} + \text{kontroller}) \times (1,25)$
 - Volym för RVT = $(0,8 \mu\text{l}) \times (\text{antalet prover} + \text{kontroller}) \times (1,25)$
 - [Tabell 19](#)
 - Volym ERA1-B = $(7,2 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,20)$
 - Volym ERA1-A = $(2,8 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,20)$
 - [Tabell 26](#)
 - Volym EE2 = $(20,9 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,364)$
 - Volym HP3 = $(1,1 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,364)$
 - [Tabell 27](#)
 - Volym EE2 = $(20,9 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,364)$
 - Volym HP3 = $(1,1 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,364)$

- [Tabell 32](#)
 - $\text{Volym LNA1} = (38,1 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (2,0)$
 - $\text{Volym LNB1} = (6,9 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (2,0)$
- [Tabell 33](#)
 - $\text{Volym EE2} = (30,4 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,25)$
 - $\text{Volym HP3} = (1,6 \mu\text{l}) \times (\text{antalet bibliotek}) \times (1,25)$

Adapteruppsättningar

- TSO Comprehensive (EU)-analysen innefattar UMI-adaptrar och SUA1-adaptrar.
- SUA1-adaptrar används med RNA-prover och inte med DNA-prover.
- UMI-adaptrar används med DNA-prover och inte med RNA-prover.

Hantera magnetkulator

- Det ingår tre typer av magnetkulator i TSO Comprehensive (EU)-analysen (SPB, SMB och LNB1). Säkerställ att rätt typ av magnetkula används under förfarandet.
- Utför rätt antal tvättar för varje typ av magnetkula.
- Kontrollera att magnetkulorna är rumstempererade innan användning.
- Blanda magnetkulorna i en minut innan användning för att säkerställa homogenitet.
- Tillämpa följande riktlinjer vid blandning av magnetkulator med en pipett.
 - Använd en pipett och spetsstorlek som är lämplig för volymen som du blandar.
 - Justera volyminställningen till cirka 50–75 % av provvolymen.
 - Pipettera långsamt utan att släppa kolven.
 - Undvik stänk och att bubblor skapas.
 - Placera pipettspetsen ovanför pelleten och dispensera direkt på pelleten för att släppa magnetkulorna från brunnen eller röret.
 - Kontrollera att pelleten är helt omgiven av lösning. Lösningen ska vara mörkbrun och ha en homogen konsistens.
 - Bedöm om det förekommer en pellet. Aspirera försiktigt den totala magnetkulelösningen från brunnen i spetsen och titta på brunnarnas botten.
- Om magnetkulorna aspireras in i pipettspetsarna under steg med magnetisk separering ska du dispensera tillbaka magnetkulorna till plattbrunnen på det magnetiska stativet. Vänta tills vätskan är transparent (cirka två minuter) innan du fortsätter till nästa steg av förfarandet.
- Vid tvättning av magnetkulator:
 - Använd det rekommenderade magnetiska stativet för plattan.

- Dispensera vätska direkt på pelleten så att magnetkulorna på brunnarnas sidor blir blöta.
 - Låt plattan stå på det magnetiska stativet tills förfarandet anvisar att avlägsna den.
 - Skaka inte plattan när den står på det magnetiska stativet.
 - Rubba inte pelleten när plattan står på det magnetiska stativet.
- Vid tvättning av magnetkylor eller avlägsnande av supernatant ska du vinkla pipettspetsarna på botten av brunnarna för att undvika att ett vakuum skapas och att lösning dras in i pipettspetsens filter.

Laboratoriespårningsformulär

- I *Laboratoriespårningsformulär för TruSight™ Oncology Comprehensive (EU)* (dokumentnr 200009022) finns en checklista för protokollstegen.

Antalet bibliotek och att välja index

Planera antalet provbibliotek och provindex för sekvenseringskörningen innan körningskonfigurationen. Positiva kontroller innefattas i följande riktlinjer om provantal, medan negativa kontroller (NTC) inte gör det. NTC:er kan däremot läggas till i flödescellen som ett extra prov.

Överväg följande riktlinjer för att fastställa antalet bibliotek att sekvensera på en flödescell.

Tabell 5 RNA- eller DNA-bibliotek för TSO Comprehensive (EU)

Bibliotekstyp	Minst*	Högst
RNA	3	16
DNA	3	8

Sekvensera åtta RNA-bibliotek och åtta DNA-bibliotek för optimal reagensanvändning vid sekvensering av TSO Comprehensive (EU) på NextSeq 550Dx instrumentet.

Tabell 6 Kombinerade RNA- eller DNA-bibliotek för TSO Comprehensive (EU)

Antal DNA-bibliotek	Antal RNA-bibliotek
8	8

Tillsätt indexprimern i varje provbibliotek under biblioteksberedningen. **Använd olika indexprimerblandningar för varje provbibliotek.** Indexprimrar identifierar varje unikt prov så att bibliotek kan poolas för sekvensering på en flödescell. (Kompatibla indexkombinationer visas på skärmen Create Run (Skapa körning) under körningskonfigurationen i Local Run Manager.)

Kontrollera att de indexprimrar som du använder med prover överensstämmer med de index som du valde för analys i Local Run Manager. **Bristande överensstämmelse orsakar felaktig resultatrapportering på grund av förlust av positiv providentifikation.**

Det finns två typer av index i TSO Comprehensive (EU)-satsen.

- **UPxx-index**—Använd UPxx-index för bibliotek som härrör från RNA- eller DNA-prover.
- **CPxx-index** – använd CPxx-index för bibliotek från DNA-prover. Använd inte CPxx-index för bibliotek från RNA-prover eller om du sekvenserar totalt tre DNA-bibliotek.

Följande krävs vid sekvensering av endast tre bibliotek.

- Biblioteken måste bestå av antingen DNA eller RNA.
- Använd inte CPxx-indexuppsättningar.
- En av följande UPxx-indexuppsättningar krävs för tillräcklig mångfald.
 - UP01, UP02 och UP03
 - UP04, UP05 och UP06
 - UP07, UP08 och UP09
 - UP10, UP11 och UP12

Till exempel tilldelas det första biblioteket UP01, det andra biblioteket UP02 och det tredje biblioteket UP03.

TruSight Oncology Controls

TSO Comprehensive (EU) måste användas med TruSight Oncology Controls, som består av TruSight Oncology DNA Control och TruSight Oncology RNA Control som positiva kontroller. Använd TruSight Oncology DNA Control för varje DNA-sekvenseringskörning och TruSight Oncology RNA Control för varje RNA-sekvenseringskörning inom en särskild biblioteksberedning (inkludera även kontroller för kombinerade DNA- och RNA-körningar). En unik positiv kontroll bereds för varje planerad sekvenseringskörning.

Inkludera en negativ kontroll i varje RNA- och DNA-biblioteksberedning. Den negativa kontrollen sekvenseras flera gånger inom en biblioteksberedning. Följ riktlinjerna för TruSight Oncology Controls nedan.

- Bearbeta positiva kontroller och negativa kontroller som är identiska med proven.
- Använd TEB för den negativa DNA-kontrollen.
- Använd DNAs-/RNAs-fritt vatten för den negativa RNA-kontrollen.
- De positiva kontrollerna inkluderas i maximikravet för bibliotek.
- Den negativa kontrollen inkluderas inte i minimikravet för bibliotek.
- Använd UP-index för den negativa kontrollen när du sekvenserar tre bibliotek.
- Eftersom den negativa kontrollen sekvenseras flera gånger kan inte de index som väljs för den här kontrollen upprepas i biblioteksberedningen.

I tabellerna nedan visas exempel på plattlayouter för biblioteksberedning. Varje numrerad kolumn representerar en sekvenseringskörning. När DNA- och RNA-bibliotek sekvenseras tillsammans representerar varje motsvarande uppsättning kolumner en sekvenseringskörning (t.ex. kolumn 1 och kolumn 7). Den negativa kontrollen sekvenseras för varje kolumn eller uppsättning kolumner.

Tabell 7 Biblioteksberedning för en körning med sex patientprover

	1	2	3	4	5	6	7
A	Positiv DNA- kontroll	tom	tom	tom	tom	tom	Positiv RNA- kontroll
B	DNA 1	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 1
C	DNA 2	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 2
D	DNA 3	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 3
E	DNA 4	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 4
F	DNA 5	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 5
G	DNA 6	tom	tom	tom	tom	tom	RNA 6
H	DNA NTC	tom	tom	tom	tom	tom	RNA NTC

Tabell 8 Biblioteksberedning för tre körningar med 20 patientprover

	1	2	3	4	5	6	7
A	Positiv DNA- kontroll	Positiv DNA- kontroll	Positiv DNA- kontroll	tom	Positiv RNA- kontroll	Positiv RNA- kontroll	Positiv RNA- kontroll
B	DNA 1	DNA 7	DNA 14	tom	RNA 1	RNA 7	RNA 14
C	DNA 2	DNA 8	DNA 15	tom	RNA 2	RNA 8	RNA 15
D	DNA 3	DNA 9	DNA 16	tom	RNA 3	RNA 9	RNA 16
E	DNA 4	DNA 10	DNA 17	tom	RNA 4	RNA 10	RNA 17
F	DNA 5	DNA 11	DNA 18	tom	RNA 5	RNA 11	RNA 18
G	DNA 6	DNA 12	DNA 19	tom	RNA 6	RNA 12	RNA 19
H	DNA NTC	DNA 13	DNA 20	tom	RNA NTC	RNA 13	RNA 20

Bruksanvisning

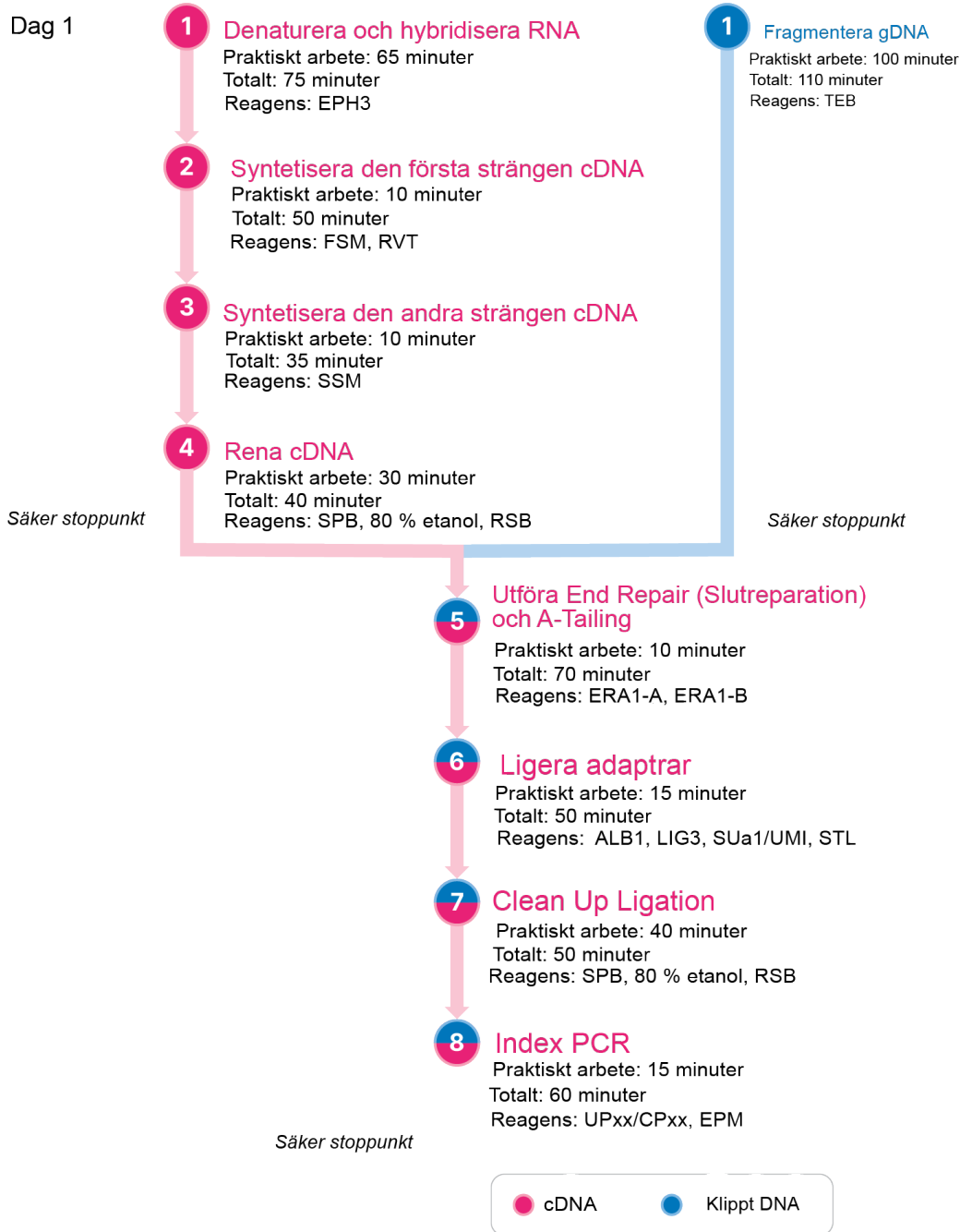
En överblick av TSO Comprehensive (EU)-arbetsflödet visas i [Bild 1](#) och [Bild 2](#).

Arbetsflöde för biblioteksberedning

I [Bild 1](#) visas arbetsflödet för biblioteksberedning för TSO Comprehensive (EU)-analysen. Bibliotek från RNA- och DNA-prover kan beredas samtidigt i olika brunnar. Positiva kontroller och negativa kontroller bearbetas på exakt samma sätt som prover. Säkra stoppunkter mellan stegen är markerade.

Innan du startar protokollet ska du ange körnings- och exempelinformation i ett v2-exempelblad som ska användas med programvaran Local Run Manager. Se [Ange körningsinformation på sidan 39](#).

Bild 1 Arbetsflödet för TSO Comprehensive (EU) (del 1)

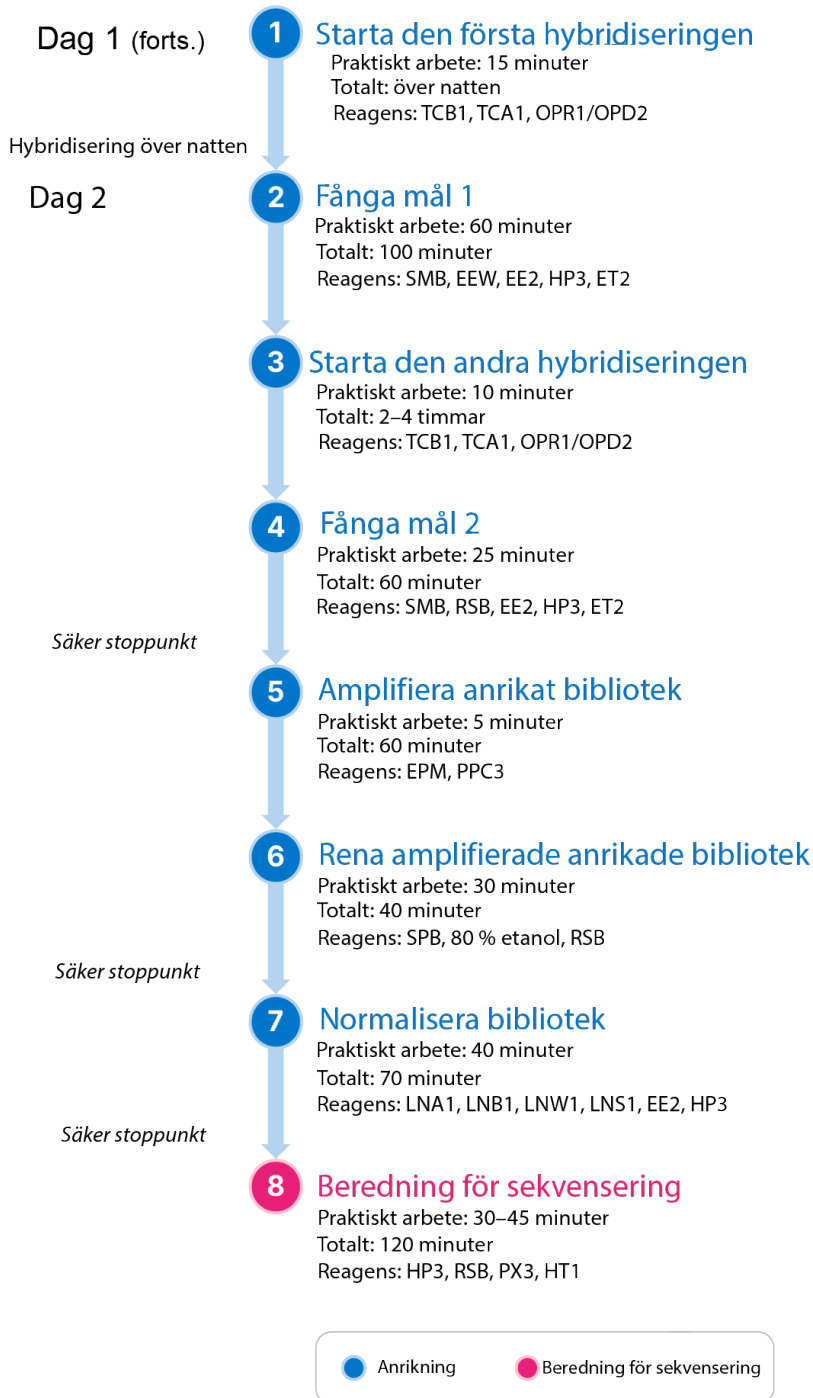


* Tiderna för praktiskt arbete och totala tider är ungefärliga.

Anrikningsarbetsflöde

I Bild 2 illustreras anrikningsarbetsflödet för analysen TSO Comprehensive (EU). Säkra stoppunkter mellan stegen är markerade.

Bild 2 Arbetsflödet för TSO Comprehensive (EU) (del 2)



Programmera termocykler

Spara följande program på termocykler för pre- och post-amplifiering innan analysen startas.

Tabell 9 Termocyklerprogram för pre-amplifiering

Förfarandesteg	Programnamn	Locktemperatur	Reaktionsvolym	Termocyklerparametrar
Denaturera och hybridisera RNA	LQ-RNA	100 °C	17 µl	• 65 °C i fem minuter • 4 °C i en minut • Upprätthåll 4 °C
Syntetisera den första strängen cDNA	1stSS	100 °C	25 µl	• 25 °C i tio minuter • 42 °C i 15 minuter • 70 °C i 15 minuter • 4 °C i en minut • Upprätthåll 4 °C
Syntetisera den andra strängen cDNA	2ndSS	30 °C	50 µl	• 16 °C i 25 minuter • 4 °C i en minut • Upprätthåll 4 °C

OBS! Inaktivera alternativet med förvämt lock om locktemperaturen för 2ndSS inte kan ställas in till 30 °C.

Tabell 10 Termocyklerprogram för post-amplifiering

Förfarandesteg	Programnamn	Locktemperatur	Reaktionsvolym	Termocyklerparametrar
Index PCR	I-PCR	100 °C	50 µl	• 98 °C i 30 sekunder • 15 cykler av: • 98 °C i 10 sekunder • 60 °C i 30 sekunder • 72 °C i 30 sekunder • 72 °C i fem minuter • Upprätthåll 10 °C
Utföra den första hybridiseringen	HYB1	100 °C	50 µl	• 95 °C i tio minuter • 85 °C i två minuter och 30 sekunder • 75 °C i två minuter och 30 sekunder • 65 °C i två minuter och 30 sekunder • Upprätthåll 57 °C i åtta till 24 timmar

Förfarandesteg	Programnamn	Locktemperatur	Reaktionsvolym	Termocyklerparametrar
Utföra den andra hybridiseringen	HYB2	100 °C	50 µl	• 95 °C i tio minuter • 85 °C i två minuter och 30 sekunder • 75 °C i två minuter och 30 sekunder • 65 °C i två minuter och 30 sekunder • Upprätthåll 57 °C en och en halv till fyra timmar
Amplifiera anrikat bibliotek	EL-PCR	100 °C	50 µl	• 98 °C i 30 sekunder • 18 cykler av: • 98 °C i 10 sekunder • 60 °C i 30 sekunder • 72 °C i 30 sekunder • 72 °C i fem minuter • Upprätthåll 10 °C

Ange körningsinformation

Local Run Manager är programvaran på NextSeq 550Dx-instrumentet som används för att ställa in TSO Comprehensive (EU)-analyskörningar. Mer information finns i *Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module Workflow Guide (Arbetsflödeshandbok för Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module) (dokumentnr 200008661)*.

Ange körnings- och provinformation direkt i analysmodulen TSO Comprehensive (EU).

Ställa in körningsparametrar

1. Logga in i Local Run Manager på instrumentet eller från en nätverksansluten dator.
2. Välj **Create Run** (Skapa körning) och sedan **TSO Comp (EU)**.
3. Ange ett körningsnamn utifrån följande kriterier som identifierar körningen från sekvensering genom analys.
 - 1–40 tecken.
 - Endast alfanumeriska tecken, understreck och bindestreck.
 - Understreck och bindestreck måste föregås och efterföljas av ett alfanumeriskt tecken.
 - Unikt för alla körningar på instrumentet.
4. [Valfritt] Ange en körningsbeskrivning utifrån följande kriterier för att lättare identifiera körningen.
 - 1–150 tecken.

- Endast alfanumeriska tecken och mellanslag.
- Mellanslag måste föregås och efterföljas av ett alfanumeriskt tecken.

Ange prover för körningen

Ange prover för körningen med ett av följande alternativ:

- **Enter samples manually** (Ange prover manuellt) – använd den tomma tabellen på skärmen Create Run (Skapa körning). Alla provkonfigurationer som stöds finns i [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).
- **Import samples** (Importerera prover) – navigera till en extern fil i ett format med kommateckenavgränsade värden (*.csv). En mall kan hämtas på skärmen Create Run (Skapa körning).



FÖRSIKTIGHET!

Bristande överensstämmelse mellan proverna och indexprimrarna leder till felaktig rapportering av resultat på grund av förlust av positiv providentifikation. Ange prov-ID:n och tilldela index i Local Run Manager innan biblioteksberedningen inleds. Registrera prov-ID:n, index och plattriktning att använda som referens under biblioteksberedning.



FÖRSIKTIGHET!

Kontrollera att en kunskapsbas inte håller på att installeras innan du sparar en körning för att undvika att data går förlorade.

Ange prover manuellt

1. Ange ett unikt prov-ID i fältet Sample ID (Prov-ID) utifrån följande kriterier. **Alla kontrollprover ska läggas till först.** Mer information finns i [Kontrollprover på sidan 42](#).
 - 1–25 tecken.
 - Endast alfanumeriska tecken, understreck och bindestreck.
 - Understreck och bindestreck måste föregås och efterföljas av ett alfanumeriskt tecken.
2. [Valfritt] Ange en provbeskrivning i fältet Sample Description (Provbeskrivning) utifrån följande kriterier.
 - 1–50 tecken.
 - Endast alfanumeriska tecken, bindestreck, understreck och mellanslag.
 - Mellanslag, understreck och bindestreck måste föregås och efterföljas av ett alfanumeriskt tecken.
3. Välj ett index för DNA-biblioteket och/eller RNA-biblioteket som är berett för provet.
Kontrollera att RNA- och DNA-proverna är i olika kolumner.
Fältet DNA i7+i5 Sequence (i7+i5-sekvens för DNA) fylls i automatiskt efter att du har valt ett index-ID för DNA. Fältet RNA i7+i5 Sequence (i7+i5-sekvens för RNA) fylls i automatiskt efter att du har valt ett index-ID för RNA.
Utöver sammanfattningen här kan du läsa mer om val av index-ID i avsnittet [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).

- Välj ett unikt index-ID (UPxx- eller CPxx-index) för ett DNA-provbibliotek från listrutan DNA Index ID (Index-ID för DNA).
 - Välj ett unikt index-ID (endast UPxx) för ett RNA-provbibliotek från listrutan RNA Index ID (Index-ID för RNA).
 - Om det finns totalt tre bibliotek i körningen följer du riktlinjerna för att välja index i avsnittet [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).
4. Använd fältet Tumor Type (Tumörtyp) för att tilldela en tumörtyp för varje prov. Välj den mest specifika tumörtypen som finns tillgänglig. Se [Välja en tumörtyp på sidan 42](#).
 5. Använd fältet Tumor Type (Tumörtyp) för att tilldela en av följande kontrolltyper för varje kontroll. Se [Kontrollprover på sidan 42](#).
 - DNA External Control (Extern DNA-kontroll)
 - RNA External Control (Extern RNA-kontroll)
 - DNA No-Template Control (Negativ DNA-kontroll)
 - RNA No-Template Control (Negativ RNA-kontroll)

Om du använder TruSight Oncology DNA Control är kontrolltypen DNA External Control (Extern DNA-kontroll). Om du använder TruSight Oncology RNA Control är kontrolltypen RNA External Control (Extern RNA-kontroll).
 6. Tilldela kön.
 7. [Valfritt] Välj **Export to CSV** (Exportera till CSV) för att exportera provinformation till en extern fil.
 8. Granska informationen på skärmen Create Run (Skapa körning).
Felaktig information kan påverka resultaten.
 9. Välj **Save Run** (Spara körning).

Importera prover

1. Välj **Import CSV** (Importera CSV) och bläddra till filen med provinformation. Två typer av filer kan importeras.
 - Välj **Download CSV** (Hämta CSV) på skärmen Create Run (Skapa körning) för att hämta en ny mall för provinformation. CSV-filen innehåller de obligatoriska kolumnrubrikerna och har rätt format för import. Ange provinformation i varje kolumn för proverna i körningen. För kolumnen Tumor Type (Tumörtyp), ange termen för tumörtyp eller tillhörande kod (se [Hämta tumörtyper på sidan 44](#)). Fältet Tumor Type (Tumörtyp) används också för att beteckna prover som kontroller (se [Kontrollprover på sidan 42](#)).
 - Använd en fil med provinformation som exporterades från Local Run Manager med hjälp av funktionen Export to CSV (Exportera till CSV).
2. Granska den importerade informationen på skärmen Create Run (Skapa körning).
Felaktig information kan påverka resultaten.
3. [Valfritt] Välj **Export to CSV** (Exportera till CSV) för att exportera provinformation till en extern fil.
4. Välj **Save Run** (Spara körning).

Kontrollprover

TSO Comprehensive (EU) kräver att TruSight Oncology Controls används. Om ett prov anges som kontroll ställs Sex (Kön) för provet automatiskt in till Unknown (Okänt). Välj en av fyra kontrolltyper i fältet Tumor Type (Tumörtyp) för att ange ett prov som en kontroll:

- DNA External Control (Extern DNA-kontroll) (positiv DNA-kontroll)
- DNA No-Template Control (Negativ DNA-kontroll)
- RNA External Control (Extern RNA-kontroll) (positiv RNA-kontroll)
- RNA No-Template Control (Negativ RNA-kontroll)

Se [Välja en tumörtyp på sidan 42](#) för mer information om hur du ställer in tumörtyper för alla typer av prover under körinställningar.

Endast en av varje kontrolltyp kan specificeras inom en körning. Endast ett DNA-bibliotek kan specificeras för DNA External Control (Extern DNA-kontroll) eller DNA No-Template Control (Negativ DNA-kontroll). Endast ett RNA-bibliotek kan specificeras för RNA External Control (Extern RNA-kontroll) eller RNA No-Template Control (Negativ RNA-kontroll). DNA No-Template Control (Negativ DNA-kontroll) eller RNA No-Template Control (Negativ RNA-kontroll) räknas inte in i det maximala antalet bibliotek i en körning.

Välja en tumörtyp

En tumörtyp måste specificeras för varje prov. Med undantag för kontrolltyper kommer de möjliga tumörtyperna från den installerade kunskapsbasen och de kan komma att ändras i samband med att kunskapsbasen uppdateras.

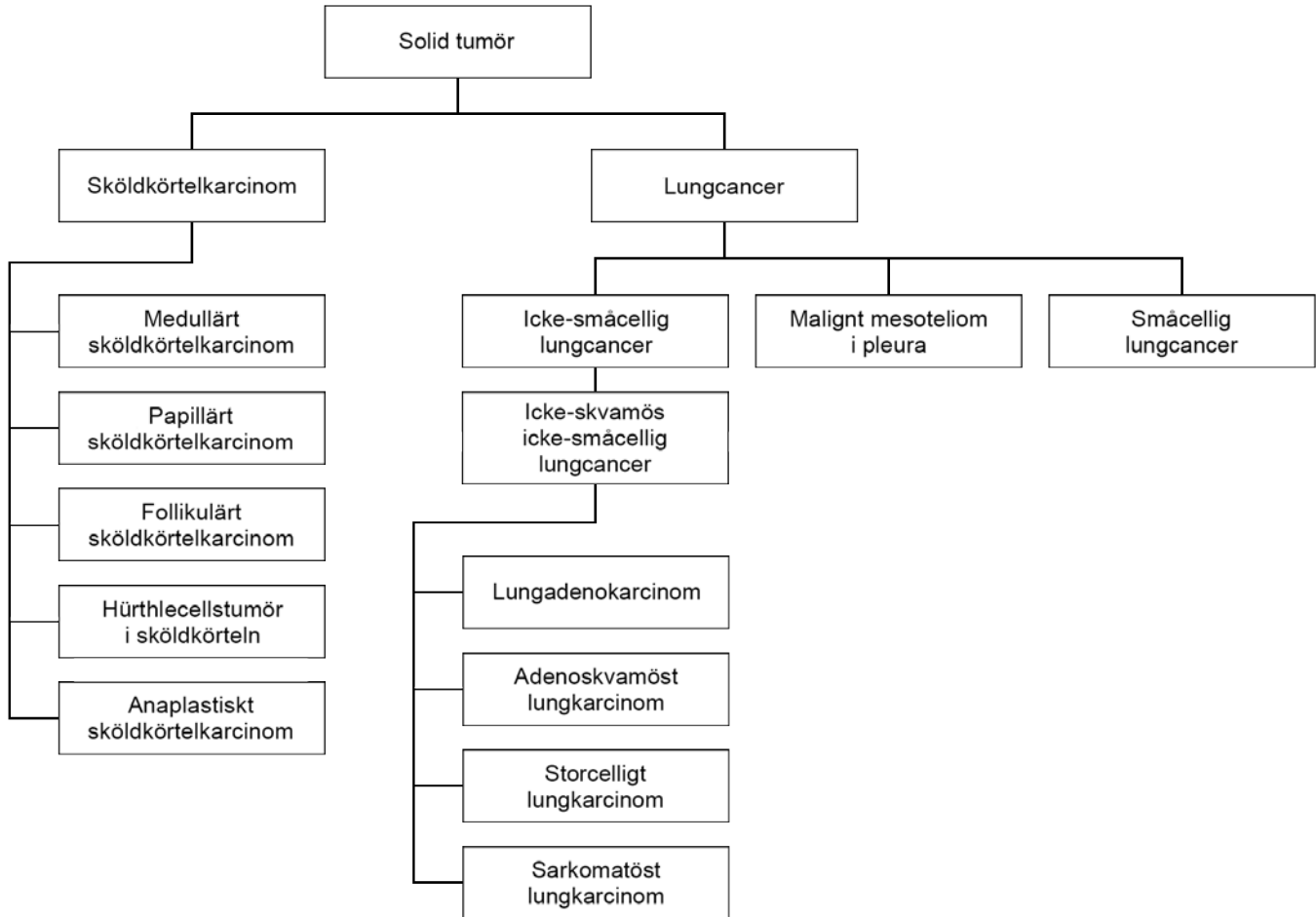


FÖRSIKTIGHET!

Fel val av tumörtyp kan orsaka felaktiga resultat. Åtgärda eventuella varningar som visas när du anger tumörtyper för att undvika analysfel.

Tumörtypstermerna är del av en hierarkisk sjukdomsontologi i kunskapsbasen som är uppbyggd av en uppsättning överordnad/underordnad-förhållanden. Till exempel är termen icke-småcellig lungcancer underordnad lungcancer eftersom icke-småcellig lungcancer är en typ av lungcancer. [Bild 3](#) är ett exempel på en del av en sjukdomsontologi med termer associerade med lungcancer och sköldkörtelcancer (andra tumörtyper visas inte), där "Solid tumör" är rottermen. En term som är kopplad till termer på lägre nivåer kallas överordnad. Termerna på de lägre nivåerna är underordnade den överordnade termen. Till exempel är lungcancer överordnad lungadenokarcinom och småcellig lungcancer, medan medullärt sköldkörtelkarcinom är underordnad både sköldkörtelkarcinom och solid tumör.

Bild 3 Exempel på en del av en sjukdomsontologi



Vilken tumörtyp som väljs för ett patientprov påverkar

- vilken eller vilka avsedda användningar med produkter för behandlingsvägledande diagnostik som utvärderas för provet. Endast patientprover med en tumörtyp som är en exakt match med eller underordnad tumörtypen för en avsedd användning med produkter för behandlingsvägledande diagnostik kommer att utvärderas för det kravet.
- vilka tumörprofileringsvarianter som inkluderas i TSO Comprehensive (EU)-rapporten.

Här följer anvisningar för processen att välja en tumörtyp via skärmen Create Run (Skapa körning). Tumörtypen kan även ställas in genom att importera en CSV-fil som innehåller en tumörtyp (se [Importera prover på sidan 41](#)).

1. Visa möjliga tumörtyper genom att dubbelklicka i cellen Tumor Type (Tumörtyp) i provets rad. Möjliga tumörtyper visas i en hierarkisk lista som är alfabetiskt sorterad. Fältet Tumor Type (Tumörtyp) används även för att ange en kontrolltyp för kontrollprover (se [Kontrollprover på sidan 42](#)).
2. Hitta och välj önskad tumörtyp med hjälp av listan eller sökfältet högst upp i fönstret Tumor Type (Tumörtyp).

Hämta tumörtyper

Du kan hämta en fullständig lista över möjliga tumörtyper i TSV-format genom att klicka på knappen **Download Tumor Types TSV** (Hämta tumörtyper i TSV-format) på skärmen Create Run (Skapa körning). Listan innehåller följande information:

- Tumörtypen synlig i användargränssnittet.
- Den fullständiga sökvägen till tumörtypen inom tumörtypshierarkin (sjukdomsontologi).
- Koden som Local Run Manager använder för att identifiera tumörtypen.

Beredning för protokollsteg

1. Dekontaminera alla arbetsområden noggrant med ett RNas-/DNas-hämmande rengöringsmedel.



FÖRSIKTIGHET!

Alla förfaranden i arbetsflödet kräver en RNas-/DNas-fri miljö.

2. Ställ in termocyklerprogram för pre-amplifiering. Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).
3. Följ tillverkarens anvisningar för att konfigurera ultrasonikatorn.
4. Fortsätt direkt till [Fragmentera gDNA på sidan 49](#) om du endast ska bearbeta DNA-prover.
5. Ta fram RNA-kontroller från förvaringen.
6. Avlägsna reagensrören från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 11 TruSight Oncology Comp RNA Library Prep (artikelnr 20031127)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
EPH3	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Denaturera och hybridisera RNA
FSM	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Syntetisera den första strängen cDNA
RVT	-25 °C till -15 °C	Förvara på is.	Syntetisera den första strängen cDNA
SSM	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Syntetisera den andra strängen cDNA

Tabell 12 TruSight Oncology Comp Library Prep (Refrigerate) (artikelnr 20031119)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
SPB (ljusgrön märkning)	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur i 30 minuter.	Rena cDNA
RSB	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Rena cDNA

Denaturera och hybridisera RNA

I den här processen denatureras RNA och primrar med slumpmässiga hexamerer som förberedelse för cDNA-syntetiseringen.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - EPH3 – ställ undan.
 - FSM – vortexblanda. Centrifugera kort och pipettera därefter för att blanda. Kontrollera om det förekommer precipitat. Om precipitat förekommer ska du pipettera för att blanda tills precipitatet har löst upp sig.
 - RVT – centrifugera kort och pipettera därefter för att blanda. Förvara på is.

OBS! RVT är en trögflytande lösning. Pipettera alltid långsamt för att undvika att bubblor skapas.

2. Kombinera följande volymer i ett mikrocentrifugrör för att bereda en FSM+RVT-masterblandning.

Tabell 13 FSM+RVT-masterblandning

Masterblandningskomponent	4 RNA-prover (µl)	8 RNA-prover (µl)	16 RNA-prover (µl)	24 RNA-prover (µl)
FSM	27	72	144	216
RVT	3	8	16	24

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30](#).

3. Pipettera tio gånger för att blanda.
4. Placera FSM+RVT-masterblandningen på is tills du når avsnittet [Syntetisera den första strängen cDNA på sidan 46](#).

Förfarande

1. Tina extraherade RNA-prover och RNA-kontroller på is.
Bearbeta RNA-kontroller som prover för resten av protokollet.
2. Förvara RNA på is när det inte används. Mer information om kvantifiering av prover finns i avsnittet [Vävnadskrav på sidan 23](#).
3. Pipettera varje RNA-prov tio gånger för att blanda.
4. Använd RNas-/DNas-fritt vatten för att bereda 40 ng av varje RNA-prov i den slutliga volymen på 8,5 µl (4,7 ng/µl).
För RNA-kontroller ska du använda den koncentration som är angiven på rörets märkning.
5. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med CF (cDNA-fragment).
6. Tillsätt 8,5 µl av varje RNA-prov i en unik brunn på PCR-plattan CF.

7. Kontrollera att provplattslayouten och indexen för varje prov överensstämmer med körningen som planerades i Local Run Manager under körningskonfigurationen.
8. Vortexblanda EPH3 och centrifugera sedan kort.
9. Tillsätt 8,5 µl EPH3 i varje provbrunn.
10. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan CF.



FÖRSIKTIGHET!

Se till att försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.

11. Skaka vid 1 200 rpm i en minut.
12. Centrifugera vid 280 × g i en minut.
13. Placera på termocyklern och kör LQ-RNA-programmet.
Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).
14. Vänta en minut och fortsätt sedan omedelbart till nästa steg när proven når 4 °C.

Syntetisera den första strängen cDNA

I den här processen används omvänd transkription av RNA-fragmenten som är primade med slumpmässiga hexamerer till den första strängen cDNA med omvänt transkriptas.

Förfarande

1. Avlägsna PCR-plattan CF från termocyklern.
2. Pipettera fem gånger för att blanda FSM+RVT-masterblandningen.
3. Tillsätt 8 µl FSM+RVT-masterblandning i varje provbrunn.
4. Blanda genom att pipettera fem gånger.
5. Kassera resterande FSM+RVT-masterblandning.
6. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan CF.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
7. Skaka vid 1 200 rpm i en minut.
8. Centrifugera vid 280 × g i en minut.
9. Placera på en termocykler och kör 1stSS-programmet.
Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).
10. Fortsätt omedelbart till nästa steg när proven når 4 °C.
De första strängproven kan förvaras vid 4 °C i upp till fem minuter.

Syntetisera den andra strängen cDNA

I den här processen avlägsnas RNA-mallen och dubbelsträngat cDNA syntetiseras.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - SSM – vänd tio gånger för att blanda. Centrifugera kort.

Förfarande

1. Avlägsna PCR-plattan CF från termocyklern.
2. Tillsätt 25 µl SSM i varje provbrunn.
3. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan CF.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
4. Skaka vid 1 200 rpm i en minut.
5. Centrifugera vid 280 × g i en minut.
6. Placera på en termocykler och kör 2ndSS-programmet.
Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).
7. Vänta en minut och fortsätt sedan omedelbart till nästa steg när proven når 4 °C.

Rena cDNA

I den här processen används SPB för att rena cDNA från oönskade reaktionskomponenter. Magnetkulorna tvättas två gånger med ny 80-procentig etanol. cDNA elueras med RSB.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - SPB – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - RSB – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
2. Bered ny 80-procentig etanol i ett 15 ml eller 50 ml koniskt rör.

Reagens	3 Prover	8 prover	16 prover	24 prover
100 % ren etanol	2 ml	4 ml	8 ml	12 ml
Vatten, fritt från RNas/DNas	500 µl	1 ml	2 ml	3 ml

3. Vortexblanda ny 80-procentig etanol.
4. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med BIND1 (cDNA-bindning).
5. Täck och ställ undan.
6. Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

1. Avlägsna PCR-plattan CF från termocyklern.
2. Vortexblanda SPB i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
3. Tillsätt omedelbart 90 µl SPB i varje provbrunn på MIDI-plattan BIND1.
Om du använder ett tråg för att dispensera SPB ska du inkludera en överskottsfaktor på 1,05 för att alikvotera tillräckligt med material per prov. Kassera eventuellt kvarvarande material när SPB har tillsatts i varje provbrunn.
4. Överför hela volymen (50 µl) av varje prov från PCR-plattan CF till motsvarande brunnar på MIDI-plattan BIND1.
5. Kassera den tomma PCR-plattan CF.
6. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BIND1.
Försegla kanter och brunnar helt.
7. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
8. Inkubera i rumstemperatur i fem minuter.
9. Placera MIDI-plattan BIND1 på ett magnetiskt stativ i fem minuter.
10. Använd en P200-pipett inställd på 200 µl för att avlägsna och kassera all supernatant från varje provbrunn utan att rubba pelleten.

Tvättning

1. Tvätta magnetkulorna enligt följande.
 - a. Låt plattan stå kvar på det magnetiska stativet och tillsätt 200 µl ny 80-procentig etanol i varje brunn.
 - b. Vänta i 30 sekunder.
 - c. Avlägsna och kassera all supernatant från varje brunn.
2. Tvätta magnetkulorna en **andra** gång.
3. Avlägsna etanolrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.
4. Kassera den 80-procentiga etanol som inte har använts.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan BIND1 från det magnetiska stativet.
2. Blanda genom att vända på eller vortexblanda RSB.
3. Tillsätt 22 µl RSB i varje provbrunn.
4. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BIND1.
Försegla kanter och brunnar helt.

5. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
6. Inkubera i rumstemperatur i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med PCF (renade cDNA-fragment).
Om du stannar vid [SÄKER STOPPUNKT på sidan 49](#) ska du använda en PCR-platta.
9. Överför 20 µl eluat från varje provbrunn på MIDI-plattan BIND1 till motsvarande brunnar på PCF-plattan.
10. Kassera den tomma MIDI-plattan BIND1.
11. Tillsätt 30 µl RSB i varje provbrunn på PCF-plattan.
12. Blanda genom att pipettera tio gånger.
13. Applicera självhäftande plattförsegling på PCF-plattan och förvara den på is.
14. Ställ tillbaka EPH3, FSM, RVT och SSM på förvaringsplatsen.
15. Om du endast bearbetar prover från RNA (cDNA) och inte stannar vid den säkra stoppunkten ska du fortsätta till [Utföra End Repair och A-Tailing på sidan 52](#).

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du centrifugera PCR-plattan PCF vid 280 × g i en minut och förvara den vid –25 °C till –15 °C i upp till sju dagar.

Beredning för protokollsteg

1. Ta fram DNA-kontroller från förvaringen.
2. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 14 TruSight Oncology Comp Library Prep (Refrigerate) (artikelnr 20031119)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
TEB	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Fragmentera gDNA

Fragmentera gDNA

I den här processen fragmenteras gDNA och dsDNA-fragment med 3' eller 5' överhäng genereras.

Beredning

1. Följ rekommendationerna för kvantifiering av prover i [Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24](#).
2. Bered följande reagens.
 - TEB – blanda genom att vända eller vortexblanda.

Förfarande

Bereda plattan

1. Välj ett av följande tre alternativ för att bereda plattan.
 - **Alternativ 1:** Bearbeta gDNA-prover samtidigt som cDNA-prover på MIDI-plattan PCF.
 - a. Märk MIDI-plattan PCF med LP (bibliotekberedning).
 - b. Placera plattan på is och ställ undan den tills den ska användas i processen som beskrivs i avsnittet [Överföra fragmenterat DNA på sidan 51](#).
 - **Alternativ 2:** Bearbeta gDNA-prover samtidigt som cDNA-prover och PCR-plattan PCF är fryst.
 - a. Tina PCR-plattan PCF till rumstemperatur.
 - b. Centrifugera vid $280 \times g$ i en minut.
 - c. Pipettera tio gånger för att blanda.
 - d. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med LP (biblioteksberedning).
 - e. Överför hela volymen på 50 µl av varje prov från PCR-plattan PCF till motsvarande brunnar på MIDI-plattan LP.
 - f. Kassera PCR-plattan PCF.
 - g. Applicera självhäftande plattförsegling och placera på is fram tills du når avsnittet [Överföra fragmenterat DNA på sidan 51](#).
 - **Alternativ 3:** Bearbeta endast gDNA-prover.
 - a. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med LP (biblioteksberedning).
 - b. Om du stannar vid [SÄKER STOPPUNKT på sidan 51](#) ska du använda en PCR-platta.
 - c. Täck plattan och ställ undan tills den ska användas i processen som beskrivs i avsnittet [Överföra fragmenterat DNA på sidan 51](#).

Späda ut gDNA

1. Tina gDNA-prover och DNA-kontroller i rumstemperatur.
Bearbeta DNA-kontroller som prover för resten av protokollet.
2. Pipettera varje gDNA-prov tio gånger för att blanda.
3. Centrifugera röret kort för att samla in droppar.
4. Blanda genom att vända på eller vortexblanda TEB.
5. Använd TEB för att bereda varje gDNA-prov i en slutlig volym på 52 µl (0,77 ng/µl). Se följande tabell för mängder och lägsta koncentrationer baserat på provtyp. Analysen kräver en lägsta extraktionskoncentration för att tillåta att volymen på 52 µl utgörs av minst 40 µl TEB. För DNA-kontroller ska du använda den koncentration som är angiven på rörets märkning. Pipettera inte mindre än 2 µl prov i den här spädningen för att undvika att prover går förlorade.

Provtyp	Mängd (ng)	Lägsta koncentration (ng/μl)
FFPE	40	3,33

Fragmentera

1. Tillsätt 52 μl av varje gDNA-prov i en separat brunn för ultrasonikatorröret.



FÖRSIKTIGHET!

Tillsätt gDNA i röret långsamt och kontrollera att det inte förekommer några bubblor i röret eller några luftfickor längst ner i röret. Mer information finns i avsnittet [Analys på sidan 26](#) och i tillverkarens anvisningar.

2. Registrera remsans riktning.
3. Fragmentera gDNA till fragment med en sonikator.

Överföra fragmenterat DNA

1. Säkerställ att provplattans layout och index för varje prov matchar körningen du väljer för analys med analysmodulen TSO Comprehensive (EU).
2. Följ ultrasonikortillverkarens anvisningar för att återställa provet.
Centrifugering kan behövas för att slå samman provet i vissa typer av ultrasonikatorrör.
3. För varje fragmenterat gDNA-prov ska du använda en p20-pipett med smal spets för att göra tre överföringar på 16,7 μl till en tom brunn på MIDI-plattan LP.
4. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP.

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du applicera den självhäftande plattförseglingen på PCR-plattan LP och centrifugera vid 280 × g i en minut. Förvara vid –25 °C till –15 °C i upp till sju dagar.

Beredning för protokollsteg

Kontrollera att termocyklerprogrammen för post-amplifiering är konfigurerade. Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).

1. Förbered en ishink.
2. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 15 TruSight Oncology Comp Library Prep (Freeze) Box (artikelnr 20031118)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
ERA1-A	–25 °C till –15 °C	Förvara på is.	Utföra End Repair och A-Tailing
ERA1-B	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Utföra End Repair och A-Tailing

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
ALB1	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Ligera adaptrar
LIG3	-25 °C till -15 °C	Förvara på is.	Ligera adaptrar
SUA1 (blått lock)	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Ligera adaptrar
UMI (vitt lock)	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Ligera adaptrar
STL	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Ligera adaptrar
EPM	-25 °C till -15 °C	Förvara på is.	Index PCR

Tabell 16 TruSight Oncology Comp Library Prep (Refrigerate) Box (artikelnr 20031119)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
SPB (ljusgrön märkning)	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur i 30 minuter.	Rena efter ligering
RSB	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Rena efter ligering

Tabell 17 TruSight Oncology Comp UP Index Primers Box (artikelnr 20031120)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
UPxx	-25 °C till -15 °C	Tina lämpliga indexprimerrör till rumstemperatur.	Index PCR

Tabell 18 TruSight Oncology Comp CP Index Primers Box (artikelnr 20031126)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
CPxx	-25 °C till -15 °C	Tina lämpliga indexprimerrör till rumstemperatur.	Index PCR

Utföra End Repair och A-Tailing

I den här processen repareras överhängen som uppstår vid fragmentering till ändar med överhängande A-svans med hjälp av en End Repair A-Tailing-masterblandning (ERA1).

3'-till-5'-exonukleasaktiviteten i den här blandningen avlägsnar 3'-överhängen och 5'-till-3'-polymerasaktiviteten fyller i 5'-överhängen. 3'-ändarna får A-svansar under den här reaktionen för att förhindra att de ligerar till varandra under adapterligeringsreaktionen.

Beredning

1. Förvärm två mikroprovsinkubatorer med MIDI-insatser för värmeblock enligt följande.
 - Förvärm en mikroprovsinkubator till 30 °C.
 - Förvärm en mikroprovsinkubator till 72 °C.

2. Bered följande reagens.
 - ERA1-A – centrifugera kort och pipettera därefter för att blanda. Förvara på is.
 - ERA1-B – vortexblanda och centrifugera sedan kort. Kontrollera om det förekommer precipitat. Om precipitat förekommer ska du värma röret till 37 °C och därefter pipettera för att blanda tills precipitatet har löst upp sig.

3. Bered ERA1-masterblandning i ett mikrocentrifugrör.

Tabell 19 ERA1-masterblandning

Masterblandnings-komponent	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
ERA1-B	26 µl	69 µl	138 µl	207 µl	415 µl
ERA1-A	10 µl	27 µl	54 µl	81 µl	161 µl

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30](#).

4. Pipettera långsamt tio gånger för att blanda, centrifugera kort och placera därefter ERA1-masterblandningen på is.
5. Välj det lämpligaste av följande två alternativ för att bereda plattan.
 - **Alternativ 1:** Om proven finns på en MIDI-platta.
 - a. Märk om MIDI-plattan med LP2 (biblioteksberedning 2).
 Om vissa prover finns på olika MIDI-plattor flyttar du alla prover till separata brunnar på samma MIDI-platta i enlighet med plattlayouten.
 - **Alternativ 2:** Om plattan är fryst.
 - a. Tina PCR-plattan PCF eller PCR-plattan LP till rumstemperatur.
 - b. Centrifugera plattan vid 280 × g i en minut.
 - c. Pipettera tio gånger för att blanda.
 - d. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med LP2 (biblioteksberedning 2).
 - e. Överför hela volymen på 50 µl av varje prov från PCR-plattan PCF eller PCR-plattan LP till motsvarande brunnar på MIDI-plattan LP2.
 - f. Kassera PCR-plattan PCF eller PCR-plattan LP.

Förfarande

1. Tillsätt 10 µl ERA1-masterblandning i varje provbrunn på MIDI-plattan LP2.
2. Kassera resterande ERA1-masterblandning.
3. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP2.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
4. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
5. Inkubera i den förvärmade mikroprovsinkubatorn vid 30 °C i 30 minuter.
6. Överför omedelbart till en andra förvärmad mikroprovsinkubator och inkubera vid 72 °C i 20 minuter.

7. Placera MIDI-plattan LP2 på is i fem minuter.

Ligera adaptrar

I den här processen ligeras adaptrar till ändarna av cDNA- och/eller gDNA-fragmenten.

TSO Comprehensive (EU)-analysen innefattar SUA1-adaptrar och UMI-adaptrar.

- Använd SUA1-adaptrar med RNA-prover.
- Använd UMI-adaptrar med DNA-prover.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - ALB1 – vortexblanda i minst 10 sekunder och centrifugera därefter kort.
 - LIG3 – centrifugera kort och pipettera därefter för att blanda. Förvara på is.
 - SUA1 – vortexblanda i minst 10 sekunder och centrifugera därefter kort.
 - UMI – vortexblanda i minst 10 sekunder och centrifugera därefter kort.
 - STL – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.

Förfarande

1. Avlägsna MIDI-plattan LP2 från isen.
2. Tillsätt 60 µl ALB1 i varje provbrunn på MIDI-plattan LP2 och var noga med att pipettera långsamt.
3. Tillsätt 5 µl LIG3 i varje provbrunn.
4. Tillsätt adaptrar.
Kombinera *inte* olika typer av adaptrar.
 - **RNA-provsbrunnar** – 10 µl SUA1 (blått lock) i varje prov från RNA.
 - **DNA-provsbrunnar** – 10 µl UMI (vitt lock) i varje prov från DNA.
5. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP2.
Försegla kanter och brunnar helt.
6. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
7. Inkubera i rumstemperatur i 30 minuter.
8. Vortexblanda STL och centrifugera sedan kort.
9. Tillsätt 5 µl STL i varje provbrunn på MIDI-plattan LP2.
10. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP2.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
11. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.

Rena efter ligering

I den här processen används SPB för att rena de adapterligerade cDNA- eller gDNA-fragmenten och oönskade produkter avlägsnas. Magnetkulorna tvättas två gånger med ny 80-procentig etanol. De adapterligerade proven elueras med RSB.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - SPB – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - RSB – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
2. Bered ny 80-procentig etanol i ett 15 ml eller 50 ml koniskt rör.

Reagens	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
100 % ren etanol	2 ml	4 ml	8 ml	12 ml	24 ml
Vatten, fritt från RNas/DNas	500 µl	1 ml	2 ml	3 ml	6 ml

3. Vortexblanda ny 80-procentig etanol.
4. Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

1. Vortexblanda SPB i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
2. Tillsätt omedelbart 112 µl SPB i varje provbrunn på MIDI-plattan LP2.
Om du använder ett tråg för att dispensera SPB ska du inkludera en överskottsfaktor på 1,05 för att alikvotera tillräckligt med material per prov. Kassera eventuellt kvarvarande material när SPB har tillsatts i varje provbrunn.
3. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP2.
Försegla kanter och brunnar helt.
4. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
5. Inkubera i rumstemperatur i fem minuter.
6. Placera MIDI-plattan LP2 på det magnetiska stativet i tio minuter.
7. Använd en P200-pipett inställd på 200 µl för att avlägsna och kassera all supernatant från varje provbrunn utan att rubba pelleten.

Tvättning

1. Tvätta magnetkulorna enligt följande.
 - a. Låt plattan stå kvar på det magnetiska stativet och tillsätt 200 µl ny 80-procentig etanol i varje provbrunn.
 - b. Vänta i 30 sekunder.
 - c. Avlägsna och kassera all supernatant från varje brunn utan att rubba pelleten.
2. Tvätta magnetkulorna en **andra** gång.
3. Avlägsna etanolrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.
4. Kassera den 80-procentiga etanol som inte har använts.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan LP2 från det magnetiska stativet.
2. Blanda genom att vända på eller vortexblanda RSB.
3. Tillsätt 27,5 µl RSB i varje provbrunn.
4. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan LP2.
Försegla kanter och brunnar helt.
5. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
6. Inkubera i rumstemperatur i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med LS (biblioteksprov).
9. Överför 25 µl av varje eluat från MIDI-plattan LP2 till motsvarande brunnar på PCR-plattan LS.
10. Kassera den tomma MIDI-plattan LP2.

Index PCR

I det här steget amplifieras biblioteksfragment med hjälp av primrar som tillför indexsekvenser för provmultiplexering. Den resulterande produkten innehåller det fullständiga biblioteket med cDNA- och/eller DNA-fragment omgivna av adaptrar som krävs för klustergenerering.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - EPM – förvara på is.
 - UPxx – vortexblanda och centrifugera kort. UPxx är den indexprimer som är vald på skärmen Create Run (Skapa körning) i Local Run Manager under körningskonfigurationen.

- CPxx – vortexblanda och centrifugera kort. CPxx är den indexprimer som är vald på skärmen Create Run (Skapa körning) i Local Run Manager under körningskonfigurationen.
2. Kontrollera att indexen för varje prov överensstämmer med körningen som planerades i Local Run Manager under körningskonfigurationen. Följ anvisningarna om att välja index i avsnittet [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).



FÖRSIKTIGHET!

Bristande överensstämmelse mellan proven och indexprimrarna orsakar felaktig resultatrapportering på grund av förlust av positiv providentifikation.

Förfarande

1. Tillsätt 5 µl av den lämpliga indexprimern (UPxx eller CPxx) i motsvarande provbrunn på PCR-plattan LS enligt de valda indexen.



FÖRSIKTIGHET!

Hantera och öppna endast ett indexprimerrör åt gången. Sätt omedelbart tillbaka ett nytt lock på varje indexrör efter användning. Kombinera inte indexprimrar med varandra.

2. Vortexblanda EPM i fem sekunder och centrifugera därefter kort.
3. Tillsätt 20 µl EPM i varje provbrunn.
4. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan LS.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
5. Skaka vid 1 200 rpm i en minut.
6. Ställ tillbaka pre-amplifieringsreagensen på förvaringsplatsen.



FÖRSIKTIGHET!

Utför alla efterföljande steg i ett post-amplifieringsområde för att förhindra överföring av amplifieringsprodukt.

7. Centrifugera PCR-plattan LS vid 280 × g i en minut.
8. Placera den förprogrammerade termocyklern för post-amplifiering och kör I-PCR-programmet.
Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).

OBS! Om du fortsätter med [Starta den första hybridiseringen på sidan 58](#) ska du följa tiningsanvisningarna för reagens i avsnittet Beredning för protokollsteg.

9. Centrifugera PCR-plattan LS vid 280 × g i en minut efter att I-PCR-programmet har slutförts.
10. Märk om plattan med ALS (amplifierade biblioteksprover).

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du förvara PCR-plattan ALS vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.

Beredning för protokollsteg

1. Kontrollera att termocyklerprogrammen för post-amplifiering är konfigurerade. Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).
2. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 20 TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate) Box (artikelnr 20031123)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
TCB1	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Starta den första hybridiseringen

Tabell 21 TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze) Box (artikelnr 20031121)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
TCA1	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den första hybridiseringen

Tabell 22 TruSight Oncology Comp Content Set Box (artikelnr 20031122)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
OPR1 (rött lock)	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den första hybridiseringen
OPD2 (vitt lock)	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den första hybridiseringen

Starta den första hybridiseringen

Under den här processen hybridiseras en oligouppsättning till cDNA-bibliotek och en oligouppsättning hybridiseras till gDNA-bibliotek som beredd under steget [Index PCR på sidan 56](#). Anrikning av målregioner kräver två hybridiseringssteg. Vid den första hybridiseringen hybridiserades oligouppsättningen till cDNA- och/eller gDNA-bibliotek över natten (8–24 timmar).

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - TCB1 – värm röret vid 37 °C i fem minuter. Vortexblanda i 10 sekunder och centrifugera därefter kort.
 - TCA1 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.
 - OPR1 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.
 - OPD2 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.

- Om PCR-plattan ALS har förvarats ska du tina den till rumstemperatur och centrifugera vid 280 × g i en minut. Pipettera därefter för att blanda.
- Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med HYB1 (hybridisering 1).

Förfarande

- Överför 20 µl av varje cDNA- och/eller gDNA-bibliotek från PCR-plattan ALS till motsvarande brunnar på PCR-plattan HYB1.
- Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan ALS och ställ undan. Försegla kanter och brunnar helt.
- Kontrollera om det förekommer precipitat i TCB1. Om precipitat förekommer ska du värma röret igen och vortexblanda röret tills kristallerna har löst upp sig.
- Tillsätt 15 µl TCB1 i varje biblioteksbrunn på PCR-plattan HYB1.
- Tillsätt 10 µl TCA1 i varje biblioteksbrunn på PCR-plattan HYB1.
- Tillsätt prober.
Kombinera *inte* olika typer av prober. Tillsätt endast en probuppsättning per brunn.
 - RNA-biblioteksbrunnar – 5 µl OPR1 (rött lock) i varje bibliotek som härrör från RNA.
 - DNA TSO Comprehensive (EU)-biblioteksbrunnar – 5 µl OPD2 (vitt lock) i varje bibliotek som härrör från DNA för TSO Comprehensive (EU)-anrikning.
- Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan HYB1.



FÖRSIKTIGHET!

Se till att försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.

- Skaka vid 1 200 rpm i två minuter.
- Placera på termocyklern och kör HYB1-programmet.
Mer information finns i [Programmera termocykler på sidan 38](#).
- Hybridisera vid 57 °C i minst 8 timmar och högst 24 timmar.
- Ställ tillbaka hybridiseringsreagensen på förvaringsplatsen.
- Förvara PCR-plattan ALS vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.

Beredning för protokollsteg

- Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna i början av dag två.

Tabell 23 TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate) Box (artikelnr 20031123)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
SMB (mörkblå märkning)	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur i 30 minuter.	Fånga mål 1 Fånga mål 2

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
ET2	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Fånga mål 1 Fånga mål 2
HP3	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Fånga mål 1 Fånga mål 2 Normalisera bibliotek
TCB1	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Starta den andra hybridiseringen
RSB	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Fånga mål 2 Rena amplifierade anrikade bibliotek

Tabell 24 TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze) Box (artikelnr 20031121)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
EE2	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Fånga mål 1 Fånga mål 2 Normalisera bibliotek
EEW	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Fånga mål 1
TCA1	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den andra hybridiseringen

Tabell 25 Assay Content Set Box (artikelnr 20031122)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
OPR1 (rött lock)	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den andra hybridiseringen
OPD2 (vitt lock)	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur.	Starta den andra hybridiseringen

Fånga mål 1

I det här steget används SMB för att fånga prober som är hybridiserade till målintresseområdet. Magnetkulorna tvättas med EEW tre gånger. De anrikade biblioteken elueras med ny EE2+HP3-elueringsblandning och neutraliseras med ET2.

Beredning

1. Förvärm en mikroprovsinkubator med en MIDI-insats för värmeblock till 57 °C.
2. Bered följande reagens.
 - EEW – vortexblanda i en minut.

- EE2 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - HP3 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - SMB – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - Använd **SMB** och inte SPB för det här förfarandet.
 - ET2 – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
3. Bered ny EE2+HP3-elueringsblandning i ett mikrocentrifugrör.

Tabell 26 EE2+HP3-elueringsblandning för steget Fånga mål 1

Komponent i elueringsblandning	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
EE2	85,5 µl	228 µl	456 µl	684 µl	1 368 µl
HP3	4,5 µl	12 µl	24 µl	36 µl	72 µl

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30](#).

4. Vortexblanda EE2+HP3-elueringsblandningen och centrifugera sedan kort. Ställ undan för steget [Eluering på sidan 62](#).
5. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med CAP1 (Fånga 1).
6. Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

1. Avlägsna PCR-plattan HYB1 från termocyklern.
2. Centrifugera PCR-plattan HYB1 vid 280 × g i en minut.
3. Vortexblanda SMB i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
4. Tillsätt omedelbart 150 µl SMB i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP1.
Om du använder ett tråg för att dispensera SMB ska du inkludera en överskottsfaktor på 1,15 för alikvotering av tillräckligt med material per prov. Kassera eventuellt kvarvarande material när SMB har tillsatts i varje provbrunn.
5. Ställ in pipetten på 50 µl och överför hela volymen av varje bibliotek från PCR-plattan HYB1 till motsvarande brunnar på MIDI-plattan CAP1.
6. Kassera den tomma PCR-plattan HYB1.
7. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP1.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
8. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
9. Inkubera i den förvärmade mikroprovsinkubatorn vid 57 °C i 25 minuter.
10. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.

11. Låt MIDI-plattan CAP1 vara kvar på det magnetiska stativet och använd en P200 µl-pipett inställd på 200 µl för att avlägsna och kassera all supernatant utan att rubba pelleten.



FÖRSIKTIGHET!

Fortsätt omedelbart till nästa steg ([Tvättning på sidan 62](#)). Låt inte pelleten ligga framme utan vätska under en längre tid.

Tvättning

1. Tvätta magnetkulorna enligt följande.
 - a. Avlägsna MIDI-plattan CAP1 från det magnetiska stativet.
 - b. Tillsätt 200 µl EEW i varje brunn.
 - c. Ställ in pipettvolymen på 150 µl och pipettera för att blanda minst tio gånger. Kontrollera att alla magnetkolor resuspenderas.



FÖRSIKTIGHET!

Kontrollera att inga pellets förekommer genom att försiktigt aspirera alla brunnars lösning med magnetkolor in i spetsen. Titta därefter efter en pellet i botten av varje brunn. Vinkla pipettspetsen mot pelleten under tvättningsstegen för att flytta på pelleten. Kontrollera att pelleten är helt omgiven av lösning. Lösningen ska vara mörkbrun och ha en homogen konsistens.

- d. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP1.
 - e. Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
 - f. Skaka vid 1 800 rpm i fyra minuter.
 - g. Inkubera i en mikroprovsinkubator vid 57 °C i fem minuter.
 - h. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
 - i. Låt plattan vara kvar på det magnetiska stativet och avlägsna och kassera all supernatant från varje brunn utan att rubba pelleten.
2. Tvätta magnetkulorna en **andra** gång.
 3. Tvätta magnetkulorna en **tredje** gång.
 4. Avlägsna supernatantrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan CAP1 från det magnetiska stativet.
2. Vortexblanda ny EE2+HP3-elueringsblandning och centrifugera sedan kort.
3. Tillsätt försiktigt 17 µl EE2+HP3-elueringsblandning i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP1.
4. Kassera resterande EE2+HP3-elueringsblandning.

5. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP1.
Försegla kanter och brunnar helt.
6. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med ELU1 (eluering 1).
9. Vortexblanda ET2 och centrifugera sedan kort.
10. Tillsätt 5 µl ET2 i varje motsvarande biblioteksbrunn på den nya PCR-plattan ELU1.
11. Överför försiktigt 15 µl eluat från varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP1 till motsvarande brunnar på PCR-plattan ELU1.
12. Kassera den tomma MIDI-plattan CAP1.
13. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan ELU1.
14. Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
15. Skaka vid 1 200 rpm i två minuter.
16. Ställ tillbaka EEW på förvaringsplatsen.

Starta den andra hybridiseringen

I det här steget binds målregioner i anrikade cDNA- och/eller gDNA-bibliotek med fångade prober en andra gång. Den andra hybridiseringen säkerställer hög specificitet för de fångade regionerna. Säkerställ optimal biblioteksanrikning genom att utföra det andra hybridiseringssteget vid 57 °C i minst en och en halv timme och högst fyra timmar.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - TCB1 – värm röret vid 37 °C i fem minuter. Vortexblanda i 10 sekunder och centrifugera därefter kort.
 - TCA1 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.
 - OPR1 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.
 - OPD2 – vortexblanda och centrifugera därefter kort.

Förfarande

1. Kontrollera om det förekommer precipitat i TCB1. Om precipitat förekommer ska du värma röret igen och vortexblanda tills kristallerna har löst upp sig.
2. Tillsätt 15 µl TCB1 i varje biblioteksbrunn på PCR-plattan ELU1.
3. Tillsätt 10 µl TCA1 i varje biblioteksbrunn.

4. Tillsätt prover.
Kombinera *inte* olika typer av prover.
 - RNA-biblioteksbrunnar – 5 µl OPR1 (rött lock) i varje bibliotek som härrör från RNA.
 - DNA TSO Comprehensive (EU)-biblioteksbrunnar – 5 µl OPD2 (vitt lock) i varje bibliotek som härrör från DNA för TSO Comprehensive (EU)-anrikning.
5. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan ELU1.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
6. Skaka vid 1 200 rpm i två minuter.
7. Placera på en termocykler och kör HYB2-programmet.
[Se Programmera termocykler på sidan 38.](#)
8. Hybridisera vid 57 °C i minst en och en halv timme och högst fyra timmar.
9. Ställ tillbaka hybridiseringsreagensen på förvaringsplatsen.

Fånga mål 2

I det här steget används SMB för att fånga prover som är hybridiserade till målintresseområdet. Magnetkulorna tvättas med RSB en gång. De anrikade biblioteken elueras med ny EE2+HP3-elueringsblandning och neutraliseras med ET2.

Beredning

1. Förvärm en mikroprovsinkubator med MIDI-insats för värmeblock till 57 °C.
2. Bered följande reagens.
 - EE2 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - HP3 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - SMB – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - Använd **SMB** och inte SPB för det här förfarandet.
 - RSB – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
 - ET2 – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
3. Bered ny EE2+HP3-elueringsblandning i ett mikrocentrifugrör.

Tabell 27 EE2+HP3-elueringsblandning för steget Fånga mål 2

Komponent i elueringsblandning	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
EE2	85,5 µl	228 µl	456 µl	684 µl	1 368 µl
HP3	4,5 µl	12 µl	24 µl	36 µl	72 µl

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30.](#)

4. Vortexblanda och centrifugera sedan kort. Ställ undan för steget [Eluering på sidan 66.](#)

5. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med CAP2 (Fånga 2).
6. Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

1. Avlägsna PCR-plattan ELU1 från termocyklern.
2. Centrifugera PCR-plattan ELU1 vid $280 \times g$ i en minut.
3. Vortexblanda SMB i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
4. Tillsätt omedelbart 150 µl SMB i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP2.
Om du använder ett tråg för att dispensera SMB ska du inkludera en överskottsfaktor på 1,15 för alikvotering av tillräckligt med material per prov. Kassera eventuellt kvarvarande material när SMB har tillsatts i varje provbrunn.
5. Ställ in pipetten på 50 µl och överför hela volymen av varje bibliotek från PCR-plattan ELU1 till motsvarande brunnar på MIDI-plattan CAP2.
6. Kassera den tomma PCR-plattan ELU1.
7. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP2.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
8. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
9. Inkubera i en mikroprovsinkubator vid 57 °C i 25 minuter.

OBS! Om du fortsätter med [Amplifiera anrikat bibliotek på sidan 67](#) ska du följa tiningsanvisningarna för reagens i avsnittet Beredning för protokollsteg.

10. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
11. Låt MIDI-plattan CAP2 vara kvar på det magnetiska stativet och använd en P200-pipett inställd på 200 µl för att avlägsna och kassera all supernatant från varje biblioteksbrunn utan att rubba pelleten.



FÖRSIKTIGHET!

Fortsätt omedelbart till nästa steg ([Tvättning på sidan 65](#)). Låt inte pelleten ligga framme utan vätska under en längre tid.

Tvättning

1. Avlägsna MIDI-plattan CAP2 från det magnetiska stativet.
2. Blanda genom att vända på eller vortexblanda RSB.
3. Tillsätt 200 µl RSB i varje brunn.

4. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP2.
Försegla kanter och brunnar helt.
5. Skaka vid 1 800 rpm i fyra minuter.
6. Placera på det magnetiska stativet i två minuter.
7. Låt MIDI-plattan CAP2 vara kvar på det magnetiska stativet och avlägsna och kassera all supernatant utan att rubba pelleten.
8. Avlägsna supernatantrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan CAP2 från det magnetiska stativet.
2. Vortexblanda ny EE2+HP3-elueringsblandning och centrifugera sedan kort.
3. Tillsätt 22 µl EE2+HP3-elueringsblandning i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP2.
4. Kassera resterande EE2+HP3-elueringsblandning.
5. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan CAP2.
Försegla kanter och brunnar helt.
6. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med ELU2 (Eluering 2).
9. Vortexblanda ET2 och centrifugera sedan kort.
10. Tillsätt 5 µl ET2 i varje motsvarande biblioteksbrunn på den nya PCR-plattan ELU2.
11. Överför försiktigt 20 µl eluat från varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan CAP2 till motsvarande brunnar på PCR-plattan ELU2.
12. Kassera den tomma MIDI-plattan CAP2.
13. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan ELU2.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
14. Skaka vid 1 200 rpm i två minuter.
15. Ställ tillbaka SMB, EE2, HP3 och ET2 på förvaringsplatsen.

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du centrifugera PCR-plattan ELU2 vid $280 \times g$ i en minut och förvara den vid -25 °C till -15 °C i upp till sju dagar. Ställ tillbaka RSB på förvaringsplatsen.

Beredning för protokollsteg

1. Förbered en ishink.
2. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 28 TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze) Box (artikelnr 20031121)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
PPC3	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Amplifiera anrikat bibliotek
EPM	-25 °C till -15 °C	Förvara på is.	Amplifiera anrikat bibliotek

Tabell 29 TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate) Box (artikelnr 20031123)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
SPB (ljusgrön märkning)	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur i 30 minuter.	Rena amplifierade anrikade bibliotek
RSB	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Rena amplifierade anrikade bibliotek Beredning för sekvensering

Amplifiera anrikat bibliotek

I det här steget används primrar för att amplifiera anrikade bibliotek.

Beredning

- Om ELU2-plattan har förvarats ska du tina den till rumstemperatur och därefter centrifugera vid 280 × g i en minut.

Förfarande

- Vortexblanda PPC3 och centrifugera därefter kort.
- Tillsätt 5 µl PPC3 i varje biblioteksbrunn på PCR-plattan ELU2.
- Vortexblanda EPM i fem sekunder och centrifugera därefter kort.
- Tillsätt 20 µl EPM i varje biblioteksbrunn.
- Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan ELU2.
Försegla kanter och brunnar helt för att förhindra avdunstning.
- Skaka vid 1 200 rpm i två minuter.
- Placera på en termocykler och kör EL-PCR-programmet.
Se [Programmera termocykler på sidan 38](#).

Obs! Om du fortsätter med [Normalisera bibliotek på sidan 70](#) ska du följa tiningsanvisningarna i avsnittet Beredning för protokollsteg.

- Ställ tillbaka PPC3 och EPM på förvaringsplatsen.

Rena amplifierade anrikade bibliotek

I det här steget används SPB för att rena de anrikade biblioteken från oönskade reaktionskomponenter. Magnetkulorna tvättas två gånger med ny 80-procentig etanol. Biblioteken elueras med RSB.

Beredning

1. Bered följande reagens.
 - SPB – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - Använd **SPB** och inte **SMB** för det här förfarandet.
 - RSB – ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
2. Bered ny 80-procentig etanol i ett 15 ml eller 50 ml koniskt rör.

Bild 4 Bered ny 80-procentig etanol

Reagens (ml)	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
100 % ren etanol	2	4	8	12	24
Vatten, fritt från RNas/DNas	0,5	1	2	3	6

3. Vortexblanda ny 80-procentig etanol.
4. Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med BIND2 (reningsbindning).
5. Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

1. Avlägsna PCR-plattan ELU2 från termocyklern.
2. Centrifugera PCR-plattan ELU2 vid 280 × g i en minut.
3. Vortexblanda SPB i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
4. Tillsätt omedelbart 110 µl SPB i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan BIND2.
5. Överför 50 µl av varje bibliotek från PCR-plattan ELU2 till motsvarande brunnar på MIDI-plattan BIND2.
6. Kassera den tomma PCR-plattan ELU2.
7. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BIND2.
Försegla kanter och brunnar helt.
8. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
9. Inkubera i rumstemperatur i fem minuter.
10. Placera plattan på ett magnetiskt stativ i fem minuter.

11. Använd en P200-pipett inställd på 200 µl för att avlägsna och kassera *all* supernatant från varje biblioteksbrunn utan att rubba pelleten.

Tvättning

1. Tvätta magnetkulorna enligt följande.
 - a. Låt plattan stå kvar på det magnetiska stativet och tillsätt 200 µl ny 80-procentig etanol i varje brunn.
 - b. Vänta i 30 sekunder.
 - c. Avlägsna och kassera all supernatant från varje provbrunn utan att rubba pelleten.
2. Tvätta magnetkulorna en *andra* gång.
3. Avlägsna etanolrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.
4. Kassera den 80-procentiga etanol som inte har använts.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan BIND2 från det magnetiska stativet.
2. Blanda genom att vända på eller vortexblanda RSB.
3. Tillsätt 32 µl RSB i varje biblioteksbrunn.
4. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BIND2.
Försegla kanter och brunnar helt.
5. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
6. Inkubera i rumstemperatur i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med PL (Renade bibliotek).
9. Överför 30 µl av varje eluat från MIDI-plattan BIND2 till motsvarande brunnar på PCR-plattan PL.
10. Kassera den tomma MIDI-plattan BIND2.
11. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan PL.
12. Ställ tillbaka SPB på förvaringsplatsen.

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du centrifugera PCR-plattan PL vid $280 \times g$ i en minut och förvara den vid $-25\text{ }^{\circ}\text{C}$ till $-15\text{ }^{\circ}\text{C}$ i upp till 30 dagar. Ställ tillbaka RSB på förvaringsplatsen.

Beredning för protokollsteg

1. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 30 TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze) Box (artikelnr 20031121)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
LNA1	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Normalisera bibliotek
EE2	-25 °C till -15 °C	Tina till rumstemperatur.	Normalisera bibliotek

Tabell 31 TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate) Box (artikelnr 20031123)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
LNB1	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur i 30 minuter.	Normalisera bibliotek
HP3	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Normalisera bibliotek Beredning för sekvensering
LNW1	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Normalisera bibliotek
LNS1	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Normalisera bibliotek

- Om du fortsätter med [Beredning för sekvensering på sidan 73](#) samma dag ska du följa tiningsanvisningarna i avsnittet Beredning för protokollsteg.

Normalisera bibliotek

I den här processen används LNB1 och tillsatser (LNA1) för att normalisera antalet i varje bibliotek för att säkerställa en enhetlig biblioteksrepresentation i uppsättningsbiblioteken. Magnetkulorna tvättas med LNW1 två gånger. Biblioteken elueras med ny EE2+HP3-elueringsblandning och neutraliseras med LNS1.

Beredning

- Bered följande reagens.
 - LNB1 – kontrollera att magnetkulorna förvaras i rumstemperatur i 30 minuter.
 - LNA1 – vortexblanda.
 - EE2 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - HP3 – vortexblanda och centrifugera sedan kort.
 - LNW1 – vortexblanda. Ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
 - LNS1 – vortexblanda. Ställ undan tills den ska användas i förfarandet.
- Vortexblanda LNB1 i en minut för att resuspendera magnetkulorna.
Vänd LNB1-röret för att kontrollera att alla magnetkuler är resuspenderade.
- Använd en P1000-pipett inställd på 800 µl och pipettera LNB1 upp och ner tio gånger för att säkerställa återsuspension.

- Bered omedelbart ny LNA1+LNB1-masterblandning i ett koniskt rör.



FÖRSIKTIGHET!

Resuspendera LNB1-pelleten helt längst ner i röret för att förhindra inkonsekvent klusterdensitet.

Tabell 32 LNA1+LNB1-masterblandning

Masterblandnings-komponent	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
LNA1	229 µl	610 µl	1 219 µl	1 829 µl	3 658 µl
LNB1	41 µl	110 µl	221 µl	331 µl	662 µl

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30](#).

- Vortexblanda LNA1+LNB1-masterblandningen. Ställ undan för steget [Bindning på sidan 71](#).
- Bered ny EE2+HP3-elueringsblandning i ett mikrocentrifugrör.

Tabell 33 EE2+HP3-elueringsblandning för normaliserade bibliotek

Komponent i elueringsblandning	3 bibliotek	8 bibliotek	16 bibliotek	24 bibliotek	48 bibliotek
EE2	114 µl	304 µl	608 µl	912 µl	1 824 µl
HP3	6 µl	16 µl	32 µl	48 µl	96 µl

Den här tabellen innefattar volymöverskott. Beräkningar finns i avsnittet [Hantera reagens på sidan 30](#).

- Vortexblanda ny elueringsblandning och centrifugera sedan kort. Ställ undan för steget [Eluering på sidan 72](#).
- Om PCR-plattan PL har förvarats ska du tina den till rumstemperatur, centrifugera vid 280 × g i en minut och därefter pipettera för att blanda.
- Märk en ny MIDI-platta med 96 brunnar med BBN (magnetkulebaserad normalisering).
- Ställ fram magneten.

Förfarande

Bindning

- Vortexblanda LNA1+LNB1-masterblandningen.
- Tillsätt omedelbart 45 µl LNA1+LNB1-masterblandning i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan BBN.
- Kassera resterande LNA1+LNB1-masterblandning.
- Tillsätt 20 µl av varje bibliotek från PCR-plattan PL till motsvarande brunnar på MIDI-plattan BBN.
- Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BBN.
Försegla kanter och brunnar helt.
- Skaka vid 1 800 rpm i 30 minuter.
- Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan PL och förvara igen.

8. Placera plattan på ett magnetiskt stativ i två minuter.
9. Låt plattan vara kvar på det magnetiska stativet och använd en P200-pipett för att avlägsna och kassera all supernatant från varje brunn utan att rubba pelleten.

Tvättning

1. Tvätta magnetkulorna enligt följande.
 - a. Avlägsna MIDI-plattan BBN från det magnetiska stativet.
 - b. Tillsätt 45 µl LNW1 i varje biblioteksbrunn.
 - c. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BBN.
 - d. Försegla kanter och brunnar helt.
 - e. Skaka vid 1 800 rpm i fem minuter.
 - f. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
 - g. Avlägsna och kassera all supernatant från varje brunn utan att rubba pelleten.
2. Tvätta magnetkulorna en *andra* gång.
3. Avlägsna supernatantrester från varje brunn.
Använd en P20-pipett med smal spets.

Eluering

1. Avlägsna MIDI-plattan BBN från det magnetiska stativet.
2. Vortexblanda ny EE2+HP3-elueringsblandning och centrifugera sedan kort.
3. Tillsätt 32 µl EE2+HP3-lösning i varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan BBN.
4. Kassera resterande elueringsblandning.
5. Applicera självhäftande plattförsegling på MIDI-plattan BBN.
Försegla kanter och brunnar helt.
6. Skaka vid 1 800 rpm i två minuter.
7. Placera på ett magnetiskt stativ i två minuter.
8. Märk en ny PCR-platta med 96 brunnar med NL (normaliserade bibliotek).
9. Överför försiktigt 30 µl eluat från varje biblioteksbrunn på MIDI-plattan BBN till motsvarande brunnar på PCR-plattan NL.



FÖRSIKTIGHET!

Om magnetkulorna aspireras in i pipettspetsarna ska du dispensera tillbaka magnetkulorna till plattan på det magnetiska stativet och vänta tills vätskan är transparent (cirka två minuter) innan du fortsätter till nästa steg av förfarandet.

10. Kassera den tomma MIDI-plattan BBN.
11. Vortexblanda LNS1.

12. Tillsätt 30 µl LNS1 varje biblioteksbrunn på den nya PCR-plattan NL.
13. Blanda genom att pipettera fem gånger.
14. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan NL.
Försegla kanter och brunnar helt.
15. Ställ tillbaka LNB1, LNA1, EE2, LNW1 och LNS1 på förvaringsplatsen.

SÄKER STOPPUNKT

Om du avbryter förfarandet ska du centrifugera PCR-plattan NL vid 280 × g i en minut och förvara den vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.

Beredning för protokollsteg

Inled beredningen av förbrukningsmaterial för sekvensering från NextSeq 550Dx High Output Reagent Kit v2.5 (300 cycles) (artikelnr 20028871) minst en timme innan användning.

1. Avlägsna biblioteksspädningsbufferten (HT1) från förvaringen i –25 °C till –15 °C, tina den till rumstemperatur och placera därefter på is.
2. Följ beredningsanvisningarna i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx-instrument (dokumentnr 1000000009513)* för andra förbrukningsmaterial i satsen.
 - NextSeq 550Dx High Output Reagent Cartridge v2 (300 cycles)
 - NextSeq 550Dx Buffer Cartridge v2 (300 cycles)
 - NextSeq 550Dx High Output Flow Cell Cartridge v2.5 (300 cycles)
3. Avlägsna reagensröret från förpackningen och följ tiningsanvisningarna.

Tabell 34 TruSight Oncology Comp Enrichment (Freeze) Box (artikelnr 20031121)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
PhiX Internal Control (PhiX)	–25 °C till –15 °C	Tina till rumstemperatur. Förvara på is.	Beredning för sekvensering

Tabell 35 TruSight Oncology Comp Enrichment (Refrigerate) Box (artikelnr 20031123)

Reagens	Förvaring	Tiningsanvisningar	Protokollsteg
HP3	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Beredning för sekvensering
RSB (rosa märkning)	2 °C till 8 °C	Förvara i rumstemperatur.	Beredning för sekvensering

Beredning för sekvensering

Beredning

1. Läs riktlinjerna i avsnittet [Antalet bibliotek och att välja index på sidan 32](#).

2. Märk ett mikrocentrifugrör med dHP3 (utspädd HP3).
3. Märk ett mikrocentrifugrör med dPhiX (utspädd PhiX).
4. Förvärm ett värmeblock till 96 °C för mikrocentrifugrör.
5. Förbered en ishink.

Späd och denaturera PhiX Control

1. Vortexblanda HP3 och centrifugera sedan kort.
2. Överför följande volymer till dHP3-mikrocentrifugröret.
 - 10 µl HP3
 - 190 µl RNas-/DNas-fritt vatten
3. Vortexblanda dHP3 och centrifugera sedan kort.
4. Blanda genom att vända på eller vortexblanda RSB.
5. Vortexblanda PhiX Control och centrifugera sedan kort.
6. Överför följande volymer till dPhiX-mikrocentrifugröret.
 - 8 µl RSB
 - 2 µl PhiX Control
7. Tillsätt 10 µl dHP3 i dPhiX-röret.
8. Kassera dHP3-röret.
9. Vortexblanda dPhiX-röret och centrifugera sedan kort.
10. Inkubera dPhiX i rumstemperatur i fem minuter för att denaturera.
11. Vortexblanda HT1.
12. Tillsätt omedelbart 980 µl förkyld HT1 i dPhiX.
13. Vortexblanda och centrifugera sedan kort.
14. Placera dPhiX på is tills den ska användas i beredningen för den andra spädningen.
Den slutliga koncentrationen är 20 pM dPhiX.
15. Ställ tillbaka PhiX, HP3 och RSB på förvaringsplatsen.

Poola och denaturera bibliotek för TSO Comprehensive (EU)

1. Om PCR-plattan NL har förvarats ska du tina den till rumstemperatur och därefter centrifugera plattan vid 280 × g i en minut.
2. Använd en pipett med flera kanaler inställd på 30 µl och pipettera försiktigt biblioteken på PCR-plattan NL fem gånger för att blanda.
Använd nya spetsar för varje bibliotek.



FÖRSIKTIGHET!

Var noga med att blanda biblioteken väl för optimala prestanda.

3. Välj ett av följande alternativ för att poola, denaturera och späda ut biblioteken.
 - **Alternativ 1:** Sekvensera bibliotek från RNA-prover och DNA-prover samtidigt. Se [Alternativ 1: DNA- och RNA-bibliotek tillsammans på sidan 75](#).
 - **Alternativ 2:** Sekvensera endast bibliotek från DNA-prover. Se [Alternativ 2: Endast DNA-bibliotek på sidan 76](#).
 - **Alternativ 3:** Sekvensera endast bibliotek från RNA-prover. Se [Alternativ 3: Endast RNA-bibliotek på sidan 77](#).

Alternativ 1: DNA- och RNA-bibliotek tillsammans

1. Märk ett mikrocentrifugrör med PRL (RNA-biblioteksuppsättning).
2. Märk ett mikrocentrifugrör med PDL (DNA-biblioteksuppsättning).
3. Överför 10 µl av varje normaliserat RNA-bibliotek (cDNA) från NL-plattan till PRL-röret.
Poola inte två bibliotek med samma indexprimer i samma uppsättning.
4. Överför 10 µl av varje normaliserat DNA-bibliotek från NL-plattan till PDL-röret.
Poola inte två bibliotek med samma indexprimer i samma uppsättning.
5. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan NL.
Försegla kanter och brunnar helt.
6. Vortexblanda varje PRL- och PDL-rör.
7. Centrifugera PRL- och PDL-rören kort.
8. Inkubera PRL- och PDL-rör på ett värmeblock vid 96 °C i två minuter.
9. Placera PRL och PDL på is i fem minuter.
10. Vortexblanda PRL- och PDL-rören och centrifugera sedan kort.
11. Placera PRL och PDL på is igen.

Beredning av första spädningen

1. Märk ett 1,7 ml mikrocentrifugrör med DIL1 (Spädning 1).
2. Överför 20 µl PDL till det tomma DIL1-röret.
3. Tillsätt 5 µl PRL till DIL1.
4. Kassera PDL- och PRL-rören.
5. Tillsätt 475 µl förkyld HT1 till DIL1-röret (1:20 spädning).
6. Vortexblanda DIL1-röret och centrifugera sedan kort.

Beredning av den andra spädningen

1. Märk ett 2,0 ml mikrocentrifugrör med DIL2 (Spädning 2).
2. Överför 40 µl DIL1 till det tomma DIL2-röret.

3. Kassera DIL1-röret.
4. Tillsätt 1 660 µl förkyld HT1 till DIL2-röret (1:850 spädning).
5. Vortexblanda beredd 20 pM dPhiX och centrifugera sedan kort.
6. Tillsätt 2,5 µl beredd 20 pM dPhiX till DIL2-röret.
7. Vortexblanda och centrifugera sedan kort.
8. För över 1 300 µl DIL2 till tinade NextSeq 550Dx High Output Reagent Cartridge v2 (300 cycles).
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.
9. Kassera DIL2-röret.
10. Centrifugera PCR-plattan NL vid 280 × g i en minut och förvara vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.
11. Fortsätt till sekvensering.
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.

Alternativ 2: Endast DNA-bibliotek

1. Märk ett mikrocentrifugrör med PDL (DNA-biblioteksuppsättning).
2. Överför 10 µl av varje normaliserat DNA-bibliotek från NL-plattan till PDL-röret.
Poola inte två bibliotek med samma indexprimer i samma uppsättning.
3. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan NL.
Försegla kanter och brunnar helt.
4. Vortexblanda PDL-röret.
5. Centrifugera PDL-röret kort.
6. Inkubera PDL-röret på ett värmeblock vid 96 °C i två minuter.
7. Placera PDL på is i fem minuter.
8. Vortexblanda PDL-röret och centrifugera sedan kort.
9. Placera PDL-röret på is igen.

Beredning av första spädningen

1. Märk ett 1,7 ml mikrocentrifugrör med DIL1 (Spädning 1).
2. Överför 10 µl PDL till det tomma DIL1-röret.
3. Kassera PDL-röret.
4. Tillsätt 190 µl förkyld HT1 till DIL1-röret (1:20 spädning).
5. Vortexblanda DIL1 och centrifugera sedan kort.

Beredning av den andra spädningen

1. Märk ett 2,0 ml mikrocentrifugrör med DIL2 (Spädning 2).
2. Överför 40 µl DIL1 till det tomma DIL2-röret.

3. Kassera DIL1-röret.
4. Tillsätt 1 660 µl förkyld HT1 till DIL2-röret (1:850 spädning).
5. Vortexblanda beredd 20 pM dPhiX och centrifugera sedan kort.
6. Tillsätt 2,5 µl beredd 20 pM dPhiX till DIL2-röret.
7. Vortexblanda och centrifugera sedan kort.
8. För över 1 300 µl DIL2 till tinade NextSeq 550Dx High Output Reagent Cartridge v2 (300 cycles).
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.
9. Kassera DIL2-röret.
10. Centrifugera PCR-plattan NL vid $280 \times g$ i en minut och förvara därefter vid $-25\text{ }^{\circ}\text{C}$ till $-15\text{ }^{\circ}\text{C}$ i upp till 30 dagar.
11. Fortsätt till sekvensering.
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.

Alternativ 3: Endast RNA-bibliotek

1. Märk ett mikrocentrifugrör med PRL (RNA-biblioteksuppsättning).
2. Överför 10 µl av varje normaliserat RNA-bibliotek (cDNA) från NL-plattan till PRL-röret.
Poola inte två bibliotek med samma indexprimer i samma uppsättning.
3. Applicera självhäftande plattförsegling på PCR-plattan NL.
Försegla kanter och brunnar helt.
4. Vortexblanda PRL-röret.
5. Centrifugera PRL-röret kort.
6. Inkubera PRL-röret på ett värmeblock vid $96\text{ }^{\circ}\text{C}$ i två minuter.
7. Placera PRL på is i fem minuter.
8. Vortexblanda PRL-röret och centrifugera sedan kort.
9. Placera PRL-röret på is igen.

Beredning av första spädningen

1. Märk ett 1,7 ml mikrocentrifugrör med DIL1 (Spädning 1).
2. Överför 10 µl PRL till det tomma DIL1-röret.
3. Kassera PRL-röret.
4. Tillsätt 190 µl förkyld HT1 till DIL1-röret (1:20 spädning).
5. Vortexblanda DIL1 och centrifugera sedan kort.

Beredning av den andra spädningen

1. Märk ett 2,0 ml mikrocentrifugrör med DIL2 (Spädning 2).

2. Överför 40 µl DIL1 till det tomma DIL2-röret.
3. Kassera DIL1-röret.
4. Tillsätt 1 646 µl förkyld HT1 till DIL2-röret (1:843 spädning).
5. Vortexblanda beredd 20 pM dPhiX och centrifugera sedan kort.
6. Tillsätt 16,7 µl beredd 20 pM dPhiX till DIL2-röret.
7. Vortexblanda och centrifugera sedan kort.
8. För över 1 300 µl DIL2 till tinade NextSeq 550Dx High Output Reagent Cartridge v2 (300 cycles).
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.
9. Kassera DIL2-röret.
10. Centrifugera PCR-plattan NL vid 280 × g i en minut och förvara vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.
11. Fortsätt till sekvensering.
Mer information finns i *Referenshandbok för NextSeq 550Dx instrument (dokumentnr 1000000009513)*.

Tolkning av resultat

Sekvenseringsresultaten från TSO Comprehensive (EU)-analysen rapporteras för varje individuellt prov i en PDF-rapport och en JSON-rapport. En rapport om lågt djup (`LowDepthReport.tsv`) genereras även på provnivå. På körningsnivå genereras följande utdatafiler:

- `ControlOutput.tsv`
- `MetricsOutput.tsv`

Endast varianter som blir godkända i kvalitetskontrollen visas i PDF- och JSON-rapporterna.

Detaljerad analysinformation finns i *Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module Workflow Guide (Arbetsflödeshandbok för Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module) (dokumentnr 200008661)*.

Resultat från produkter för behandlingsvägledande diagnostik

Det finns tre möjliga resultat för den avsedda användningen för varje produkt för behandlingsvägledande diagnostik (CDx):

- **Positive** (Positiv) – en variant identifieras och klassificeras som nivå 1 (CDx).
- **Not detected** (Identifierades inte) – inga varianter eller biomarkörer som är associerade med den CDx-avsedda användningen identifierades i provet. Tumörtypen som är vald för provet är lämplig för CDx.
- **No result** (Inget resultat) – det går inte att fastställa en variantstatus av en eller flera av följande anledningar:
 - Den CDx-avsedda användningen var inte tillämplig för det testade provet eftersom den tumörtyp som har valts för provet inte är lämplig för CDx-tumörtypen.

- Sekvenseringskörningen blev inte godkänd i kvalitetskontrollen.
- Biblioteket blev inte godkänt enligt erforderliga kvalitetskontrollspecifikationer.
- Lämplig nukleinsyra kördes inte.

Alla resultat från den CDx-avsedda användningen rapporteras i avsnittet Companion Diagnostic Results (Resultat från produkt för behandlingsvägledande diagnostik) i JSON-rapporten. Endast avsedda användningar med ett positivt resultat listas i avsnittet Companion Diagnostic Results (Resultat från produkt för behandlingsvägledande diagnostik) i PDF-rapporten.

Tumörprofileringsvarianter

TSO Comprehensive (EU) är utformad för att rapportera somatiska varianter vid rapportering av varianter med evidens för klinisk signifikans eller varianter med potentiell klinisk signifikans. TSO Comprehensive (EU)-analysprogrammet använder en kunskapsbas som fastställer om varje detekterad och kvalificerad variant ([Tabell 2](#)) är kliniskt signifikant eller potentiellt kliniskt signifikant baserat på evidens för terapeutiska, diagnostiska eller prognostiska associationer. Kunskapsbasen tar även hänsyn till om associationer är fastställda (eller inte) i den testade tumörtypen. Känslighets- eller cancerrisksassociationer inkluderas inte i kunskapsbasen. Gemensamma polymorfismer tas bort.

För tumörprofileringsvarianter klassificeras positiva resultat som Genomic Findings with Evidence of Clinical Significance (Genomiska resultat med evidens för klinisk signifikans) eller Genomic Findings with Potential Clinical Significance (Genomiska resultat med potentiell klinisk signifikans) enligt den installerade kunskapsbasen och den identifierade tumörtypen.

Kvalitetskontrollfel leder till att inga resultat rapporteras för de varianttyper som är relevanta för måttet för den misslyckade kvalitetskontrollen. Mer information finns i [Kvalitetskontrollmått för TSO Comprehensive \(EU\)-resultatrapporten på sidan 80](#) och [Kontrollmått för TSO Comprehensive \(EU\)-resultatrapporten på sidan 84](#). Tumörprofileringspositioner med otillräckligt djup listas i Low Depth Report (Rapport om lågt djup) och inte i TSO Comprehensive (EU)-rapporten.

Kvalitetskontroll

- Mer information om nukleinsyrekvantifiering och minimikrav på material finns i avsnittet [Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24](#).
- Sekvenseringskörning och provvaliditet fastställs automatiskt och rapporteras av analysmodulen TSO Comprehensive (EU). Programvaran skapar en `MetricsOutput.tsv`-fil (med resultat för körningar, DNA-bibliotek och RNA-bibliotek) och en `ControlOutput.tsv`-fil (med kontrollresultat) där följande mått och specifikationer rapporteras:

Tabell 36 Kvalitetskontrollmått för TSO Comprehensive (EU)-resultatrapporten

Utdatatyp	Mått	Specifi- kation	Beskrivning	Påverkan av specifikationsfel*
Sekvenserings- körning	PCT_PF_READS (%) (PROCENT GODKÄNDA AVLÄSNINGAR (%))	≥ 80,0	Procentandel avläsningar som passerar filtret (PF).	Sekvenserings- körningen ogiltigförklaras, inga resultat rapporteras för något prov i körningen.
	PCT_Q30_R1 (%) (PROCENT ≥ Q30 I AVLÄSNING 1 (%))	≥ 80,0	Genomsnittlig procentandel basbestämningar med ett kvalitetsresultat på minst Q30 för Read 1 (Avläsning 1).	
	PCT_Q30_R2 (%) (PROCENT ≥ Q30 I AVLÄSNING 2 (%))	≥ 80 %	Genomsnittlig procentandel basbestämningar med ett kvalitetsresultat på minst Q30 för Read 2 (Avläsning 2).	

Utdatatyp	Mått	Specifikation	Beskrivning	Påverkan av specifikationsfel*
DNA-bibliotek	CONTAMINATION_SCORE (KONTAMINERINGS-RESULTAT)	$\leq 3\ 106$ ELLER $> 3\ 106$ och P-VÄRDE $\leq 0,049$	Ett mått för att utvärdera sannolikheten för kontaminering genom att använda VAF för vanliga varianter. Kontaminering-resultatet baseras på VAF-fördelningen av SNP:er. P-värdet för kontaminering används för att bedöma mycket omstrukturerade genom och gäller endast när kontamineringsresultatet överskrider Upper Spec Limit (Övre specifikationsgräns).	Inga DNA-resultat rapporteras.
	MEDIAN_INSERT_SIZE (bp) (MEDIAN-FRAGMENTLÄNGD (baspar))	≥ 70	Medianvärdet för fragmentlängd i provet.	Inga resultat för TMB eller små DNA-varianter rapporteras.
	MEDIAN_EXON_COVERAGE (count) (MEDIAN-EXONTÄCKNING (antal))	≥ 150	Täckning av medianexonfragment för alla exonbaser.	
	PCT_EXON_50X (%) (PROCENT EXONBASER 50X TÄCKNING (%))	$\geq 90,0$	Procentandel exonbaser med 50x fragmenttäckning.	

Utdatatyp	Mått	Specifikation	Beskrivning	Påverkan av specifikationsfel*
	USABLE_MSI_SITES (count) (ANVÄNDBARA MSI-PLATSER (antal))	≥ 40	Antalet MSI-platser som är användbara för MSI-bestämning (antal mikrosatellitplatser med tillräckligt omfattande avläsningar för att identifiera mikrosatellit- instabilitet).	Inga MSI-resultat rapporteras.
	COVERAGE_MAD (count) (MEDIANTÄCKNING (antal))	$\leq 0,210$	Medianen av absoluta avvikelser från medianen av normaliserade värden för varje CNV-målregion.	Inga genamplifierings-resultat rapporteras.
	MEDIAN_BIN_COUNT_CNV_TARGET (count) (MEDIAN FÖR DISKRETA VÄRDEN PER CNV-MÅL (antal))	$\geq 1,0$	Medianvärdet för diskreta värden per CNV-mål.	

Utdatatyp	Mått	Specifikation	Beskrivning	Påverkan av specifikationsfel*
RNA-bibliotek	MEDIAN_INSERT_SIZE (bp) (MEDIAN-FRAGMENTLÄNGD (baspar))	≥ 80,0	Medianvärdet för fragmentlängd i provet.	Inga fusions- eller splicevariantresultat rapporteras.
	MEDIAN_CV_GENE_500X (coefficient) (MEDIAN-CV FÖR GENE ≥ 500X (coefficient))	≥ 93,0	MEDIAN_CV_GENE_500X (MEDIAN-CV FÖR GENE ≥ 500X) är ett mått på täckningens enhetlighet. För varje gen med minst 500x täckning beräknas variationskoefficienten för täckning av hela genen. Det här måttet är medianen av de värdena. Ett högt värde indikerar en hög nivå variation och problem i biblioteksberedningen, till exempel lågt antal prover och/eller probfel. Det här måttet beräknas med hjälp av alla avläsningar (inklusive avläsningar som är märkta som dubletter).	
	TOTAL_ON_TARGET_READS (count) (TOTALT ANTAL AVLÄSNINGAR PÅ MÅL (antal))	≥ 9 000 000	Det totala antalet avläsningar som mappas till målregionerna. Det här måttet beräknas med hjälp av alla avläsningar (inklusive avläsningar som är märkta som dubletter).	

*Lyckade resultat visas som PASS (GODKÄND).

Tabell 37 Kontrollmått för TSO Comprehensive (EU)-resultatrapporten

Utdatotyp	Mått	Specifikation	Påverkan av specifikationsfel*
Positiv kontroll	DNA External Control (Extern DNA-kontroll) (TSO Comprehensive (EU))	23 av 24 angivna varianter detekteras	Ogiltigförklara patientprover manuellt baserat på kontrollprovsresultat. Analysmodulen
	RNA External Control (Extern RNA-kontroll)	12 av 13 angivna varianter detekteras	ogiltigförklarar inte patientprover automatiskt baserat på kontrollprovsresultat.
Negativ kontroll	DNA Median Exon Coverage for TSO Comprehensive (EU) (Medianexontäckningen för DNA för TSO Comprehensive (EU))	≤ 8	Ogiltigförklara patientprover manuellt baserat på kontrollprovsresultat. Analysmodulen
	RNA Gene Above Median Cutoff (RNA – gen ovanför medianbrytvärdet)	≤ 1	ogiltigförklarar inte patientprover automatiskt baserat på kontrollprovsresultat.

*Lyckade resultat visas som PASS (GODKÄND).

- TSO Comprehensive (EU)-rapporten, som är tillgänglig i PDF- och JSON-format, sammanfattar kvalitetskontrollresultaten. Rapporterna finns i analysmappen. Information om analysmappens (innehåller PDF- och JSON-rapporter) och körningsmappens plats finns i Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module Workflow Guide (Arbetsflödeshandbok för Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module) (dokumentnr 200008661).
- Upprepa sekvenseringskörningar som är ogiltiga.
- Upprepa bibliotekstester med följande resultat:
 - Kontaminerade DNA-bibliotek.
 - Ogiltiga RNA-bibliotek.
 - Tester kan upprepas för att erhålla fler variant- eller biomarkörresultat för DNA-bibliotek som ogiltigförklarades för en men inte alla varianttyper.
- Positiva kontroller utvärderas för variantbestämning. Ogiltigförklara sekvenseringskörningen manuellt om positiva kontroller inte uppfyller specifikationerna för variantbestämning. Analysmodulen ogiltigförklarar inte patientprover automatiskt baserat på kontrollprovsresultat.

- Negativa kontroller utvärderas mot medianexontäckningen för DNA och gener ovanför medianbrytvärdet för RNA. Om negativa kontroller inte uppfyller specifikationerna ska du ogiltigförklara biblioteksberedningshändelsen och alla tillhörande sekvenseringskörningar manuellt. Analysmodulen ogiltigförklarar inte patientprover automatiskt baserat på kontrollprovsresultat.
- Utför ytterligare kvalitetskontrollsmätningar i enlighet med lokala, nationella och/eller federala föreskrifter eller ackrediteringskrav.

Mer information om att upprepa sekvenseringskörningar eller tester av bibliotek finns i [Felsökning på sidan 86](#).

Felsökning

Använd följande tabell för att felsöka problem i arbetsflödet. Ytterligare felsökning kan krävas om en sekvenseringskörning eller biblioteksberedning för ett prov misslyckas två gånger. Kontakta Illuminas tekniska support.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
Sekvenseringskörningen blir inte godkänd i kvalitetskontrollen	Användnings- eller laborieutrustningsfel i analysarbetsflödet	Upprepa biblioteksberedningen från ett av följande steg, beroende på var det misstänkta användnings- eller utrustningsfelet uppstod. Kontakta Illuminas tekniska support för att få hjälp med att felsöka körningen om du inte vet var felet uppstod eller om andra fel uppstod. • Omsekvensera bibliotek från PCR-plattan NL (normaliserade bibliotek). Se Beredning för sekvensering på sidan 73. • Anrika bibliotek från PCR-plattan ALS (amplifierade biblioteksprover) igen. Se Starta den första hybridiseringen på sidan 58. • Starta biblioteksberedningen från arbetsflödets början. Se Denaturera och hybridisera RNA på sidan 45 eller Fragmentera gDNA på sidan 49.
	Instrumentfel	Kontakta Illuminas tekniska support.
Fel vid rapportgenerering eller allmänt sekvenseringsfel (t.ex. nätverksfel, fel vid in-/utmatning av reagens osv.)	Programvaru- eller instrumentfel	Mer information om rapportgenerering finns i <i>Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module Workflow Guide (Arbetsflödeshandbok för Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module)</i> (dokumentnr 200008661) eller <i>Referenshandbok för NextSeq 550Dx-instrument</i> (dokumentnr 1000000009513). Kontakta Illuminas tekniska support för att få ytterligare hjälp.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
DNA-biblioteket blir inte godkänt i kvalitetskontrollen	Provkraven uppfylldes inte	Säkerställ att lämpliga prover används och upprepa biblioteksberedningen från steget Fragmentera gDNA. Se Vävnadskrav på sidan 23 och Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24 .
	Användnings- eller utrustningsfel i analysarbetsflödet	Upprepa biblioteksberedningen från ett av följande steg, beroende på var det misstänkta användnings- eller utrustningsfelet uppstod. Kontakta Illuminas tekniska support för att få hjälp med att felsöka körningen om du inte vet var felet uppstod eller om andra fel uppstod. • Omsekvensera bibliotek från PCR-plattan NL (normaliserade bibliotek). Se Beredning för sekvensering på sidan 73. • Anrika bibliotek från PCR-plattan ALS (amplifierade biblioteksprover) igen. Se Starta den första hybridiseringen på sidan 58. • Starta biblioteksberedningen från arbetsflödets början. Se Fragmentera gDNA på sidan 49.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
	Kriterierna CONTAMINATION_SCORE (KONTAMINERINGSRESULTAT), CONTAMINATION_P_VALUE (P-VÄRDE FÖR KONTAMINERING) uppfylls inte	Mer information om att undvika korskontaminering finns i avsnittet Varningar och försiktighetsåtgärder. Granska plattlayouten och biblioteksindexeringen för att säkerställa att bibliotek med samma index inte sekvenserades tillsammans. Starta biblioteksberedningen av påverkade bibliotek från arbetsflödets början. Se Fragmentera gDNA på sidan 49 . Kontaminering kan ha uppstått vid provextraktion. Det kan vara nödvändigt att upprepa extraktionen för att säkerställa att provet inte är kontaminerat.
	Användbar MSI misslyckades	Följ sonikatortillverkarens inställningar för användning och drift (inklusive vattennivå och rörtyp). Säkerställ att rätt prover används i analysen. Se Vävnadskrav på sidan 23 och Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24 . Det kan vara nödvändigt att utföra en ny provextraktion och/eller upprepa steget Fragmentera gDNA step om provet är för fragmenterat eller skadat.
DNA-biblioteket blir inte godkänt i kvalitetskontrollen	Provet kan vara för fragmenterat eller ha nukleinsyreskador som påverkar förmågan att generera tillräckligt med unika bibliotek	Följ sonikatortillverkarens inställningar för användning och drift (inklusive vattennivå och rörtyp). Säkerställ att rätt prover används i analysen. Se Vävnadskrav på sidan 23 och Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24 . Det kan vara nödvändigt att utföra en ny provextraktion och/eller upprepa steget Fragmentera gDNA step om provet är för fragmenterat eller skadat.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
RNA-biblioteket blir inte godkänt i kvalitetskontrollen	Provkraven uppfylldes inte	Säkerställ att lämpliga prover används och upprepa biblioteksberedningen från steget Denaturera och hybridisera RNA. Se Vävnadskrav på sidan 23 och Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24 .
	Användnings- eller utrustningsfel i analysarbetsflödet	Upprepa biblioteksberedningen från ett av följande steg, beroende på var det misstänkta användnings- eller utrustningsfelet uppstod. Kontakta Illuminas tekniska support för att få hjälp med att felsöka körningen om du inte vet var felet uppstod eller om andra fel uppstod. • Omsekvensera bibliotek från PCR-plattan NL (normaliserade bibliotek). Se Beredning för sekvensering på sidan 73. • Anrika bibliotek från PCR-plattan ALS (amplifierade biblioteksprover) igen. Se Starta den första hybridiseringen på sidan 58. • Starta biblioteksberedningen från arbetsflödets början. Se Denaturera och hybridisera RNA på sidan 45.
	Provet kan vara för fragmenterat eller ha nukleinsyreskador som påverkar förmågan att generera tillräckligt med unika bibliotek	Säkerställ att rätt prover används. Se Vävnadskrav på sidan 23 och Extraktion, kvantifiering och förvaring av nukleinsyra på sidan 24 . Det kan vara nödvändigt att utföra en ny provextraktion om provet är för fragmenterat eller skadat.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
Fel med positiv kontroll (DNA/RNA)	Provkraven för den positiva kontrollen uppfyllades inte Användnings- eller utrustningsfel i analysarbetsflödet	Säkerställ att rätt prover används i analysen. Granska plattlayouten och säkerställ att rätt reagens (prober, index) är i rätt brunnar. Kontrollera att det positiva kontrollprovet förvaras i enlighet med märkningen. Upprepa biblioteksberedningen för alla prover som delar den positiva kontrollen från ett av följande steg, beroende på var det misstänkta användnings- eller utrustningsfelet uppstod. Kontakta Illuminas tekniska support för att få hjälp med att felsöka körningen om du inte vet var felet uppstod eller om andra fel uppstod. • Omsekvensera bibliotek från PCR-plattan NL (normaliserade bibliotek). Se Beredning för sekvensering på sidan 73. • Anrika bibliotek från PCR-plattan ALS (amplifierade biblioteksprover) igen. Se Starta den första hybridiseringen på sidan 58. • Starta biblioteksberedningen från arbetsflödets början. Se Denaturera och hybridisera RNA på sidan 45 eller Fragmentera gDNA på sidan 49.
NTC-fel (DNA/RNA)	Korskontaminering uppstod eller kontaminering av arbetsområdet Felaktig indexering av bibliotek	Mer information om att dekontaminera arbetsområden finns i avsnittet Varningar och försiktighetsåtgärder. Mer information om att undvika korskontaminering finns i avsnittet Varningar och försiktighetsåtgärder. Granska plattlayouten och biblioteksindexeringen för att säkerställa att bibliotek med samma index inte sekvenserades tillsammans. Upprepa biblioteksberedningen från arbetsflödets början för alla bibliotek som delar en negativ kontroll.

Observation	Möjlig orsak	Rekommenderad åtgärd
Programvaran indikerar att positiva och/eller negativa kontroller inte inkluderades i sekvenseringskörningen	Felaktig tilldelning av tumörtyp i körningsplaneringen i Local Run Manager	Repetera analysen med kontroller som du identifierat korrekt enligt anvisningarna i Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module Workflow Guide (Arbetsflödeshandbok för Local Run Manager TruSight Oncology Comprehensive (EU) Analysis Module) (dokumentnr 200008661).

Prestandaegenskaper

TSO Comprehensive (EU) är en riktad NGS-panel med 517 gener. Små DNA-varianter – enkelnukleotidvarianter (SNV:er), multinukleotidvarianter (MNV:er), insertioner och deletioner – är kvalificerade för rapportering från alla 517 gener. Genamplifieringar är kvalificerade för rapportering från generna MET och ERBB2. Fusioner är kvalificerade för rapportering från de 23 gener som anges i [Genpanel för TSO Comprehensive-analysen \(EU\) på sidan 2](#). Splicevarianter är kvalificerade för rapportering från generna MET och EGFR. Varianter måste ha evidens i TSO Comprehensive (EU)-analysens kunskapsbas och vara kvalificerade baserade på den testade vävnadstypen för att rapporteras. För att rapporteras kräver NTRK-fusioner att fusionspartnern är 5' och att NTRK-kinasdomänen är intakt.

För små DNA-varianter genomfördes ett representativt tillvägagångssätt för validering av de riktade generna i panelen med data som representerade SNV:er, MNV:er, insertioner och deletioner. För genamplifieringar, fusioner och splicevarianter genomfördes testning på gennivå. TMB och MSI utvärderades där så anges. För CDx-påståendet för NTRK testades fusioner i FFPE-prover i studier fokuserade på prestanda som är specifika för påståendet (dvs. detektionsgräns, laboratoriets precision, reproducerbarhet, noggrannhet och kliniska prestanda).

[Tabell 38](#) visar definitioner av mått beräknade i olika studier.

Tabell 38 Definitioner av mått

Term	Benämning
Positiv procentuell överensstämmelse (PPA)	Procentandelen positiva resultat korrekt identifierade från det totala antalet positiva resultat i förhållande till en ortogonal metod.
Negativ procentuell överensstämmelse (NPA)	Procentandelen negativa resultat korrekt identifierade från det totala antalet negativa resultat i förhållande till en ortogonal metod.

Term	Benämning
Positiv procentuell konkordans (PPC)	Procentandelen positiva bestämningar korrekt identifierade från det totala antalet positiva bestämningar i förhållande till ett kontrolltillstånd i en direkt parvis jämförelse.
Negativ procentuell konkordans (NPC)	Procentandelen negativa bestämningar som identifieras korrekt från det totala antalet negativa bestämningar i förhållande till ett kontrolltillstånd i en direkt parvis jämförelse.
Positiva bestämningar i procent (PPC)	Procentandelen observationer som är positiva för ett mål bland observationer som förväntas vara positiva för målet.
Negativa bestämningar i procent (NPC)	Procentandelen observationer som är negativa för ett mål bland observationer som förväntas vara negativa för målet.
Total procentuell överensstämmelse (OPA)	Procentandelen positiva och negativa resultat korrekt identifierade från den totala observationen i förhållande till en ortogonal metod.

Korskontaminering

Studien av korskontaminering utfördes för att utvärdera om falskt positiva resultat, som orsakats av kontaminering mellan brunnar under provbiblioteksberedning eller kontaminering mellan på varandra följande sekvenseringskörningar, förekom för TSO Comprehensive (EU)-analysen. Två DNA-prover och två RNA-prover med unika och ej överlappande varianter användes för att utvärdera korskontaminering. Två operatörer beredde 32 DNA-bibliotek och 32 RNA-bibliotek tre gånger var i ett rutnär med alternerande prover för att utvärdera kontaminering mellan brunnar samt med alternerande index för att utvärdera kontaminering mellan sekvenseringskörningar när de sekvenseras efter varandra på samma NextSeq 550Dx-instrument. För att utvärdera korskontaminering utvärderades små DNA-varianter (som även påverkar TMB) och RNA-varianter (MSI och genamplifieringar utvärderades inte). Inga kontamineringshändelser observerades i studien av korskontaminering, där de identifierade varianterna i varje prov undersöktes och inga falskt positiva resultat hittades.

Utvärdering av extraktionssatser för nukleinsyra

Tre kommersiellt tillgängliga DNA- och RNA-extraktionssatser utvärderades med TSO Comprehensive (EU). De tre extraktionssatserna isolerade både DNA och RNA från samma FFPE-vävnadssektioner. Satserna skilde sig åt gällande användning av avparaffiniseringsmedel och bindningssteget för nukleinsyra ([Tabell 39](#)). Sats 1 var den dominerande extraktionssatsen som användes för att bestämma prestanda för TSO Comprehensive (EU).

Tabell 39 Satsegenskaper

Sats	Avparaffiniseringsmedel	Bindning av nukleinsyra
1	Proprietär	Kolumn
2	Xylen	Kolumn
3	Mineralolja	Magnetkolor

Sju prover (fem FFPE-vävnad och två FFPE-cellinjer) extraherades i duplikat av två operatörer under tre dagar för vart och ett av de tre extraktionssatserna (sju prover x tre extraktionssatser x två extraktionsoperatörer x tre extraktionsdagar x två extraktionsreplikat).

Tabell 40 sammanfattar effekterna av extraktionssatser på bibliotekets giltighet och variantbestämning. För bibliotekets giltighet rapporterades den största frekvensskillnaden mellan extraktionssatser och signifikansen bestämdes med en kvantitativ analys av biblioteksmåtten. Skillnaden rapporterades för variantbestämning om medelvärdena för extraktionssatserna var signifikant olika.

Extraktionssatser observerades påverka bibliotekets giltighetsmått för små DNA-varianter/TMB och MSI. Bibliotekets giltighetsmått för genamplifieringar och RNA skilde sig inte signifikant mellan extraktionssatser. Extraktionssatser påverkade inte variantbestämning som kräver små DNA-varianter och TMB-resultat. För MSI-poäng och genamplifieringar upptäcktes inga falska positiva resultat, och en kvantitativ analys fann inga signifikanta skillnader i de negativa proverna. Extraktionssatserna observerades ha olika stödavläsningsvärden så att fusioner och splicevarianter nära LoD kan missas på grund av val av extraktionssats.

Extraktionssatsen som väljs bör användas i laboratoriets verifiering av prestandaegenskaper för TSO Comprehensive (EU) samt för att ge adekvat biblioteksgiltighet.

Tabell 40 Extraktionssatsens påverkan på bibliotekets giltighet och variantbestämning

Varianttyp	Bibliotekets giltighetsgrad (största skillnaden)	Variantbestämning (största medelskillnad i underliggande variabel)
Små DNA-varianter	Sats 2 signifikant lägre än sats 3 (10 %)	Inte signifikant
TMB		Inte signifikant
MSI	Sats 1 signifikant lägre än sats 3 (14 %)	Inga falskt positiva resultat detekterades Falskt negativa resultat utvärderades inte
Genamplifiering	Inte signifikant (5 %)	Inga falskt positiva resultat detekterades Falskt negativa resultat utvärderades inte
Fusioner	Inte signifikant (3 %)	Sats 1 signifikant lägre än sats 3 (11 %)
Splicevarianter		Sats 1 signifikant lägre än sats 3 (11 %)

Interfererande substanser

Effekten av potentiella endogena och exogena substanser på prestandan för TSO Comprehensive (EU)-analysen utvärderades med 16 unika FFPE-prover från hjärna, sköldkörtel, kolon, bröst, lunga, prostata, hud och mjukvävnadstyper. Endogena ämnen, melanin och hemoglobin, tillsattes i proverna under extraktionsprocessen för nukleinsyra. Exogena substanser (etanol, xylén och proteinas K) var närvarande under extraktionsprocessen för nukleinsyra, och de tillsattes även i den renade nukleinsyran innan biblioteksberedningen. Tillsättning av extra proteinas K under extraktionsprocessen utvärderades även där interferens observerades med tillsatt proteinas K. Det fanns en endogen kontroll utan tillsats, och buffert eller vattenspikad exogen kontroll för vart och ett av de 16 unika proverna. Effekten av nekros bedömdes på en annan uppsättning av åtta FFPE-prover från lung-, hjärn- och kolonvävnader. Det fanns en makrodissekerad kontroll utan nekros för varje nekrosprov. För alla interferenter testades fyra replikat per prov per substans med TSO Comprehensive (EU)-analysen och jämfördes med respektive kontroll för detektion av små DNA-varianter, genamplifieringar, RNA-fusioner och RNA-splicevarianter, samt för MSI-status och TMB-resultat.

Detektion av DNA-varianter

Melanin (0,2 µg/ml), hemoglobin (2 mg/ml), etanol (5 %), proteinas K (0,04 mg/ml) och xylén (0,0001 %) stör inte TMB-resultat, MSI-status, små DNA-varianter och genamplifieringar.

Detektion av RNA-varianter

Data stöder ingen interferens av hemoglobin (2 mg/ml), melanin (0,2 µg/ml), etanol (5 %) och xylén (0,0001 %) för RNA-fusioner eller splicevarianter. På liknande sätt förekom det ingen interferens av RNA-variantdetektion när 0,02 mg/ml proteinas K tillsattes i RNA före biblioteksberedningshändelsen och när upp till 2,6 mg/ml proteinas K tillsattes till provet under RNA-reningsprocessen.

Vissa falskt positiva resultat i förhållande till kontrollerna utan interferens observerades mellan replikatbibliotek för RNA-fusioner med hemoglobin, melanin, etanol och xylén, och för RNA-splicevarianter med melanin och xylén. På liknande sätt observerades några falska negativa resultat för vissa replikatbibliotek för RNA-splicevarianter med hemoglobin, melanin, xylén och 0,02 mg/ml proteinas K. Men i alla fall ansågs de falskt positiva och falskt negativa resultaten vara provfel eftersom observationerna för upptäckta händelser visade stödläsningar nära detektionsgränsen. Därför ansågs falskt positiva och falskt negativa resultat för alla replikat vara orelaterade till interferens och tillskrevs slumpmässig variation av antalet stödläsningar för fusioner och/eller splicevarianter vid eller under detektionsgränsen.

Nekros

Närvaron av nekrotisk vävnad upp till 70 % stör inte TMB-resultat, MSI-status, små DNA-varianter eller upptäckten av RNA-splicevarianter. RNA-fusioner och genamplifieringsdetektion påverkas i prover med ≥ 25 % nekrosinnehåll i vävnadsområdet. Om provområdet innehåller mer än 25 % nekros i den totala vävnadsarean, måste den nekrotiska vävnaden makrodissekeras.

Stabilitet

Stabilitet i realtid

Stabilitet i realtid användes för att fastställa TSO Comprehensive (EU)-analyssatsens hållbarhetstid vid förvaring i enlighet med villkoren som anges på märkningen. Studiedesignen baserades på testning av tre partier av reagens och använde den klassiska stabilitetsstudiedesignen som beskrivs i CLSI EP25-A. Satserna förvarades i slutlig konfiguration under studiens varaktighet, vid de lagringsförhållanden som definierats på produktetiketten. Frysta satskomponenter förvarades vid –15 °C till –25 °C. Kylta satskomponenter förvarades vid 2 °C till 8 °C. Rumstemperaturkomponenter förvarades vid 15 °C till 30 °C. Satser testades med avseende på utseende och funktionskriterierna i kvalitetskontrollen vid specificerade tidpunkter. Dessutom analyserades trender för variantbestämning och provers kvalitetskontrollmått för kvalitetskontrollmaterialet. Hållbarheten bestämdes för varje reagens. Utgångsdatum tilldelas baserat på tillverkningsdatum och hållbarhetstid. Satsers utgångsdatum tilldelas baserat på det reagens som har tidigast utgångsdatum.

Satsstabilitet vid användning

TSO Comprehensive (EU)-analyssatsens stabilitet vid användning utvärderades vid standardförhållanden och vid olika tillfällen under hållbarhetstiden för att se om det fanns stöd för flera användningar. Reagenssatsen utsattes för flera frysnings-/tiningscykler och testades för att stödja upp till fyra användningar. Dessutom bereddes åtta RNA-bibliotek och åtta DNA-bibliotek totalt tre gånger för att testa maximalt antal bibliotek som stöds (24 DNA-bibliotek och 24 RNA-bibliotek per sats). Alla funktionskriterier i kvalitetskontrollen uppfylldes för alla frysnings-/tiningscykler och vid alla tidpunkter som testades.

Testning av FFPE-prover med reagens i åldern ≥ 25 månader utfördes för att bedöma effekten av tester under användning för variantbestämning. En kvalitativ analys av riktade varianter visar att händelserna under användning inte påverkade variantbestämningen.

Biblioteksstabilitet

Stabiliteten hos bibliotek beredda med TSO Comprehensive (EU)-analysen utvärderades med hjälp av åtta FFPE DNA-prover och åtta FFPE RNA-prover från nio olika vävnadstyper som testades med analysen i tre omgångar. Bibliotek från PCR-plattan Normalized Library (NL) poolades och sekvenserades på dag 0. Den återstående volymen av biblioteken i PCR-plattan NL förvarades frysta (–25 °C till –15 °C), och poolades om och sekvenserades på dag 30. Eventuella statistiskt betydande resultat för små DNA-varianter mellan dag 0 och dag 30 var tekniskt obetydliga. Det förekom inga statistiska skillnader för MSI-status, TMB-resultat, genamplifieringar, RNA-fusioner och RNA-splicevarianter mellan resultaten från dag 0 och dag 30. Dessa data indikerar att bibliotek genererade från TSO Comprehensive (EU)-analysen är stabila vid –25 °C till –15 °C i upp till 30 dagar.

Stabilitet hos FFPE-vävnad fäst på objektglas

Stabiliteten hos FFPE-vävnader fästa på objektglas för användning med TSO Comprehensive (EU)-analysen utvärderades genom att FFPE-block (5 µm sektioner) från 16 unika prover som representerade 9 vävnadstyper fästes på objektglas och därefter förvarades vid rumstemperatur vid tre tidpunkter: efter en dag (kontroll), fyra veckor och åtta veckor. Nukleinsyra (både DNA och RNA) extraherades vid den indikerade tidpunkten och förvarades sedan fryst tills extraktionen för alla tidpunkter var slutförd. Extraherat RNA förvarades vid –65 °C till –85 °C och extraherat DNA förvarades vid –15 °C till –25 °C. För varje tidpunkt testades tre replikat per prov med TSO Comprehensive (EU)-analysen och jämfördes med kontrollen för små DNA-varianter, MSI-status, TMB-poäng, genamplifieringar, RNA-fusioner och RNA-splicevarianter. Dessa data indikerar att FFPE-vävnader fästa på objektglas för användning med TSO Comprehensive (EU)-analysen är stabila i upp till fyra veckor.

Tröskelvärde vid titrering av nukleinsyra

Nukleinsyra som används i TSO Comprehensive (EU)-analysen utvärderades genom tester av DNA från 33 FFPE-prover som omfattade 17 vävnadstyper vid inmatningsnivåer från 10 ng till 500 ng samt tester av RNA från fem FFPE-prover från fem vävnadstyper vid inmatningsnivåer från 10 ng till 85 ng. Bibliotekets kvalitetskontrollmått utvärderades och var provberoende. DNA-resultaten visade att vissa men inte alla kvalitetskontrollmått för DNA-prover svarar på ökad inmatning över den nominella inmatningen på 40 ng:

- MEDIAN_INSERT_SIZE (MEDIANFRAGMENTLÄNGD) svarade inte på inmatning över 30 ng.
- MEDIAN_EXON_COVERAGE (MEDIANEXONTÄCKNING) visade ett positivt samband med ökande inmatning.
- PCT_EXON_50X (PROCENT EXON 50X) ökade med ökande inmatning upp till 80 ng.
- USABLE_MSI_SITES (ANVÄNDBARA MSI-PLATSER) ökade med ökande inmatning. Vissa prover med färre än 40 USABLE_MSI_SITES (ANVÄNDBARA MSI-PLATSER) vid 40 ng uppfyllde specifikationen vid högre inmatningar, vilket skulle göra det möjligt att beräkna ett MSI-resultat.
- MEDIAN_BIN_COUNT_CNV_TARGET (MEDIAN FÖR DISKRETA VÄRDEN PER CNV-MÅL) ökade med ökande inmatning.
- Ökad inmatning för att öka COVERAGE_MAD (MEDIANTÄCKNING) mot den övre specifikationsgränsen.

RNA-provernans kvalitetskontrollmått ökade (MEDIAN_INSERT_SIZE (MEDIANFRAGMENTLÄNGD) och TOTAL_ON_TARGET_READS (TOTALT ANTAL AVLÄSNINGAR PÅ MÅL)) eller minskade (MEDIAN_CV_GENE_500X (MEDIANVARIATIONSKOEFFICIENT FÖR GEN 500X)) från 10 ng till 40 ng men ändrades i allmänhet inte vid en inmatning mellan 40 ng och 85 ng.

Gräns för blankprov

Procentandelen falskt positiva resultat (av de totala förväntade negativa) utvärderades genom replikattestning av normala eller benigna FFPE-prover, intilliggande vävnad som inte bör innehålla somatiska varianter för små DNA-varianter, genamplifieringar, MSI, RNA-fusioner och RNA-splicevarianter. Falskt positiva resultat analyserades inte för TMB eftersom det inte finns något kliniskt brytvärde. Två operatörer körde sex DNA-prover och sex RNA FFPE-prover i två omgångar under tre dagar med båda av de två reagenspartierna. En

delmängd av prover poolades om och sekvenserades igen i ett 3x DNA-format och ett 3x RNA-format endast för att utvärdera falska positiva med flera multiplexkonfigurationer som stöds av denna enhet. Dessutom kördes ytterligare 30 RNA-prover i två omgångar som bearbetades med ett reagensparti, uppdelat mellan två operatörer. Totalt fanns det 168 möjliga observationer för DNA och 228 observationer för RNA, reducerat av ogiltiga bibliotek för varje varianttyp. Andelen falskt positiva resultat beräknades på gennivå för amplifieringar och på positiv nivå (ungefär 1,9 miljoner positioner) för små DNA-varianter. Procentandelen falska positiva resultat för DNA-varianttyper visas i [Tabell 41](#). Andelen falskt positiva resultat för RNA-fusioner och splicevarianter var 0 % som visas i [Tabell 42](#).

Tabell 41 Falskt positiva efter DNA-varianttyp

Varianttyp	Falskt positiva
Genamplifieringar	0 % (0/9 912)
Små DNA-varianter	0,0001 % (271/295 801 567)
MSI	0 % (0/156)
TMB	Ej tillämpligt*

* Falskt positiva resultat är inte tillämpliga eftersom TMB rapporteras som en bedömning och inte har ett kvalitativt resultat.

Tabell 42 Falskt positiva resultat efter RNA-varianttyp

Varianttyp	Falskt positiva
Fusion	0 % (0/226)
Splicevariant	0 % (0/226)

Detektionsgräns

Två studier genomfördes för att bedöma detektionsgränserna för TSO Comprehensive (EU). Studie 1 utvärderade små RET DNA-varianter, RET-fusioner och NTRK1-3-fusioner. Studie 2 utvärderade andra tumörprofileringsvarianter.

Studie 1

Detektionsgränserna (LoD) för NTRK1, NTRK3 och små RET-DNA-varianter samt NTRK1-3- och RET-fusioner bestämdes. Detektionsgränsen är det lägsta analysvärdet (t.ex. variantallelfrekvens eller avläsningar som stöds) som kan detekteras konsekvent (95 % detektionsgräns eller ett typ II-fel på 5 %). FFPE-vävnader med små RET-DNA-varianter (medullär sköldkörtelcancer), RET-fusioner (papillär sköldkörtelcancer, epiteloid- och spolcellsnevus) och NTRK1-3-fusioner (lågmalignt gliom, glioblastom, myofibroblastiskt sarkom, sarkom, sekretorisk bröstcancer, koloncancer), samt en FFPE-behandlad cellinje med de små DNA-varianterna NTRK1 och NTRK3 användes i studien. Varje prov späddes till minst fem testnivåer (från cirka 0,01 till 0,10 för små DNA-varianter och cirka 2–25 stödande avläsningar för fusioner). Det gjordes 18 observationer för varje

testnivå per parti och genererad variant av tre operatörer, och tre sekvenseringsinstrument användes för att initiera biblioteksberedning under tre ej på varandra följande dagar med två replikat för varje provtestnivå. Två reagenspartier testades.

För DNA-varianter analyserades de två partierna oberoende med en probitmodell eller träffsäkerhetsmetoden (lägsta testnivå med en träffsäkerhet (punktberäkningar) på $\geq 95\%$) för att bestämma detektionsgränsen för varje variant per parti. Den högsta detektionsgränsen för de två reagenspartierna används som detektionsgräns för varianten (Tabell 43).

För RNA-fusioner användes FFPE-cellinjer för att uppskatta LoD-värdena för varje fusionsgen.

Detektionsgränserna verifierades sedan av tre operatörer med FFPE-vävnader med användning av två biblioteksberedningar, tre instrument och tre reagenspartier för att generera 54 observationer per variant nära detektionsgränsen som etablerats med FFPE-cellinjer. De påstådda detektionsgränserna för varje fusion (Tabell 44) är det lägsta medelvärdet för stödläsningar som nådde en träffsäkerhet (punktberäkning) på $\geq 95\%$.

Tabell 43 Detektionsgräns för de små DNA-varianterna NTRK1, NTRK3 och RET

Markör	Kromosom	Position	Referens	Alternativ	Detektionsgräns (variantallelfrekvens)
NTRK1 G595R (SNV)*	Chr1	156846342	G	A	0,038
NTRK3 F617L (SNV)*	Chr15	88476283	A	G	0,032
NTRK3 G623R (SNV)*	Chr15	88476265	C	T	0,036
NTRK3 G696A (SNV)*	Chr15	88472468	C	G	0,027
RET C618R (SNV)	Chr10	43609096	T	C	0,053
RET M918T (SNV)	Chr10	43617416	T	C	0,045
RET C634Y (MNV)	Chr10	43609949	GC	AT	0,045
RET D898_ E901del (deletion)*	Chr10	43615611	GAGATGTTTATGA	G	0,055

* DNA-varianterna analyserades med en probitmodell. De andra DNA-varianterna analyserades med träffsäkerhetsmetoden.

Tabell 44 Detektionsgräns för NTRK- och RET-fusioner

Gen	Fusion	Detektionsgräns (stöдавläsningar)
NTRK1	TPM3-NTRK1	20,2
	BCAN-NTRK1	53,2
NTRK2	ETV6-NTRK2	20,3
	STRN-NTRK2	13,6
NTRK3	ETV6-NTRK3	16,2
	KANK1-NTRK3	13,5
RET	NCOA4-RET	15,8
	CCDC6-RET	18,7
	KIF5B-RET	16,6

Studie 2

De detektionsgränser (LoD) för tumörprofileringsvarianter som rapporterats av TSO Comprehensive (EU) utvärderades. Detektionsgränsen är det lägsta analysvärdet (variantallelfrekvens, veckningsförändring eller stöдавläsningar) som kan detekteras konsekvent (95 % träffsäkerhet eller ett typ II-fel på 5 %). FFPE-prover från 17 vävnadstyper innehållande varianter späddes ut till flera testnivåer. Sex observationer genererades per nivå av två operatörer som var och en använde olika reagenspartier och instrument.

DNA-varianter

Detektionsgränserna för tio små DNA-variantklasser (25 varianter totalt) och två DNA-genamplifieringar (ERBB2 och MET) bestämdes och sammanfattades som intervall ([Tabell 45](#)). RET-varianter från den andra LoD-studien inkluderades också. Två av tre insättningar större än 5 bp hade detektionsgränser på 0,034 och 0,036, medan den tredje hade en detektionsgräns på 0,215. Den senare var en insertion i en region med låg komplexitet där insertionen lägger till ytterligare upprepningar, påverkar justeringen och kräver fler avläsningar för konsekvent detektion. Därför kan vissa genomiska sammanhang med låg komplexitet påverka detektion av insertioner som är > 5 bp.

Tabell 45 Detektionsgräns för små DNA-varianter och genamplifieringar

Typ (måttenheter för LoD)	Variantklass/genomiskt sammanhang	Antal varianter	Intervall
Små DNA-varianter (variantallelfrekvens)	SNV:er	5	0,016–0,064
	MNV:er	3	0,022–0,048
	Insertion (1–2 bp) nära homopolymerupprepningar	2	0,086–0,104
	Insertion (1–2 bp) nära dinukleotidupprepningar	2	0,038–0,051
	Insertion (3–5 bp)	2	0,030–0,056
	Insertion (> 5 bp och upp till 25 bp)	3	0,034–0,215
	Deletion (1–2 bp) nära homopolymerupprepningar	2	0,094–0,100
	Deletion (1–2 bp) nära dinukleotidupprepningar	2	0,033–0,070
	Deletion (3–5 bp)	2	0,028–0,064
	Deletion (> 5 och upp till 25 bp)	2	0,047–0,055
Genamplifiering (förändring)	Efter gen (ERBB2, MET)	2	2,034–2,195

Fusioner

Detektionsgränser bestämdes för 18 fusioner, vilket omfattar 20 gener i TSO Comprehensive (EU)-panelen, som varierade från 10 till 54,7 stödavläsningar ([Tabell 46](#)). Ytterligare tre gener (NTRK1–3) testades i den andra LoD-studien. RET-genen testades i båda LoD-studierna. 16 fusioner med fastställda detektionsgränser hade data som överensstämde med en gemensam detektionsgräns på 16 stödavläsningar med ett 95 % övre konfidensintervall (UCL) med två sidor. Två fusioner hade detektionsgränser på 24,7 och 44,2 stödavläsningar som inte överensstämde med den gemensamma detektionsgränsen.

Fusionen FGFR2-SRPK2 med ett LoD-värde på 24,7 stödavläsningar hade upprepade överlappande regioner i brytpunkten enligt analysprogrammet. Upprepade regioner inom en brytpunkt har vanligtvis lägre bevisnivåer eftersom avläsningar kan kartläggas någon annanstans i genomet eller kan förbli ej linjerade. Dessutom gör upprepade regioner sammansättningsprocessen (används för att identifiera fusionssekvenser) mer utmanande och kräver ytterligare bevis för att konstruera den korrekta sekvensen. SEPT14-EGFR är ett annat exempel på en fusion med homolog sekvens i brytpunkten.

Fusionen BCL2-IGHJ5 med ett LoD-värde på 44,2 stödavläsningar hade en mycket kort gen (IGHJ5) med brytpunkten nära början av en exon som kräver korta linjeringar med mellanrum. Därför krävdes fler avläsningar för konsekvent detektion.

Tabell 46 Detektionsgräns för fusioner

Fusion	Gen A, brytpunkt	Gen B, brytpunkt	LoD	Gemensam LoD
NCOA4-RET	51582937	43612030	10	Ja
TMPRSS2-ERG	39817543	42880007	13,2	Ja
KIF5B-RET	32311775	43612032	14,5	Ja
ACPP-ETV1	132036419	14028762	17,2	Ja
FGFR3-TACC3	1801536	1736997	17,5	Ja
EML4-ALK	29446394	42553391	20,2	Ja
FGFR1-GSR	38274821	30569602	23,7	Ja
EGFR-GALNT13	55087056	155295102	24	Ja
ESR1-CCDC170	151857451	152023138	24,3	Ja
FGFR2-SRPK2	123353223	104926165	24,7	Nej
HNRNPUL1-AXL	41743847	41782201	26,3	Ja
CD74-ROS1;GOPC	149784243	117645578	28,2	Ja
SPIDR-NRG1	32453345	48353103	28,2	Ja
RAF1-VGLL4	12641189	11606492	28,5	Ja
DHX8;ETV4-STAT3	41613847	40474300	30,5	Ja
MKRN1-BRAF	140487383	140158806	31,2	Ja
BCL2-IGHJ5	60793496	106330066	44,2	Nej
PAX3-FOXO1	41134997	223084859	54,7	Ja

Splicevarianter

De två RNA-splicevarianterna – MET och EGFR – hade detektionsgränser på 18,7 respektive 24,8.

Tumörinnehåll

Resultaten i studien ger rekommendationer för tumörinnehåll för kliniska prover. Generellt gäller det att ju större tumörinnehållet är, desto högre är "signalen" (VAF, veckningsförändring eller stöдавläsningar) för varianter i tumören. Rekommendationer för minsta tumörinnehåll baseras på följande observationer. LoD-värden för små DNA-varianter är inte större än 0,104 (med undantag för TP53-insertionen). För att upptäcka drivande mutationer i tumören (0,50 variantallelfrekvens) rekommenderas 20 % tumörinnehåll, för att dessa mutationer ska ha 0,10 VAF och vara vid eller över LoD. Vid 20 % tumörinnehåll skulle gener amplifierade till 5,5 veckningsförändring (11 kopior) detekteras konsekvent baserat på en detektionsgräns på 1,8 veckningsförändring. Vid 20 % tumörinnehåll skulle fusioner med 80 stöдавläsningar detekteras konsekvent baserat på en detektionsgräns på 16 stöдавläsningar.

Reproducerbarhet

Två studier utfördes för att utvärdera reproducerbarheten för TSO Comprehensive (EU)-analysen. Studie 1 utvärderade små RET DNA-varianter samt NTRK- och RET-fusionvarianter. Studie 2 utvärderade ytterligare tumörprofileringsvarianter.

Studie 1

Den här studien utfördes för att bedöma reproducerbarheten av TSO Comprehensive (EU)-analysen för tre testplatser (en intern, två externa) med två operatörer per plats, två replikat inom en körning och tre icke på varandra följande testdagar. Testning utfördes med en reproducerbarhetspanel inklusive DNA-prover innehållande specifika kända små RET DNA-varianter och RNA-prover innehållande NTRK1–3- och RET-fusionsvarianter från formalinfixerade, paraffinbäddade (FFPE) vävnadsprover och cellinjer. Panelen innehöll DNA- och RNA-paneldeltagare med låga variantnivåer och höga variantnivåer med samma antal paneldeltagare på låg och hög nivå för varje variantklass. Paneldeltagare på hög nivå var riktade på ungefär två till tre gånger detektionsgränsen och paneldeltagare på låg nivå riktades mot ungefär detektionsgränsen. På varje plats testade varje operatör paneldeltagarna i duplikat tre gånger, vilket genererade sex observationer per mål och paneldeltagare. Från alla tre platserna genererades 36 observationer per paneldeltagare (tre platser/instrument × två operatörer × två replikat inom en körning × tre startdagar).

Positiva bestämningar i procent (PPC) och negativa bestämningar i procent (PNC) för riktade små DNA-varianter och riktade RNA-fusionsvarianter på hög nivå bestämdes som primära slutpunkter. PPC och PNC för riktade små DNA-varianter och riktade RNA-fusionsvarianter på låg nivå beräknades som sekundära slutpunkter. Det tvåsidiga 95 % konfidensintervallet (KI) förknippade med alla slutpunkter beräknades med Wilson Score-metoden. Primära analyser utfördes för att uppskatta PPC och PNC (med tillhörande 95 % KI) i riktade paneldeltagare på hög nivå genom att kombinera observationer från TSO Comprehensive (EU)-analysen för ett givet mål i en grupp paneldeltagare som representerar den tillämpliga variantklassen (dvs. små DNA-varianter och RNA-fusioner) för platser/instrument, operatörer och körningar. För varje riktad variant kombinerades TSO Comprehensive (EU)-analysobservationer i andra paneldeltagare på den höga nivån som var riktad på samma varianttyp men som inte innehöll samma variant som bestämts av majoritetsregeln till beräknad PNC. Total PPC och PNC för de riktade paneldeltagarna på låg nivå bestämdes på liknande sätt.

Små RET DNA-varianter

För paneldeltagare med små DNA-varianter på hög nivå var total PPC 100,0 % (207/207, 95 % KI: 98,2 % till 100,0 %) ([Tabell 47](#)). Total PNC för paneldeltagare med små DNA-varianter på hög nivå var 100,0 % (1 035/1 035, 95 % KI: 99,6 % till 100,0 %) ([Tabell 48](#)). För små DNA-varianter hos riktade paneldeltagare på låg nivå var total PPC 99,1 % (210/212, 95 % KI: 96,6 % till 99,7 %), och total PNC var 100,0 % (1 026/1 026, 95 % KI: 99,6 % till 100,0 %).

Tabell 47 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analys för detektion av små RET DNA-varianter hos riktade paneldeltagare på hög och låg nivå

Variant-nivå	Variant-typ	Målvariant (nukleotid)	Målvariant (amino-syra)	n	Genom-snittlig VAF	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI*
Hög	SNV	chr10_43617416_T_C	RET M918T	34	0,156	100,0 % (34/34)	(89,8 %, 100,0 %)
Hög	SNV	chr10_43609949_G_C	RET C634S	36	0,140	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	SNV	chr10_43614996_G_A	RET V804M	33	0,116	100,0 % (33/33)	(89,6 %, 100,0 %)
Hög	MNV	chr10_43609949_GC_AT	RET C634Y	35	0,195	100,0 % (35/35)	(90,1 %, 100,0 %)
Hög	Deletion	chr10_43615611_GAGATGTTTATGA_G	RET D898_E901del	33	0,199	100,0 % (33/33)	(89,6 %, 100,0 %)
Hög	Insertion	chr10_43609946_T_TGTGCCGCAC	RET C634_T636dup	36	0,095	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	Alla små DNA-varianter, hög	Alla små DNA-varianter, hög	Alla små DNA-varianter, hög	207	Ej tillämpligt	100,0 % (207/207)	(98,2 %, 100,0 %)
Låg	SNV	chr10_43617416_T_C	RET M918T	35	0,042	100,0 % (35/35)	(90,1 %, 100,0 %)
Låg	SNV	chr10_43601830_G_A	RET V292M	35	0,033	94,3 % (33/35)	(81,4 %, 98,4 %)
Låg	SNV	chr10_43613840_G_C	RET E768D	36	0,044	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Låg	MNV	chr10_43609949_GC_AT	RET C634Y	36	0,071	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Låg	Deletion	chr10_43615611_GAGATGTTTATGA_G	RET D898_E901del	34	0,065	100,0 % (34/34)	(89,8 %, 100,0 %)

Variant-nivå	Variant-typ	Målvariant (nukleotid)	Målvariant (amino-syra)	n	Genom-snittlig VAF	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI*
Låg	Insertion	chr10_43609946_T_TGTGCCGCAC	RET C634_T636dup	36	0,037	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Låg	Alla små DNA-varianter, låg	Alla små DNA-varianter, låg	Alla små DNA-varianter, låg	212	Ej tillämpligt	99,1 % (210/212)	(96,6 %, 99,7 %)

Förkortningar: N/A = ej tillämpligt, VAF = variant allelfrekvens.

* Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

Tabell 48 PNC för TSO Comprehensive (EU)-analys för detektion av små RET DNA-varianter hos riktade paneldeltagare på hög och låg nivå

Variantnivå	Varianttyp	Målvariant (nukleotid)	Målvariant (amino-syra)	n ¹	Negativa bestämningar i procent (%)	95 % KI ²
Hög	SNV	chr10_43617416_T_C	RET M918T	173	100,0 % (173/173)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	SNV	chr10_43609949_G_C	RET C634S	171	100,0 % (171/171)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	SNV	chr10_43614996_G_A	RET V804M	174	100,0 % (174/174)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	MNV	chr10_43609949_GC_AT	RET C634Y	172	100,0 % (172/172)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	Deletion	chr10_43615611_GAGATGTTTATGAG	RET D898_E901del	174	100,0 % (174/174)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	Insertion	chr10_43609946_T_TGTGCCGCAC	RET C634_T636dup	171	100,0 % (171/171)	(97,8 %, 100,0 %)
Hög	Alla små DNA-varianter, hög	Alla små DNA-varianter, hög	Alla små DNA-varianter, hög	1 035	100,0 % (1 035/1 035)	(99,6 %, 100,0 %)
Låg	SNV	chr10_43617416_T_C	RET M918T	177	100,0 % (177/177)	(97,9 %, 100,0 %)

Variantnivå	Varianttyp	Målvariant (nukleotid)	Målvariant (amino-syra)	n ¹	Negativa bestämningar i procent (%)	95 % KI ²
Låg	SNV	chr10_43601830_G_A	RET V292M	143	100,0 % (143/143)	(97,4 %, 100,0 %)
Låg	SNV	chr10_43613840_G_C	RET E768D	176	100,0 % (176/176)	(97,9 %, 100,0 %)
Låg	MNV	chr10_43609949_GC_AT	RET C634Y	176	100,0 % (176/176)	(97,9 %, 100,0 %)
Låg	Deletion	chr10_43615611_GAGATGTTTATGA_G	RET D898_E901del	178	100,0 % (178/178)	(97,9 %, 100,0 %)
Låg	Insertion	chr10_43609946_T_TGTGCCGCAC	RET C634_T636dup	176	100,0 % (176/176)	(97,9 %, 100,0 %)
Låg	Alla små DNA-varianter, låg	Alla små DNA-varianter, låg	Alla små DNA-varianter, låg	1026	100,0 % (1 026/1 026)	(99,6 %, 100,0 %)

¹ Alla sammanslagna observationer från kombinationer av paneldeltagarvarianter för vilka majoritetsbestämningen är negativ, dvs. riktade varianter som hyser fusioner med mindre än 50 % positiva bestämningar.

² Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

Tabell 49 visar varianskomponentanalysen av variantallelfrekvenser (VAF) över de cirka 36 observationerna för varje paneldeltagare. Standardavvikelsen (SD) och variationskoefficienten i procent (%CV, totalt och för varje källa) beräknades och presenterades för varje riktad liten RET DNA-variant.

Tabell 49 TSO Comprehensive (EU)-varianskomponentanalys av VAF i små DNA-varianter hos riktade paneldeltagare

Vari-ant-nivå	Vari-ant-typ	Målvariant (nukleotid)	Mål-variant (amino-syra)	n	Ge-nom-snittli-g VAF	Plats SD (%CV)	SD (%CV) per opera-tör	Dag SD (%CV)	SD (%CV) per repli-kat	Totalt SD (%CV)
Hög	SNV	chr10_43617416_T_C	RET M918T	34	0,156	0,011 (7,2 %)	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,017 (10,8 %)	0,020 (13,0 %)
Hög	SNV	chr10_43609949_G_C	RET C634S	36	0,140	0,006 (4,6 %)	0,000 (0,0 %)	0,005 (3,7 %)	0,014 (10,2 %)	0,017 (11,8 %)

Vari- ant- nivå	Vari- ant- typ	Målvariant (nukleotid)	Mål- variant (amino- syra)	n	Ge- nom- snittli- g VAF	Plats SD (%CV)	SD (%CV) per opera- tör	Dag SD (%CV)	SD (%CV) per repli- kat	Totalt SD (%CV)
Hög	SNV	chr10_43614996_ G_A	RET V804M	33	0,116	0,005 (4,1 %)	0,000 (0,0 %)	0,002 (1,7 %)	0,012 (10,7 %)	0,013 (11,6 %)
Hög	MNV	chr10_43609949_ GC_AT	RET C634Y	35	0,195	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,009 (4,4 %)	0,012 (6,0 %)	0,015 (7,5 %)
Hög	Dele- tion	chr10_43615611_ GAGATGTTTATG A_G	RET D898_ E901del	33	0,199	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,011 (5,5 %)	0,017 (8,6 %)	0,020 (10,2 %)
Hög	Inser- tion	chr10_43609946_ T_TGTGCCGCAC	RET C634_ T636du p	36	0,095	0,003 (3,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,009 (9,6 %)	0,010 (10,1 %)
Låg	SNV	chr10_43617416_ T_C	RET M918T	35	0,042	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,009 (22,2 %)	0,009 (22,2 %)
Låg	SNV	chr10_43601830_ G_A	RET V292M	35	0,033	0,000 (0,0 %)	0,003 (9,8 %)	0,002 (6,2 %)	0,007 (21,7 %)	0,008 (24,6 %)
Låg	SNV	chr10_43613840_ G_C	RET E768D	36	0,044	0,003 (6,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,000 (0,0 %)	0,008 (17,5 %)	0,008 (18,5 %)
Låg	MNV	chr10_43609949_ GC_AT	RET C634Y	36	0,071	0,000 (0,0 %)	0,008 (10,7 %)	0,000 (0,0 %)	0,011 (14,9 %)	0,013 (18,4 %)
Låg	Dele- tion	chr10_43615611_ GAGATGTTTATG A_G	RET D898_ E901del	34	0,065	0,002 (2,5 %)	0,006 (9,9 %)	0,004 (6,4 %)	0,010 (16,2 %)	0,013 (20,2 %)
Låg	Inser- tion	chr10_43609946_ T_TGTGCCGCAC	RET C634_ T636du p	36	0,037	0,005 (13,8 %)	0,000 (0,0 %)	0,003 (9,1 %)	0,006 (15,9 %)	0,008 (22,9 %)

NTRK 1-3- and RET-fusioner

För RNA-fusionspaneldeltagarna på hög nivå var total PPC 99,3 % (285/287, 95 % KI: 97,5 % till 99,8 %) (Tabell 50). PPC var 100 % för varje paneldeltagare på hög nivå förutom paneldeltagaren BCAN-NTRK1 (PPC = 94,4 % [34/36, 95 % KI: 81,9 % till 98,5 %]). Total PNC för RNA-fusionspaneldeltagare på hög nivå var 100,0 %

(1 724/1 724, 95 % KI: 99,8 % till 100,0 %) ([Tabell 51](#)). För de riktade RNA-fusionspaneldeltagarna på låg nivå var total PPC 95,4 % (272/285, 95 % KI: 92,3 %, 97,3 %) och total PNC var 100,0 % (1 851/1 851, 95 % KI: 99,8 % till 100,0 %).

Tabell 50 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analysen för detektion av NTRK- och RET-fusioner hos riktade paneldeltagare på hög och låg nivå

Variantnivå	Riktade fusioner	n	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI*
Hög	LMNA-NTRK1	36	37,9	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	BCAN-NTRK1	36	33,6	94,4 % (34/36)	(81,9 %, 98,5 %)
Hög	ETV6-NTRK2	36	24,6	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	TRIM24-NTRK2	36	36,6	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	ETV6-NTRK3	36	56,4	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	BTBD1-NTRK3	35	32,9	100,0 % (35/35)	(90,1 %, 100,0 %)
Hög	NCOA4-RET	36	36,7	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	CCDC6-RET	36	33,4	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Hög	Alla fusioner, hög	287	36,5	99,3 % (285/287)	(97,5 %, 99,8 %)
Låg	LMNA-NTRK1	36	13,8	94,4 % (34/36)	(81,9 %, 98,5 %)
Låg	BCAN-NTRK1	36	16,9	80,6 % (29/36)	(65,0 %, 90,2 %)
Låg	ETV6-NTRK2	35	15,2	94,3 % (33/35)	(81,4 %, 98,4 %)
Låg	STRN-NTRK2	36	13,6	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Låg	ETV6-NTRK3	36	24,8	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)

Variantnivå	Riktade fusioner	n	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI*
Låg	BTBD1-NTRK3	36	18,1	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
Låg	NCOA4-RET	36	15,8	97,2 % (35/36)	(85,8 %, 99,5 %)
Låg	KIF5B-RET	34	16,6	97,1 % (33/34)	(85,1 %, 99,5 %)
Låg	Alla fusioner, låg	285	16,8	95,4 % (272/285)	(92,3 %, 97,3 %)

* Tvåsidiga 95 % konfidensintervall (KI) beräknat med Wilson Score-metoden.

Tabell 51 PNC för TSO Comprehensive (EU)-analys för detektion av NTRK- och RET-fusioner hos ej riktade paneldeltagare på hög och låg nivå

Variantnivå	Riktade fusioner	n ¹	Negativa bestämningar i procent (%)	95 % KI ²
Hög	LMNA-NTRK1	180	100,0 % (180/180)	(97,9 %, 100,0 %)
Hög	BCAN-NTRK1	251	100,0 % (251/251)	(98,5 %, 100,0 %)
Hög	ETV6-NTRK2	251	100,0 % (251/251)	(98,5 %, 100,0 %)
Hög	TRIM24-NTRK2	216	100,0 % (216/216)	(98,2 %, 100,0 %)
Hög	ETV6-NTRK3	144	100,0 % (144/144)	(97,4 %, 100,0 %)
Hög	BTBD1-NTRK3	216	100,0 % (216/216)	(98,2 %, 100,0 %)
Hög	NCOA4-RET	215	100,0 % (215/215)	(98,2 %, 100,0 %)
Hög	CCDC6-RET	251	100,0 % (251/251)	(98,5 %, 100,0 %)
Hög	Alla fusioner – hög	1 724	100,0 % (1 724/1 724)	(99,8 %, 100,0 %)
Låg	LMNA-NTRK1	213	100,0 % (213/213)	(98,2 %, 100,0 %)

Variantnivå	Riktade fusioner	n ¹	Negativa bestämningar i procent (%)	95 % KI ²
Låg	BCAN-NTRK1	249	100,0 % (249/249)	(98,5 %, 100,0 %)
Låg	ETV6-NTRK2	250	100,0 % (250/250)	(98,5 %, 100,0 %)
Låg	STRN-NTRK2	249	100,0 % (249/249)	(98,5 %, 100,0 %)
Låg	ETV6-NTRK3	177	100,0 % (177/177)	(97,9 %, 100,0 %)
Låg	BTBD1-NTRK3	249	100,0 % (249/249)	(98,5 %, 100,0 %)
Låg	NCOA4-RET	213	100,0 % (213/213)	(98,2 %, 100,0 %)
Låg	KIF5B-RET	251	100,0 % (251/251)	(98,5 %, 100,0 %)
Låg	Alla fusioner – låg	1 851	100,0 % (1 851/1 851)	(99,8 %, 100,0 %)

¹ Alla sammanslagna observationer från kombinationer av paneldeltagarvarianter för vilka majoritetsbestämningen är negativ, dvs. riktade varianter som hyser fusioner med mindre än 50 % positiva bestämningar.

² Tvåsidiga 95 % konfidensintervall (KI) beräknat med Wilson Score-metoden.

Tabell 52 visar varianskomponentanalysen av stöдавläsningar för de cirka 36 observationerna inom varje riktad fusion. SD och %CV (totalt och för varje källa) beräknades och presenterades för varje riktad fusion.

Tabell 52 TSO Comprehensive (EU)-varienskomponentanalys av stöдавläsningar i riktade RNA-fusionspaneldeltagare

Variantnivå	Fusion	n	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör	SD (%CV) per dag	SD (%CV) per replikat	Total SD (%CV)
Hög	LMNA-NTRK1	36	37,9	3,52 (9 %)	3,37 (9 %)	6,93 (18 %)	9,04 (24 %)	12,39 (33 %)
Hög	BCAN-NTRK1	36	33,6	13,75 (41 %)	7,87 (23 %)	5,40 (16 %)	8,95 (27 %)	18,98 (57 %)
Hög	ETV6-NTRK2	36	24,6	8,03 (33 %)	3,50 (14 %)	4,20 (17 %)	4,86 (20 %)	10,86 (44 %)

Variantnivå	Fusion	n	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör	SD (%CV) per dag	SD (%CV) per replikat	Total SD (%CV)
Hög	TRIM24-NTRK2	36	36,6	11,44 (31 %)	4,24 (12 %)	6,82 (19 %)	6,87 (19 %)	15,57 (43 %)
Hög	ETV6-NTRK3	36	56,4	11,49 (20 %)	10,20 (18 %)	9,25 (16 %)	8,69 (15 %)	19,93 (35 %)
Hög	BTBD1-NTRK3	35	32,9	1,49 (5 %)	2,65 (8 %)	2,16 (7 %)	10,47 (32 %)	11,11 (34 %)
Hög	NCOA4-RET	36	36,7	4,64 (13 %)	4,09 (11 %)	6,17 (17 %)	5,20 (14 %)	10,17 (28 %)
Hög	CCDC6-RET	36	33,4	7,25 (22 %)	2,56 (8 %)	6,53 (20 %)	5,51 (16 %)	11,49 (34 %)
Låg	LMNA-NTRK1	36	13,8	1,79 (13 %)	0,00 (0 %)	2,74 (20 %)	4,37 (32 %)	5,47 (40 %)
Låg	BCAN-NTRK1	36	16,9	2,92 (17 %)	2,98 (18 %)	4,61 (27 %)	5,82 (34 %)	8,52 (50 %)
Låg	ETV6-NTRK2	35	15,2	0,00 (0 %)	3,41 (22 %)	3,83 (25 %)	4,39 (29 %)	6,75 (45 %)
Låg	STRN-NTRK2	36	13,6	1,77 (13 %)	0,61 (5 %)	2,33 (17 %)	2,57 (19 %)	3,95 (29 %)
Låg	ETV6-NTRK3	36	24,8	6,03 (24 %)	3,46 (14 %)	0,00 (0 %)	6,39 (26 %)	9,44 (38 %)
Låg	BTBD1-NTRK3	36	18,1	0,93 (5 %)	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	6,64 (37 %)	6,71 (37 %)
Låg	NCOA4-RET	36	15,8	2,08 (13 %)	1,03 (7 %)	0,00 (0 %)	5,11 (32 %)	5,61 (36 %)
Låg	KIF5B-RET	34	16,6	2,07 (12 %)	0,00 (0 %)	1,58 (10 %)	5,83 (35 %)	6,39 (39 %)

%CV: variationskoefficient i procent.

SD: standardavvikelse.

Studie 2

En andra studie utfördes för att bedöma reproducerbarheten av TSO Comprehensive (EU)-analysen på tre testplatser (två externa och en intern), två operatörer/instrument per plats, tre unika reagenspartier, fyra testdagar (icke på varandra följande) och två sekvenseringskörningar per provbibliotek.

Testning utfördes med extraherade DNA- och RNA-prover från 41 FFPE-vävnadsprover och en FFPE-cellinje (ett FFPE-vävnadsprov och FFPE-cellinjen användes för att skapa två paneldeltagare var). Vävnadsproverna bestod av följande typer: urinblåsa, ben, hjärna, bröst, kolon, jejunum, njure, lever, lunga, äggstockar, prostata, hud, mjukvävnad, mage, sköldkörtel och livmoder. Totalt 44 paneldeltagare testades, inklusive DNA-paneldeltagare med små DNA-varianter (SNV:er, MNV:er, insertioner och deletioner), genamplifieringar, olika TMB-resultat, höga MSI-resultat och RNA-paneldeltagare med genfusioner och splicevarianter. De flesta paneldeltagarna hade kända målvarianter vid nivåer på cirka 2 till 3 gånger den variantspecifika detektionsgränsen ($\sim 2-3 \times \text{LoD}$).

Detektionsgränsen är analytkoncentrationen där observerade analysresultat är positiva (variant upptäckt i förhållande till TSO Comprehensive (EU)-analysens cutoff) $\geq 95 \%$ av tiden. Genomsnittliga observerade variantnivåer kategoriserades som cirka $< 2 \times \text{LoD}$ (observerade variantnivåer vid $< 1,5 \times \text{LoD}$), $\sim 2-3 \times \text{LoD}$ (observerade variantnivåer vid $1,5 \times \text{LoD}$ till $3,4 \times \text{LoD}$) och cirka $> 3 \times \text{LoD}$ (observerade variantnivåer vid $> 3,4 \times \text{LoD}$).

Positiva bestämningar i procent (PPC) för små DNA-varianter, genamplifieringar, hög MSI (MSI-H) och RNA-varianter beräknades genom att kombinera observationer för sekvenseringskörningar och platser. Negativa bestämningar i procent (PNC) beräknades på liknande sätt för små DNA-varianter, genamplifieringar och RNA-varianter. För varje känd målvariant kombinerades TSO Comprehensive (EU)-analysobservationer i paneldeltagare av samma varianttyp men som innehåller andra varianter, som inte härrör från samma provkälla eller uppfyller majoritetsregeln för den varianten (dvs. $< 50 \%$ av bestämningarna var positiva) över platser, operatörer/instrument, dagar, reagenspartier och sekvenseringskörningar för att beräkna PNC. Det tvåsidiga 95 % konfidensintervallet (KI) beräknades med Wilson Score-metoden.

Små DNA-varianter

Tabell 53 visar PPC för riktade små DNA-varianter. PPC varierade från 91,3 % för en BRAF SNV till 100 % för majoriteten av små DNA-varianter.

Tabell 53 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analysen för detektion av små DNA-varianter i kombinerade riktade paneldeltagare

Observerad variant-nivå ¹	Varianttyp	Riktad variant (nukleotid)	Riktad variant (amnosyra)	Genom-snittlig VAF ²	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ³
$\sim 2-3 \times \text{LoD}$	DELETION	chr5_112175751_CT_C	APC L1488fsTer19	0,181	100,0 % (28/28)	(87,9 %, 100,0 %)
$\sim 2-3 \times \text{LoD}$	DELETION	chr5_112175675_AAG_A	APC S1465WfsTer3	0,166	100,0 % (40/40)	(91,2 %, 100,0 %)
$\sim 2-3 \times \text{LoD}$	INSERTION	chr5_112175951_G_GA	APC T1556NfsTer3	0,227	100,0 % (32/32)	(89,3 %, 100,0 %)

Observerad variant-nivå ¹	Varianttyp	Riktad variant (nukleotid)	Riktad variant (amino-syra)	Genomsnittlig VAF ²	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ³
~2– 3 x LoD	INSERTION	chr5_112175675_A_AAG	APC S1465fs*9	0,100	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	INSERTION	chr1_27024001_C_CG	ARID1A Q372fs*28	0,084	100,0 % (4/4)	(51,0 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	SNV	chr7_140453136_A_T	BRAF V600E	0,045	91,3 % (42/46)	(79,7 %, 96,6 %)
~2– 3 x LoD	DELETION	chr7_55242465_ GGAATTAAGAGAAGC A_G	EGFR E746_ A750del	0,112	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	SNV	chr7_55259515_T_G	EGFR L858R	0,045	100,0 % (38/38)	(90,8 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	DELETION	chr22_41574678_GC_G	EP300 H2324fs*29	0,245	100,0 % (44/44)	(92,0 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	INSERTION	chr17_37880981_A_ AGCATACGTGATG	ERBB2 Y772_ A775dup	0,075	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	SNV	chr2_209113112_C_T	IDH1 R132H	0,155	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	MNV	chr12_25398284_CC_ AT	KRAS G12I	0,111	100,0 % (38/38)	(90,8 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	INSERTION	chr9_139399350_C_CG	NOTCH1 R1598fs*12	0,146	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	DELETION	chr10_89720798_ GTACT_G	PTEN T319fs*1	0,157	100,0 % (44/44)	(92,0 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	INSERTION	chr17_7578470_C_ CGGGCGG	TP53 P152_ P153dup	0,157	100,0 % (2/2)	(34,2 %, 100,0 %)
~2– 3 x LoD	INSERTION	chr17_7574029_C_ CGGAT	TP53 R333HfsTer5	0,154	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)

¹ Variantnivå beräknad med den genomsnittliga observerade variantallfrekvensen.

² Den genomsnittliga variantallfrekvensen beräknad med observerade analysresultat.

³ Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

PNC var 100 % för alla små DNA-varianter.

Tabell 54 visar varianskomponentanalysen av resultaten för VAF för varje variationskälla och total variation i alla paneldeltagare med riktade små DNA-varianter.

Tabell 54 Varianskomponentanalys av VAF för riktade små DNA-varianter

Målvariant	N	Genom- snittlig VAF	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
chr2_209113112_C_T	36	0,155	0,008 (4,9)	0,006 (4,1)	0,034 (22,1)	0,000 (0,0)	0,016 (10,2)	0,039 (25,2)
chr4_153332910_C_ CAGG	44	0,130	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,013 (10,3)	0,014 (11,1)	0,008 (6,1)	0,021 (16,3)
chr5_112175675_A_ AAG	48	0,100	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,010 (10,4)	0,003 (2,9)	0,003 (3,3)	0,011 (11,3)
chr5_112175675_AAG_ A	40	0,166	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,024 (14,2)	0,000 (0,0)	0,011 (6,7)	0,026 (15,7)
chr5_112175751_CT_C	28	0,181	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,029 (15,8)	0,019 (10,8)	0,008 (4,7)	0,036 (19,7)
chr5_112175751_ CTTTA_C	46	0,155	0,000 (0,0)	0,009 (5,6)	0,023 (14,9)	0,015 (9,7)	0,008 (5,5)	0,030 (19,4)
chr5_112175951_G_GA	32	0,227	0,000 (0,0)	0,006 (2,5)	0,034 (15,1)	0,000 (0,0)	0,011 (4,9)	0,036 (16,1)
chr7_55242465_ GGAATTAAGAGAAGC A_G	46	0,112	0,000 (0,0)	0,004 (3,8)	0,015 (13,7)	0,005 (4,1)	0,008 (6,9)	0,018 (16,3)
chr7_55259515_T_G	38	0,045	0,003 (6,0)	0,000 (0,0)	0,012 (27,3)	0,000 (0,0)	0,003 (6,8)	0,013 (28,8)
chr7_140453136_A_T	46	0,045	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,016 (34,9)	0,000 (0,0)	0,006 (12,2)	0,017 (36,9)
chr7_140453136_AC_ TT	46	0,130	0,000 (0,0)	0,004 (2,9)	0,017 (13,4)	0,003 (2,6)	0,006 (4,9)	0,019 (14,8)
chr9_139399350_C_ CG	48	0,146	0,015 (10,2)	0,000 (0,0)	0,012 (8,2)	0,000 (0,0)	0,004 (2,8)	0,020 (13,4)
chr10_89720798_ GTACT_G	44	0,157	0,000 (0,0)	0,003 (2,0)	0,021 (13,6)	0,002 (1,6)	0,010 (6,4)	0,024 (15,3)

Målvariant	N	Genom- snittlig VAF	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
chr12_25398284_CC_AT	38	0,111	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,019 (16,8)	0,003 (2,5)	0,008 (7,3)	0,020 (18,5)
chr17_7574002_CG_C	44	0,158	0,007 (4,2)	0,000 (0,0)	0,021 (13,5)	0,013 (8,6)	0,013 (8,2)	0,029 (18,4)
chr17_7574029_C_CGGAT	48	0,154	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,017 (11,0)	0,006 (3,8)	0,010 (6,6)	0,021 (13,4)
chr17_37880981_A_AGCATACGTGATG	36	0,075	0,013 (16,9)	0,006 (8,1)	0,013 (16,7)	0,000 (0,0)	0,004 (4,7)	0,019 (25,5)
chr22_41574678_GC_G	44	0,245	0,006 (2,4)	0,002 (0,6)	0,019 (7,9)	0,000 (0,0)	0,005 (2,1)	0,021 (8,6)

Det fanns två riktade små DNA-varianter för vilka antalet observationer var för få för att en varianskomponentmodell skulle kunna tillämpas. För de här två riktade varianterna var den totala standardavvikelsen 0,027 för variant chr1_27024001_C_CG och 0,001 för variant chr17_7578470_C_CGGGCGG.

Genamplifieringar

Tabell 55 visar PPC för riktade genamplifieringar. PPC var 100,0 % för MET och 100,0 % för ERBB2.

Tabell 55 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analysen för detektion av genamplifieringar i kombinerade riktade paneldeltagare

Observerad variantnivå ¹	Målvariant	Genomsnittlig observerad vekningsförändring ²	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ³
~2–3 x LoD	MET	5,14	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	ERBB2	2,33	100,0 % (47/47)	(92,4 %, 100,0 %)

¹ Variantnivå beräknad från genomsnittlig observerad vekningsförändring.

² Genomsnittlig vekningsförändring beräknad med observerade analysresultat.

³ Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

PNC var 100 % för alla genamplifieringar.

Tabell 56 visar varianskomponentanalysen av vekningsförändringsresultaten för varje variationskälla och total variation i alla paneldeltagare med riktade genamplifieringar.

Tabell 56 Varianskomponentanalys av veckningsförändring för riktade genamplifieringar

Målvariant	N	Genomsnittlig veckningsförändring	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
ERBB2	47	2,33	0,02 (0,6)	0,01 (0,4)	0,02 (0,9)	0,01 (0,4)	0,01 (0,5)	0,03 (1,3)
MET	48	5,14	0,05 (1,0)	0,12 (2,4)	0,14 (2,6)	0,00 (0,0)	0,03 (0,6)	0,19 (3,7)

MSI

Tabell 57 visar PPC för riktade MSI-H-paneldeltagare. PPC var 100 % för båda MSI-H-paneldeltagarna.

Tabell 57 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analysen för detektion av MSI-H-status i kombinerade riktade paneldeltagare

Paneldeltagare	Genomsnittligt MSI-resultat ¹	N	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ²
TPSBD4	60,5	36	100,0 % (36/36)	(90,4 %, 100,0 %)
TPSBD6	55,7	32	100,0 % (32/32)	(89,3 %, 100,0 %)
Alla deltagare		68	100,0 % (68/68)	(94,7 %, 100,0 %)

¹ Genomsnittligt observerat MSI-resultat beräknat från observerade analysresultat.

² Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

Tabell 58 visar varianskomponentanalysen av MSI-resultat för varje variationskälla och total variation i alla paneldeltagare inriktade på MSI-H-status.

Tabell 58 Varianskomponentanalys av MSI-resultat för riktade MSI-H-paneldeltagare

Paneldeltagare	N	Genomsnittligt MSI-resultat	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
TPSBD4	36	60,5	0,0 (0)	0,0 (0)	2,1 (3)	0,0 (0)	2,1 (3)	3,0 (5)
TPSBD6	32	55,7	0,0 (0)	1,3 (2)	1,0 (2)	0,8 (1)	2,9 (5)	3,4 (6)

TMB

För att utvärdera reproducerbarheten av TMB-resultaten genomfördes en kvantitativ analys av resultaten i riktade TMB-paneldeltagare, som representerade en uppsättning förväntade TMB-resultat. [Tabell 59](#) visar varianskomponentanalysen av TMB-resultat för varje variationskälla och total variation i alla TMB-paneldeltagare. Total SD för TMB-resultat var 1,0 (%CV = 13) för en paneldeltagare (medelvärde för TMB = 7,6) och 1,1 (%CV = 2) för en annan paneldeltagare (medelvärde för TMB = 63,2).

Tabell 59 Varianskomponentanalys av TMB-resultat för riktade TMB-paneldeltagare

Paneldeltagare	N	Genomsnittligt TMB-resultat	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
TPSBD3	28	7,6	0,2 (2)	0,0 (0)	0,8 (10)	0,0 (0)	0,5 (7)	1,0 (13)
TPSBD4	44	63,2	0,3 (1)	0,6 (1)	0,4 (1)	0,0 (0)	0,7 (1)	1,1 (2)

Det fanns en TMB-paneldeltagare för vilken antalet observationer var för få (N = 2) för att en varianskomponentmodell skulle kunna tillämpas. För den här paneldeltagaren var total SD 1,7.

RNA-varianter

[Tabell 60](#) visar PPC för riktade RNA-varianter. PPC varierade från 91,7 % för en KIF5B-RET till 100 % för majoriteten av RNA-varianterna.

Tabell 60 PPC för TSO Comprehensive (EU)-analysen för detektion av RNA-varianter i kombinerade riktade paneldeltagare

Observerad variantnivå ¹	Varianttyp	Målvariant	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds ²	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ³
~2–3 x LoD	Fusion	ACPP-ETV1	44,7	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	BCL2-IGHJ5	124,9	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	CD74-ROS1;GPOC	56,6	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	DHX8;ETV4-STAT3	48,9	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)

Observerad variantnivå ¹	Varianttyp	Målvariant	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds ²	Positiva bestämningar i procent (%)	95 % KI ³
~2–3 x LoD	Fusion	EGFR-GALNT13	49,8	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	EML4-ALK	49,3	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	ESR1-CCDC170	45,1	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	FGFR1-GSR	61,1	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	FGFR2-SRPK2	53,4	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	FGFR3-TACC3	53,5	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	HNRNPUL1-AXL	58,0	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	Fusion	KIF5B-RET	11,6	91,7 % (44/48)	(80,4 %, 96,7 %)
< 2 x LoD	Fusion	MKRN1-BRAF	33,4	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	Fusion	PAX3-FOXO1	70,1	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
< 2 x LoD	Fusion	RAF1-VGLL4	15,9	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	SPIDR-NRG1	51,5	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Fusion	TMPRSS2-ERG	43,5	97,9 % (47/48)	(89,1 %, 99,6 %)
~2–3 x LoD	Splicevariant	EGFR vIII	64,0	100,0 % (46/46)	(92,3 %, 100,0 %)
~2–3 x LoD	Splicevariant	MET exon 14 hoppades över	61,2	100,0 % (48/48)	(92,6 %, 100,0 %)

¹ Variantnivå beräknad från genomsnittliga observerade stöдавläsningar.

² Genomsnittliga stöдавläsningar beräknade med observerade analysresultat.

³ Tvåsidiga 95 % konfidensintervall beräknat med Wilson Score-metoden.

PNC var 100 % för varje riktad RNA-variant, förutom för FGFR2-SRPK2-fusionen (PNC = 99,60 % [984/988], 95 % KI: 98,96 % till 99,84 %).

Tabell 61 visar varianskomponentanalysen av stödanalysresultaten för varje variationskälla och total variation i alla paneldeltagare med riktade RNA-varianter.

Tabell 61 Varianskomponentanalys av stöдавläsningar för riktade RNA-varianter

Målvariant	N	Genom- snittligt antal avläsningar som stöds	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
ACPP-ETV1	46	44,7	10,38 (23)	0,00 (0)	13,01 (29)	5,90 (13)	2,28 (5)	17,80 (40)
BCL2-IGHJ5	46	124,9	38,22 (31)	13,24 (11)	29,08 (23)	9,51 (8)	8,30 (7)	51,39 (41)
CD74- ROS1;GOPC	48	56,6	0,00 (0)	3,98 (7)	17,18 (30)	0,00 (0)	3,00 (5)	17,89 (32)
DHX8;ETV4- STAT3	46	48,9	18,27 (37)	13,42 (27)	17,01 (35)	0,00 (0)	1,50 (3)	28,38 (58)
EGFR- GALNT13	46	49,8	0,00 (0)	6,90 (14)	14,86 (30)	2,08 (4)	2,82 (6)	16,75 (34)
EML4-ALK	48	49,3	0,00 (0)	12,18 (25)	19,10 (39)	8,83 (18)	1,94 (4)	24,39 (49)
ESR1- CCDC170	46	45,1	2,30 (5)	0,00 (0)	12,37 (27)	0,00 (0)	8,08 (18)	14,95 (33)
FGFR1-GSR	46	61,1	8,57 (14)	1,31 (2)	11,15 (18)	9,23 (15)	5,18 (8)	17,65 (29)
FGFR2- SRPK2	48	53,4	3,18 (6)	10,90 (20)	15,85 (30)	15,29 (29)	3,10 (6)	24,97 (47)
FGFR3- TACC3	48	53,5	17,43 (33)	0,00 (0)	12,38 (23)	5,81 (11)	3,46 (6)	22,42 (42)
HNRNPUL1- AXL	48	58,0	0,00 (0)	12,15 (21)	18,22 (31)	0,00 (0)	3,96 (7)	22,26 (38)
KIF5B-RET	48	11,6	0,89 (8)	0,00 (0)	3,97 (34)	1,44 (12)	1,09 (9)	4,45 (38)
MKRN1-BRAF	48	33,4	6,98 (21)	8,19 (25)	13,02 (39)	6,63 (20)	4,00 (12)	18,58 (56)

Målvariant	N	Genom- snittligt antal avläsningar som stöds	SD (%CV) per plats	SD (%CV) per operatör (plats)	SD (%CV) per dag (plats, operatör)	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per körning	Total SD (%CV)
PAX3-FOXO1	48	70,1	12,45 (18)	10,79 (15)	17,91 (26)	3,02 (4)	2,42 (3)	24,65 (35)
RAF1-VGLL4	46	15,9	1,46 (9)	1,52 (10)	3,80 (24)	4,42 (28)	1,23 (8)	6,32 (40)
SPIDR-NRG1	48	51,5	4,78 (9)	0,00 (0)	10,69 (21)	5,94 (12)	3,29 (6)	13,54 (26)
TMPRSS2- ERG	48	43,5	5,63 (13)	8,81 (20)	9,98 (23)	0,00 (0)	6,21 (14)	15,73 (36)
EGFR VIII, splicevariant	46	64,0	12,70 (20)	0,42 (1)	17,69 (28)	0,00 (0)	2,34 (4)	21,90 (34)
MET exon 14, hoppa över splicevariant	48	61,2	11,42 (19)	3,43 (6)	19,84 (32)	7,55 (12)	2,10 (3)	24,43 (40)

Laboratorieprecision

Två studier utfördes för att utvärdera laboratorieprecisionen för TSO Comprehensive (EU). Studie 1 utvärderade NTRK- och RET-fusioner samt små RET DNA-varianter. Studie 2 utvärderade TMB och MSI.

Studie 1

Laboratoriets precision utvärderades för NTRK1-3-fusioner (lågmalignt gliom, glioblastom, myofibroblastiskt sarkom, sekretorisk bröstcancer, koloncancer), RET-fusioner (sköldkörtelcancer och hudvävnad från en okänd cancer) och små RET DNA-varianter (medullär sköldkörtelcancer) med FFPE-vävnader från de angivna cancerformerna. Varje prov testades på två variantnivåer: ~1 x LoD (låg variantnivå) och ~2–3 x LoD (hög variantnivå) med undantag för provet med CCDC6-RET som endast testades på låg variantnivå. Tre (3) operatörer körde alla prover på varje testnivå i duplikat för varje biblioteksberedningshändelse. Varje operatör startade biblioteksberedningen på tre (3) icke på varandra följande startdagar och utförde sekvenseringen på tre (3) angivna NextSeq 550Dx-instrument. Tre (3) reagenspartier testades och genererade 54 observationer per nivå. Vissa nivåer hade färre än 54 observationer på grund av ogiltiga bibliotek.

Kvalitativ analys

Den kvalitativa konkordansen för variantbestämning utvärderades separat för de två variantnivåerna för en given variant från sammanslagna observationer från alla variabler (operatörer, reagenspartier, instrument, dagar och replikat). Positiva bestämningar i procent (PPC) och negativa bestämningar i procent (PNC) och det associerade tvåsidiga konfidensintervallet på 95 % (Wilson score) sammanfattas i [Tabell 62](#) (små DNA-varianter) och [Tabell 63](#) (RNA-fusioner).

På den höga variantnivån (~2–3 x LoD) visade TSO Comprehensive (EU)-analysen 100 % för PPC och PNC för alla testade varianter.

På den låga variantnivån (~1 x LoD), varierade PPC för små DNA-varianter från 83,3 % till 98,1 %, och PPC för RNA-fusioner varierade från 90,7 % till 100 %. För varianter med PPC < 95 % låg medelvärdet för VAF (RET C634Y och RET D898_E901del) eller stödläsningar (NCOA4-RET och BCAN-NTRK1) under respektive detektionsgränser. På låg variantnivå uppnåddes 100 % PNC för alla varianter.

Tabell 62 Kvalitativa resultat för riktade DNA-varianter

Variantnivå	Variant	Varianttyp	Genom-snittlig VAF	PPC (95 % KI)	PNC (95 % KI)
Låg (~1 x LoD)	RET C634Y	MNV	0,028	83,3 % (45/54) (71,3–91,0 %)	100,0 % (215/215) (98,2–100,0 %)
	RET D898_E901del	DELETION	0,048	87,0 % (47/54) (75,6–93,6 %)	100,0 % (215/215) (98,2–100,0 %)
	RET C618R	SNV	0,045	94,4 % (51/54) (84,9–98,1 %)	100,0 % (215/215) (98,2–100,0 %)
	RET M918T	SNV	0,042	96,2 % (51/53) (87,2–99,0 %)	100,0 % (216/216) (98,3–100,0 %)
	RET D631_L633delinsE	DELETION	0,056	98,1 % (53/54) (90,2–99,7 %)	100,0 % (215/215) (98,2–100,0 %)

Variantnivå	Variant	Varianttyp	Genom- snittlig VAF	PPC (95 % KI)	PNC (95 % KI)
Hög (~3 x LoD)	RET C634Y	MNV	0,095	100,0 % (54/54) (93,4– 100,0 %)	100,0 % (192/192) (98,0–100,0 %)
	RET D898_E901del	DELETION	0,088	100,0 % (54/54) (93,4– 100,0 %)	100,0 % (192/192) (98,0–100,0 %)
	RET C618R	SNV	0,146	100,0 % (54/54) (93,4– 100,0 %)	100,0 % (192/192) (98,0–100,0 %)
	RET M918	SNV	0,078	100,0 % (52/52) (93,1–100,0 %)	100,0 % (194/194) (98,1–100,0 %)
	RET D631_ L633delinsE	DELETION	0,161	100,0 % (32/32) (89,3– 100,0 %)	100,0 % (214/214) (98,2–100,0 %)

Nukleotidförändringar listas för varje variant i avsnittet Detektionsgräns förutom RET D631_L633delinsE som är kromosom 10, position 43609940, referens ACGAGCT och alternativ A.

Tabell 63 Kvalitativa resultat för riktade RNA-fusioner

Variantnivå	Fusion	Genomsnittligt antal avläsningar som stöds	PPC (95 % KI)	PNC (95 % KI)
Låg	TPM3-NTRK1	20,2	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (270/270) (98,6–100,0 %)
	BCAN-NTRK1	22,1	94,4 % (51/54) (84,9–98,1 %)	100,0 % (324/324) (98,8–100,0 %)
	ETV6-NTRK2	20,3	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100 % (324/324) (98,8–100,0 %)
	ETV6-NTRK3	16,2	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (270/270) (98,6–100,0 %)
	ETV6-NTRK3 (FFPE-cellinje)	23,1	98,1 % (53/54) (90,2–99,7 %)	
	NCOA4-RET	13,3	90,7 % (49/54) (80,1–96,0 %)	100,0 % (270/270) (98,6–100,0 %)
	CCDC6-RET	18,7	98,1 % (53/54) (90,2–99,7 %)	100,0 % (324/324) (98,8–100,0 %)
Hög	TPM3-NTRK1	57,1	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (216/216) (98,3–100,0 %)
	BCAN-NTRK1	53,2	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (270/270) (98,6–100,0 %)
	ETV6-NTRK2	52	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (270/270) (98,6–100,0 %)
	ETV6-NTRK3	41,7	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (216/216) (98,3–100,0 %)
	ETV6-NTRK3 (FFPE-cellinje)	28,3	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	
	NCOA4-RET	24,8	100,0 % (54/54) (93,4–100,0 %)	100,0 % (216/216) (98,3–100,0 %)
	CCDC6-RET	Ej tillämpligt	Inte testat	100,0 % (324/324) (98,8–100,0 %)

Kvantitativ analys

En varianskomponentanalys med begränsad maximal sannolikhet (REML) utfördes för att utvärdera den totala variationen av den underliggande kontinuerliga variabeln (VAF för små DNA-varianter och stöдавläsningar för

RNA-fusioner) och uppskatta precisionskomponenter (standardavvikelse (SD), variationskoefficient (CV)) för varje variationskälla (operatörer, instrument, dagar, reagenspartier, residuum och totalt). Resultaten presenteras i [Tabell 64](#) för små DNA-varianter och [Tabell 65](#) för RNA-fusioner.

Variationen i VAF ökade med medelvärdet, vilket är förväntat för en binomial proportion. Variationen i stöдавläsningar ökade med medelvärdet, vilket är förväntat med beräkningsdata. Residuumkomponenten var den största bidragsgivaren till total varians för både små DNA-varianter och RNA-fusioner på båda nivåerna, vilket stöder slutsatsen att detektion av varianterna av TSO Comprehensive (EU) är god för operatörer, partier, instrument och dagar.

Tabell 64 Kvantitativa SD- och CV-resultat för riktade små DNA-varianter

VAF-nivå	Variant	Variant- typ	N antal gil- tiga för- sök	Genom- snittlig VAF	Opera- tör SD (%CV)	Instru- ment SD (%CV)	Parti SD (%CV)	Dag SD (%CV)	Rest- erande SD (%CV)	Totalt SD (%CV)
Låg (~1 x LoD)	RET D898_ E901del	DELE- TION	54	0,048	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,004 (8,7)	0,014 (30,0)	0,015 (31,2)
	RET C618R	SNV	54	0,046	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,014 (31,3)	0,014 (31,3)
	RET M918T	SNV	53	0,042	0,000 (0,0)	0,001 (3,0)	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,011 (25,6)	0,011 (25,7)
	RET C634Y	MNV	54	0,028	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,001 (3,3)	0,000 (0,0)	0,009 (30,7)	0,009 (30,9)
	RET D631_ L633delinsE	DELE- TION	54	0,056	0,000 (0,0)	0,002 (3,0)	0,006 (11,6)	0,000 (0,0)	0,010 (18,5)	0,012 (22,0)
Hög (~3 x LoD)	RET D898_ E901del	DELE- TION	54	0,088	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,001 (1,4)	0,006 (7,0)	0,017 (19,2)	0,018 (20,5)
	RET C618R	SNV	54	0,146	0,003 (1,7)	0,000 (0,0)	0,020 (13,7)	0,002 (1,1)	0,018 (12,6)	0,027 (18,7)
	RET M918T	SNV	52	0,078	0,002 (3,1)	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,007 (9,1)	0,018 (23,1)	0,020 (25,0)
	RET C634Y	MNV	54	0,095	0,000 (0,0)	0,002 (2,5)	0,002 (2,1)	0,000 (0,0)	0,014 (15,0)	0,015 (15,3)
	RET D631_ L633delinsE	DELE- TION	52*	0,164	0,000 (0,0)	0,000 (0,0)	0,005 (3,0)	0,000 (0,0)	0,020 (12,1)	0,020 (12,4)

* Inkluderar 20 observationer som inte klarade kvalitetskontrollen för medianexontäckning men som har täckning vid RET-variantens position långt över gränsen för lågt djup på 100 (medeldjup = 374).

Tabell 65 Kvantitativa SD- och CV-resultat för riktade RNA-fusioner

Stödav- läsningsnivå	Fusion	N antal giltiga försök	Genom- snittligt antal avläs- ningar som stöds	SD (%CV) per opera- tör	SD (%CV) per instru- ment	SD (%CV) per parti	SD (%CV) per dag	SD (%CV) per resi- duum	Total SD (%CV)
Låg	TPM3- NTRK1	54	20,2	2,3 (11,5)	0,9 (4,7)	3,3 (16,4)	0,8 (4,1)	5,7 (28,2)	7,1 (35,2)
	BCAN- NTRK1	54	22,1	3,4 (15,3)	1,4 (6,4)	1,8 (8,0)	0,0 (0,0)	6,0 (27,2)	7,3 (32,9)
	ETV6- NTRK2	54	20,3	0,0 (0,0)	3,2 (15,7)	4,4 (21,5)	0,0 (0,0)	8,3 (40,8)	9,9 (48,7)
	ETV6- NTRK3	54	16,2	2,3 (14,0)	2,4 (14,6)	2,2 (13,4)	0,0 (0,0)	4,7 (28,7)	6,1 (37,5)
	ETV6- NTRK3 (cellinje)	54	23,1	4,6 (19,7)	1,2 (5,1)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	6,7 (29,1)	8,2 (35,5)
	NCOA4- RET	54	13,3	1,7 (12,6)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	1,7 (12,6)	5,1 (38,3)	5,6 (42,2)
	CCDC6- RET	54	18,7	0,0 (0,0)	1,1 (6,1)	5,4 (29,1)	0,0 (0,0)	6,2 (33,0)	8,3 (44,4)
Hög	TPM3- NTRK1	54	57,1	11,2 (19,6)	1,2 (2,1)	5,7 (9,9)	2,0 (3,5)	11,9 (20,8)	17,4 (30,5)
	BCAN- NTRK1	54	53,2	8,2 (15,5)	0,8 (1,4)	5,6 (10,5)	2,9 (5,4)	11,3 (21,3)	15,4 (28,9)
	ETV6- NTRK2	54	52	0,0 (0,0)	4,1 (7,8)	7,1 (13,6)	5,7 (11,0)	12,9 (24,9)	16,3 (31,4)
	ETV6- NTRK3	54	41,7	7,2 (17,2)	0,4 (1,0)	6,4 (15,4)	0,0 (0,0)	10,7 (25,8)	14,4 (34,6)
	ETV6- NTRK3 (cellinje)	54	28,3	7,9 (28,0)	1,0 (3,6)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	9,1 (32,0)	12,1 (42,6)
	NCOA4- RET	54	24,8	3,1 (12,3)	0,0 (0,0)	5,9 (23,9)	0,0 (0,0)	6,8 (27,3)	9,5 (38,3)

Studie 2

Laboratoriets precision utvärderades för TMB och MSI. Fem NSCLC FFPE-DNA-prover för TMB och sju CRC FFPE-prover för MSI, inklusive både mikrosatellitstabil (MSS) och hög MSI, användes för att utvärdera precision på olika nivåer över hela resultatområdet. Tre operatörer körde alla prover i duplikat under tre dagar, med tre biblioteksberedningar och tre reagenspartier med tre NextSeq 550Dx-instrument som genererade 54 observationer per nivå.

Kvalitativ konkordans utvärderades för MSI-status. TSO Comprehensive (EU)-analysen visade 100 % konkordans för positiva bestämningar i procent och negativa bestämningar i procent för MSI-status. För TMB rapporterar TSO Comprehensive (EU)-analysen ett TMB-resultat. Kvalitativ konkordans är inte tillämpligt.

Den totala variationen av TMB- och MSI-resultat, tillsammans med bidraget per källa (instrument, operatörer, partier, dagar och residuum), kvantifierades med hjälp av en varianskomponentmodell för flera resultat. Standardavvikelsen (SD) och variationskoefficienten (CV) presenteras i [Tabell 661](#) för TMB och [Tabell 67](#) för MSI efter nivå. Vissa nivåer hade färre än 54 observationer på grund av ogiltiga bibliotek.

Tabell 66 Kvantitativa TMB-resultat med SD- och CV-resultat

Nivå	Genomsnittligt TMB-resultat	N antal giltiga försök	Operatör SD (%CV)	Instrument SD (%CV)	Parti SD (%CV)	Dag SD (%CV)	Resterande SD (%CV)	Totalt SD (%CV)
L1	0,3	52	0,00 (0 %)	0,06 (23 %)	0,00 (0 %)	0,08 (30 %)	0,40 (146 %)	0,41 (151 %)
L2	8,4	53	0,00 (0 %)	0,14 (2 %)	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,71 (8 %)	0,73 (9 %)
L3	15,1	54	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,20 (1 %)	0,00 (0 %)	1,16 (8 %)	1,18 (8 %)
L4	20,3	53	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,06 (0 %)	0,00 (0 %)	0,56 (3 %)	0,57 (3 %)
L5	42,3	54	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,15 (0 %)	0,00 (0 %)	1,37 (3 %)	1,38 (3 %)

Tabell 67 Kvantitativa MSI-resultat med SD- och CV-resultat

MSI-status	Nivå	Genom- snittligt MSI- resultat (%)	N antal giltiga försök	Operatör SD (%CV)	Instru- ment SD (%CV)	Parti SD (%CV)	Dag SD (%CV)	Rester- ande SD (%CV)	Totalt SD (%CV)
MS- Stable (Stabil mikro- satellit)	L1	0,80	53	0,35 (43 %)	0,00 (0 %)	0,15 (18 %)	0,00 (0 %)	0,52 (66 %)	0,64 (81 %)
	L2	5,90	53	0,47 (8 %)	0,00 (0 %)	0,84 (14 %)	0,00 (0 %)	1,26 (21 %)	1,58 (27 %)
MSI- High (Hög MSI)	L3	48,68	53	0,19 (0 %)	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	1,19 (2 %)	2,48 (5 %)	2,76 (6 %)
	L4	56,85	54	1,66 (3 %)	0,00 (0 %)	1,92 (3 %)	0,00 (0 %)	3,07 (5 %)	3,98 (7 %)
	L5	72,62	54	0,00 (0 %)	0,47 (1 %)	0,34 (0 %)	0,62 (1 %)	1,28 (2 %)	1,54 (2 %)
	L6	75,29	54	0,00 (0 %)	0,42 (1 %)	0,09 (0 %)	0,00 (0 %)	1,46 (2 %)	1,52 (2 %)
	L7	78,38	54	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,00 (0 %)	0,45 (1 %)	0,95 (1 %)	1,06 (1 %)

Variationen i TMB-resultat tenderar att öka med medelvärde, vilket är förväntat med teoretiska fördelningar av beräkningsdata. Variationen i MSI-resultat för nivåer nära MSI-resultat = 50 är större än variationen av MSI-resultat närmare 0, eller överensstämmer till 100 % med variationen i teoretiska fördelningar av proportionsdata. Residuumskomponenten förblev den största bidragsgivaren till total varians för både MSI- och TMB-resultat, vilket stöder slutsatsen att resultaten är robusta för operatörer, partier, instrument och dagar.

C5- och C95-värden runt cutoff-värdet på 20,00 % bestämdes för MSI med hjälp av en precisionsprofil (Tabell 68).

Tabell 68 C5- och C95-intervall för MSI

Resultat	C5	C95
MSI	17,17 %	23,32 %

Eftersom både MSI och TMB är komplexa biomarkörer kan däremot analytisk prestanda variera från prov till prov. Det vill säga, TMB-variationen beror inte bara på TMB-värdet utan även på sammansättningen av varianter i provet, som varianttyp (SNV, indel) och VAF-nivå (närhet till inklusionsgräns). På samma sätt beror MSI-variationen inte bara på MSI-värdet utan även på sammansättningen av platserna i provet, som antalet platser som är instabila och mängden instabilitet per plats.

Effekten av tumörinnehåll på TMB- och MSI-resultat utvärderades. För de flesta prover hade tumörinnehåll $\geq 30\%$ en försumbar inverkan på TMB-resultat över cirka 10 mutationer per megabas. TMB-resultat förblev relativt oförändrade med ökande tumörinnehåll. För prover som är MSI-High (Hög MSI) uppvisade tumörinnehållet en positiv, linjär korrelation med MSI-resultaten. För prover som är MSI-High (Hög MSI) förblev MSI-H på genomsnittet när tumörhalten var $\geq 30\%$. Endometriepröver betedde sig tydligt annorlunda än de andra vävnadstyperna och visade sig behöva en större mängd tumörinnehåll för att bestämmas som MSI-H.

Noggrannhet för tumörprofilering

Detektionen av varianter med TSO Comprehensive (EU)-analysen jämfördes med resultat från referensmetoder. Små DNA-varianter och TMB jämfördes med en NGS-metod med ett externt helexom. Genamplifieringar jämfördes mot samma NGS-metod och externa helexom eller den validerade DISH-metoden för HER2-amplifieringar. MSI utvärderades mot ett validerat MSI-PCR-test. RNA-splicevarianter jämfördes mot en validerad kvantitativ PCR-metod (qPCR). ROS1- och ALK-fusioner jämfördes med validerade FISH-analyser. Alla andra fusioner jämfördes med en sammansatt metod bestående av ett validerat RNA-helexom, en NGS-analys (RNGS1), en riktad NGS-panel (RNGS2) och digital polymeraskedjereaktion (ddPCR).

Detektion av små DNA-varianter

Detektion av små DNA-varianter med TSO Comprehensive (EU)-analysen jämfördes med resultaten av helexomsekvensering (WES), som kombinerar WES med matchade tumörprover och normala prover för bestämning av små varianter – könsellsvarianter eller somatiska varianter. Jämförelsen mellan små varianter, bestående av enkelnukleotidvarianter (SNV:er), insertioner och deletioner, baserades på 124 prover från 14 olika vävnadstyper som var giltiga för både TSO Comprehensive (EU) och WES. TSO Comprehensive (EU), men inte WES-analysen, kan detektera multinukleotidvarianter (MNV, 2–3 bp) som kräver fasning. MNV:erna i TSO Comprehensive (EU)-analysen utvärderades som individuella SNV:er mot WES. En sammanfattning av överensstämmelse på variantnivå, inklusive positiv procentuell överensstämmelse (PPA) och negativ procentuell överensstämmelse (NPA) för alla variantbestämningar visas i [Tabell 69](#).

Tabell 69 Sammanfattning av överensstämmelse för bestämning av små varianter utvärderade efter könsellsstatus eller somatisk status

	Somatisk bestämning med WES	Könsellsbestämning med WES	Ingen bestämning med WES
Bestämningar med TSO Comprehensive (EU)	382	33 163	426
Ingen bestämning med TSO Comprehensive (EU)	69	61	70 000 481
Totalt	451	33 224	70 000 907

	Somatisk bestämning med WES	Könsellsbestämning med WES	Ingen bestämning med WES
Procentuell överensstämmelse	PPA: 85 % (382/451) 95 % KI: (81 %– 87 %)	PPA: 99,8 % (33 163/33 224) 95 % KI: (99,8 %– 99,9 %)	NPA: 99,999 % (70 000 481/70 000 907) 95 % KI: (99,999 %– 99,999 %)

Totalt bestämde TSO Comprehensive (EU) 426 somatiska varianter som inte detekterades av WES-metoden. Tvåhundrafyra (48 %) av varianterna hade variantallfrekvenser under tröskeln för bestämning med WES-metoden. Bland de återstående potentiellt falska positiva varianterna fanns det bevis för variantbestämningen i WES-metoden med lågt stöd. Många av varianterna hade även en mycket låg nivå av WES-bevis för de matchade normala proverna. Det tyder på att WES missade varianterna i tumören på grund av kontaminering av prover med tumörvävnad och normal vävnad.

SNV:er, insertioner och deletioner utvärderades även individuellt för överensstämmelse ([Tabell 70](#), [Tabell 71](#) och [Tabell 72](#)).

Tabell 70 Sammanfattning av överensstämmelse mellan TSO Comprehensive (EU) och WES för små DNA-varianter (SNV:er)

SNV:er	Somatisk bestämning med WES	Könsellsbestämning med WES	Ingen bestämning med WES	Totalt
Bestämningar med TSO Comprehensive (EU)	320	33 107	369	33 796
Ingen bestämning med TSO Comprehensive (EU)	58	40	70 000 687	70 000 785
Totalt	378	33 147	70 001 056	70 034 581

Tabell 71 Sammanfattning av överensstämmelse för TSO Comprehensive (EU) och WES för DNA-insertioner

Insertioner	Somatisk bestämning med WES	Könsellsbestämning med WES	Ingen bestämning med WES	Totalt
Bestämningar med TSO Comprehensive (EU)	15	23	18	56
Ingen bestämning med TSO Comprehensive (EU)	5	17	70 034 504	70 034 526
Totalt	20	40	70 034 522	70 034 582

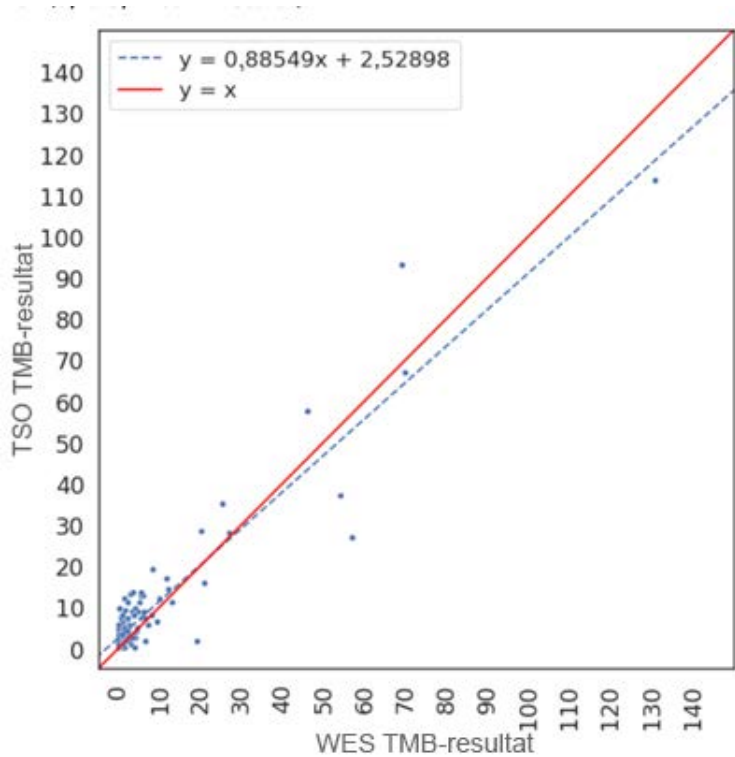
Tabell 72 Sammanfattning av överensstämmelse för TSO Comprehensive (EU) och WES för DNA-deletioner

Deletioner	Somatisk bestämning med WES	Könscellsbestämning med WES	Ingen bestämning med WES	Totalt
Bestämningar med TSO Comprehensive (EU)	47	33	39	119
Ingen bestämning med TSO Comprehensive (EU)	6	4	70 034 453	70 034 463
Totalt	53	37	70 034 492	70 034 582

Detektion av tumörmutationell börda

TMB-överensstämmelse bestämdes genom att jämföra TMB-resultat (somatiska mutationer/megabas) mellan WES-metoden och TSO Comprehensive (EU) för 124 prover med tillgängliga data från både TSO Comprehensive (EU) och WES. Linjär regressionsanalys med WES som variabel hade en y-skärning på 2,53, en lutning på 0,89 och en Pearsons korrelationskoefficient på 0,94 (Bild 5).

Bild 5 Korrelation mellan TMB-resultat från WES och TSO Comprehensive (EU)



Detektion av genamplifiering

Detektionen av genamplifieringar med TSO Comprehensive (EU)-analysen jämfördes med resultaten av samma WES-analys med antingen matchade tumörprover och normala prover eller endast tumörprover. Totalt fanns det 420 prover varav 183 använde den ortogonala metoden för tumörprover och normala prover och 237 använde metoden för endast tumörprover. Proverna kom från 14 vävnadstyper och innehöll amplifieringar från 55 gener. TSO Comprehensive (EU) rapporterar genamplifieringar från generna MET och ERBB2. Noggrannhet bedömdes däremot för alla 55 gener. En sammanfattning av bestämningarna av genamplifiering finns i [Tabell 73](#).

Tabell 73 Bestämningar av genamplifiering

	Positiva för WES	Negativa för WES
Positiva för TSO Comprehensive (EU)	337	415
Negativa för TSO Comprehensive (EU)	28	24 000
Totalt	365	24 415
Procentuell överensstämmelse	PPA: 92 % (337/365) 95 % KI: (89 %, 95 %)	NPA: 98,3 % (24 000/24 415) 95 % KI: (98,1 %, 98,5 %)

ERBB2 (HER2)-amplifieringar i mag- och bröstvävnader analyserades separat från andra genamplifieringar med användning av dubbel in situ hybridisering (DISH). Totalt testades 116 bröst- och magprover, varav 64 tidigare hade karakteriserats som HER2-positiva av IHC eller FISH. Ett prov misslyckades vid extraktion (EU), tre prover var inte giltiga i TSO Comprehensive (EU) och tre prover var inte giltiga i DISH-analysen. Av de 108 proverna hade 20 (18,5 %) resultat som var gränsfall (mellan 1,5 och 2,5) nära DISH-brytvärdet på 2,0.

Konkordansresultat, inklusive PPA, NPA för alla prover samt exklusive gränsfall av HER2 DISH, visas i [Tabell 74](#).

Tabell 74 Sammanfattning av konkordans mellan TSO Comprehensive (EU) och HER2 DISH, inklusive HER2-genamplifiering

HER2-genamplifiering (mag- och bröstvävnader)	HER2 DISH, amplifierad	HER2 DISH, inte amplifierad
Positiva för TSO Comprehensive (EU)	17 (inklusive 1 på gränsen)	13 (inklusive 1 på gränsen)
Negativa för TSO Comprehensive (EU)	10 (inklusive 6 på gränsen)	68 (inklusive 12 på gränsen)
Procentuell överensstämmelse inklusive gränsfall	PPA: 63 % (17/27) 95 % KI: (44 %, 78 %)	NPA: 84 % (68/81) 95 % KI: (74 %, 90 %)
Procentuell överensstämmelse exklusive gränsfall	PPA: 80 % (16/20) 95 % KI: (58 %, 92 %)	NPA: 82 % (56/68) 95 % KI: (72 %, 90 %)

Detektion av mikrosatellitinstabilitet

Upptäckten av mikrosatellitinstabilitet med TSO Comprehensive (EU)-analysen jämfördes med resultaten från ett validerat MSI-PCR-test som använde matchade tumörprover och normala prover för testning. Totalt jämfördes 195 prover, som uppfyllde kravet på tumörinnehåll på $\geq 30\%$ och representerar 14 vävnadstyper. MSI-PCR utvärderar fem platser och har tre möjliga resultat – MSS (inga instabila platser), MSI-Low (Låg MSI) (en instabil plats) och MSI-High (Hög MSI) (två eller fler instabila platser). TSO Comprehensive (EU) utvärderar upp till 130 mikrosatellitplatser och klassificerar endast prover som MSS eller MSI-High (Hög MSI) ($\geq 20\%$ instabila platser). MSI-Low (Låg MSI) grupperades med MSS-resultat för MSI-PCR. Konkordansanalysen visas i [Tabell 75](#).

Tabell 75 Sammanfattning av konkordansanalys mellan TSO Comprehensive (EU) och MSI-PCR för DNA-mikrosatellitinstabilitet

Mikrosatellitinstabilitet	PCR, hög MSI	PCR, låg MSI	PCR, MSS
TSO Comprehensive (EU)-instabil (hög MSI)	40	2	0
TSO Comprehensive (EU)-stabil (MSS)	3	0	150
Totalt	43	2	150
Procentuell överensstämmelse	PPA: 93 % (40/43) 95 % KI: (81 %, 98 %)	NPA: 99 % (150/152) 95 % KI: (95 %, > 99 %)	

Detektion av RNA-splicevariant

Noggrannhet för detektion av splicevarianter beräknades genom att jämföra TSO Comprehensive (EU)-resultat med qPCR-analyser för EGFRvIII och Met Exon 14del, inklusive ett känt positivt RNA-resultat för var och en av splicevarianterna. Konkordansanalys utfördes på totalt 230 unika FFPE RNA-prover från 14 vävnadstyper med tillgängliga data från både TSO Comprehensive (EU) och referensmetoden. Alla prover testades för MET Exon 14del, medan EGFRvIII endast testades i respektive hjärnvävnad. Tre prover som ansågs positiva för MET Exon 14del av qPCR men inte av TSO Comprehensive (EU) hade en genomsnittligt Ct-värde > 37 och låg under LoD-nivån för TSO Comprehensive (EU).

Tabell 76 Sammanfattning av konkordansanalys mellan TSO Comprehensive (EU) och qPCR-analys för RNA-splicevarianter

RNA-splicevarianter	qPCR-positiva	qPCR-negativa
Positiva för TSO Comprehensive (EU) (EGFRvIII)	3	0
Negativa för TSO Comprehensive (EU) (EGFRvIII)	0	13
Positiva för TSO Comprehensive (EU) (Met Exon 14Del)	1	0

RNA-splicevarianter	qPCR-positiva	qPCR-negativa
Negativa för TSO Comprehensive (EU) (Met Exon 14Del)	3	217
Totalt	7	230
Procentuell överensstämmelse	PPA: 57 % (4/7) 95 % KI: (25 %, 84 %)	NPA: 100 % (230/230) 95 % KI: (98 %, 100 %)

Detektion av RNA-fusion

Jämförelse med en sammansatt metod

TSO Comprehensive (EU)-fusioner jämfördes med en sammansatt metod bestående av RNA-helexomsekvensering (WES) med hjälp av en NGS-panel (RNGS1), en riktad NGS-fusionspanel (RNGS2) och digital polymeraskedjereaktion (ddPCR).

RNGS1 metoden överlappar alla gener för vilka TSO Comprehensive (EU) kan detektera fusioner. Detektionsgränsen för RNGS1-metoden var däremot 4x–8x den för TSO Comprehensive (EU) baserat på antalet stödda avläsningar som observerats i de överlappande fusionsbestämningarna. Därför användes en sammansatt metod med ytterligare två metoder med större känslighet men mindre bredd för fusioner i samband med WES-metoden (RNGS1).

Totalt 255 unika RNA-prover representerande 14 vävnadstyper och godkända TSO Comprehensive (EU)-mått testades RNGS1. Två prover fick ogiltiga resultat vid kvalitetskontrollen av RNGS1-proverna och exkluderades från ytterligare analys. Av de 82 fusioner som bestämdes av TSO Comprehensive (EU) uteslöts fyra från utvärderingen på grund av kvalitetskontrollfel för RNGS1-prover, och ytterligare sju fusioner kunde inte bestämmas på grund av frånvaron av målen i RNGS1-panelen. Av de återstående 71 fusioner som bestämts av TSO Comprehensive (EU) bekräftades nio fusioner RNGS1. RNGS1 bestämde fyra fusioner som inte bestämdes av TSO Comprehensive (EU).

Bland de 62 fusionerna som var TSO Comprehensive (EU)-positiva och inte detekterades av RNGS1 överlappade 13 med och bekräftades RNGS2. En fusion bestämdes av RNGS2 men bestämdes inte av TSO Comprehensive (EU).

ddPCR användes sedan för fusioner som bestämdes av TSO Comprehensive (EU), inte bestämdes eller inte kunde bestämmas RNGS1, och inte kunde utvärderas RNGS2 (49). Dessutom användes ddPCR för omvärdering av två av de fyra falskt negativa fusionerna för TSO Comprehensive (EU) med RNGS1, och två av nio överensstämmande fusioner för TSO Comprehensive (EU) och RNGS1. Fem fusionsnegativa prover inkluderades med testning av varje positivt fusionsprov för att säkerställa specificitet. 18 fusioner testades inte med ddPCR på grund av oförmåga att designa primrar/prober, flera genpartners för fusionen eller otillräckligt kvarvarande FFPE-material. För ddPCR designades primrar och prober mot de observerade brytpunkterna i TSO Comprehensive (EU)-analysen.

Totalt upptäcktes 52 fusioner av ddPCR, 41 av dessa bestämdes av TSO Comprehensive (EU) men bestämdes inte eller kunde inte bestämmas RNGS1. Nio fusioner bestämdes av ddPCR men var negativa i TSO Comprehensive (EU) eller RNGS1. Två ddPCR-positiva fusioner bekräftade de två överensstämmande fusionerna för TSO Comprehensive (EU) och RNGS1. Ingen fusion upptäcktes med ddPCR för de två omvärderade falskt negativa TSO Comprehensive (EU)-resultaten med RNGS1 – de räknades däremot som falskt negativa baserat på RNGS1-jämförelsen.

De sammansatta metodernas konkordansresultat (RNGS1, RNGS2 och ddPCR) för fusioner visas i [Tabell 77](#).

De 63 fusioner som överensstämde med den sammansatta metoden representerade 43 gener i TSO Comprehensive (EU)-panelen. Däremot är fusioner endast kvalificerade för rapportering från de 23 gener som anges i [Genpanel för TSO Comprehensive-analysen \(EU\) på sidan 2](#).

Tabell 77 Korstabulering av resultaten från TSO Comprehensive (EU) mot den sammansatta metoden för RNA-fusioner (253 prover)

Fusioner	Positiva för den sammansatta metoden	Negativa för den sammansatta metoden
Positiva för TSO Comprehensive (EU)	63 ¹	18
Negativa för TSO Comprehensive (EU)	14 ²	13 821
Totalt	77	13 839
Procentuell överensstämmelse	PPA: 82 % (63/77) 95 % KI: (72 %, 89 %)	NPA: 99,9 % (13 821/13 839) 95 % KI: (99,8 %, 99,9 %)

¹ 63 sant positiva TSO Comprehensive (EU)-resultat = nio positiva överensstämde med RNGS1 + 13 positiva överensstämde med RNGS2 + 41 positiva överensstämde med ddPCR.

² 14 falskt negativa TSO Comprehensive (EU)-resultat = fyra negativa överensstämde inte med RNGS1 + ett negativt överensstämde inte med RNGS2 + nio negativa överensstämde inte med ddPCR.

Jämförelse med FISH-metoden för ROS1- och ALK-fusioner

Tjugofem NSCLC-prover testades med FISH för både ROS1- och ALK-fusioner och ytterligare fem NSCLC-prover testades för ROS1-fusioner. Åtta prover misslyckades med FISH för ROS1 på grund av otillräcklig vävnad. Två ROS1-fusioner och en ALK-fusion detekterades av både TSO Comprehensive (EU) och FISH. Inga avvikande resultat observerades.

ALK+ROS1	Positiva för FISH	Negativa för FISH
Positiva för TSO Comprehensive (EU)	3	0
Negativa för TSO Comprehensive (EU)	0	44

ALK+ROS1	Positiva för FISH	Negativa för FISH
Totalt	3	44
Procentuell överensstämmelse	PPA: 100 % (3/3) 95 % KI: (44 %, 100 %)	NPA: 100 % (44/44) 95 % KI: (92 %, 100 %)

Provgiltighet

Provernans giltighet (första försöket) mättes för 181 unika RNA-prover och 272 unika DNA-prover från FFPE-block som var ≤ 5 år gamla. Proverna valdes utifrån vävnadstyp och tillgängligt material. Analysens giltighet var okänd. Bibliotekets kvalitetskontrollmått måste godkännas för att varianttypen ska anses vara giltig. Provernans validitet utvärderades separat för var och en av varianttyperna (små DNA-varianter/TMB, MSI, genamplifieringar, fusioner/splicevarianter) och resultaten visas i [Tabell 78](#).

Tabell 78 Provgiltighet

Varianttyp	Provgiltighet
Fusioner/splicevarianter (RNA)	76 %
Små DNA-varianter/TMB	75 %
MSI	72 %
Genamplifiering	94 %

Sammanfattning av analytisk validering

Baserat på data för detektionsgräns, precision, reproducerbarhet och noggrannhetsdata är TSO Comprehensive (EU) analytiskt validerad för följande:

- Små DNA-varianter – SNV:er, MNV:er, insertioner och deletioner
- TMB
- MSI
- Genamplifieringarna MET och ERBB2 (HER2) (se [Genpanel för TSO Comprehensive-analysen \(EU\) på sidan 2](#))
- 23 gener för vilka fusioner kan detekteras (se [Genpanel för TSO Comprehensive-analysen \(EU\) på sidan 2](#))
- Splicevarianterna EGFR och MET (se [Genpanel för TSO Comprehensive-analysen \(EU\) på sidan 2](#))

Kliniska prestanda

För att validera TSO Comprehensive (EU)-analysen som en produkt för behandlingsvägledande diagnostik (CDx) för val av patienter för behandling med VITRAKVI® (larotrectinib, Bayer AG) testades prover från patienter som registrerats i de kliniska studierna av larotrectinib (NCT02122913, NAVIGATE NCT02576431, SCOUT

NCT02637687 – hänvisas gemensamt till som larotrectinib-studieproverna) med den 15 juli 2019 som slutdatum för datainsamling, kompletterad med kommersiellt framställda FFPE-vävnadsprover, för att stödja en noggrannhetsstudie och en jämförande klinisk studie med TSO Comprehensive (EU)-analysen.

NCT02122913 var en öppen multicenterstudie i fas 1 som studerade dosökning hos vuxna patienter med avancerade solida tumörer (alla tumörer) som valts bort för NTRK-fusionspositiv cancer. Efter dosökningsdelen av studien inleddes en dosutvidgning för patienter med dokumenterad NTRK-fusionspositiv cancer samt för patienter som prövaren ansåg kunde dra nytta av en mycket selektiv TRK-hämmare. NAVIGATE NCT02576431 är en pågående, öppen multicenter- och korgstudie i fas 2 för patienter som är 12 år och äldre samt har återkommande avancerade solida tumörer med en dokumenterad NTRK-fusion som bedömts av ett externt laboratorium. SCOUT NCT02637687 är en pågående, öppen multicenterstudie i fas 1/2 för pediatrika patienter från 0 år till 21 år med avancerade solida eller primära tumörer i centrala nervsystemet (CNS).

Av de NTRK-fusionspositiva patienter som inkluderades i studien med TSO Comprehensive (EU)-analysen bildade 164 larotrectinib-setet med utökad primär effekt (ePAS4).

Noggrannhetsstudie för detektion av NTRK1-, NTRK2- och NTRK3-fusioner

Noggrannheten hos TSO Comprehensive (EU)-analysen för att detektera NTRK-fusioner (NTRK1, NTRK2 eller NTRK3) hos patienter med solida tumörer visades genom att bedöma överensstämmelsen mellan NTRK-fusionsresultaten mellan TSO Comprehensive-analysen och en validerad ortogonal metod baserad på nästa generations sekvensering (NGS).

En retrospektiv observationsstudie genomfördes. Larotrectinib-studieprover och kompletterande prover testades med TSO Comprehensive (EU)-analysen på en extern plats och med en ortogonal metod vid ett studielaboratorium. Noggrannheten hos TSO Comprehensive (EU)-analysens NTRK-fusionsbestämningar uppskattades i förhållande till den ortogonala metoden – positiv procentuell överensstämmelse (PPA), negativ procentuell överensstämmelse (NPA) och de tvåsidiga 95 % konfidensintervallen (KI) beräknades.

516 prover testades med TSO Comprehensive (EU)-analysen och/eller den ortogonala metoden. Av dessa testades 499 med båda metoderna. Sjutton av de 516 proverna testades inte med någon av analyserna på grund av misslyckad extraktion, okänd anledning (för den ortogonala metoden) eller protokollavvikelse. Av de 499 proverna som testades med båda metoderna var 170 (34,1 %) larotrectinib-studieprover och 329 (65,9 %) var kompletterande prover.

En korstabulering över resultaten för de 499 proverna visas i tabell 1. Av de 499 proverna hade 85 prover ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat och av dessa 85 hade 53 även ogiltiga resultat för den ortogonala metoden. Ytterligare sju prover hade ogiltiga resultat för den ortogonala metoden. Således hade 407 av de 499 proverna giltiga resultat med båda metoderna.

Tabell 79 NTRK-noggrannhetsstudie: Korstabulering av resultat från TSO Comprehensive (EU) kontra resultat från den ortogonala metoden för detektion av NTRK-fusioner

Resultat från TSO Comprehensive (EU)-analysen	Resultat från den ortogonala metoden			
	Positiva för NTRK-fusion	Negativa för NTRK-fusion	Ogiltiga	Totalt
Positiva för NTRK-fusion	114	16	1	131
Negativa för NTRK-fusion	4	273	6	283
Ogiltiga*	4	28	53	85
Totalt	122	317	60	499

* Ogiltiga resultat från TSO Comprehensive (EU)-analysen kommer från prov- och körningsnivå.

Överensstämmelseanalyserna, exklusive och inklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat, visas i tabell 2. Exklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat var PPA 96,6 % (114/118; 95 % KI: 91,5 %–99,1 %) och NPA var 94,5 % (273/289; 95 % KI: 91,2 %–96,8 %).

Tabell 80 NTRK-noggrannhetsstudie: PPA och NPA för TSO Comprehensive (EU)-analysen jämfört med resultat från den ortogonala metoden för detektion av NTRK-fusioner

Mått på överensstämmelse	Exklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat		Inklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat	
	Överensstämmelse, % (n/N)	95 % KI*	Överensstämmelse, % (n/N)	95 % KI*
PPA	96,6 % (114/118)	91,5 %–99,1 %	93,4 % (114/122)	87,5 %–97,1 %
NPA	94,5 % (273/289)	91,2 %–96,8 %	86,1 % (273/317)	81,8 %–89,7 %

* 95 % KI baserat på (exakt) Clopper-Pearson-metoden.

Jämförande klinisk studie för detektion av NTRK1-, NTRK2- och NTRK3-fusioner

Den kliniska giltigheten hos TSO Comprehensive (EU)-analysen för att detektera NTRK1-, NTRK2- eller NTRK3-fusioner hos patienter med solida tumörer som kan dra nytta av behandling med larotrectinib visades i en jämförande klinisk studie. Studien utfördes för att bedöma den kliniska effektiviteten av TSO Comprehensive (EU)-analysen för att identifiera patienter som var positiva för NTRK1-, NTRK2- eller NTRK3-fusioner för behandling med larotrectinib, samt för att bedöma överensstämmelsen mellan TSO Comprehensive (EU)-analysen och lokala testmetoder (LT-metoder) (som används för att fastställa NTRK-fusionsstatus för de kliniska studierna med larotrectinib).

LT-metoder inkluderade NGS, fluorescent in-situ-hybridisering (FISH), polymeraskedjereaktion (PCR) och NanoString-analyser. NTRK-fusioner (ETV6 NTRK3) antogs för patienter med infantilt fibrosarkom som hade en dokumenterad ETV6-translokation som identifierats av FISH. Majoriteten av de 235 larotrectinib-studiepatienterna med en känd NTRK-fusionsstatus hade testats med NGS-metoder.

Studierna NAVIGATE NCT02576431 och SCOUT NCT02637687 fortsätter att registrera deltagare. Vid slutdatumet för datainsamling, den 15 juli 2019, hade 279 patienter registrerats. Av de 279 patienterna var 208 positiva för NTRK-fusion. Av de 208 positiva patienterna bildade 164 larotrectinib ePAS4.

Det primära effektmåttet för effektivitetsanalysen av larotrectinib var total svarsfrekvens (ORR) enligt bedömning av en oberoende granskningskommitté i en sammanslagen datauppsättning från de tre kliniska studierna. ORR bedömdes baserat på andelen patienter med bästa totala svar av bekräftat fullständigt svar eller bekräftat partiellt svar baserat på RECIST-riktlinjer, version 1.1. ORR i larotrectinib ePAS4 var 72,6 % (95 % KI [65,1 %, 79,2 %]) och inkluderade patienter med 16 olika tumörtyper.

Redovisning av prover

Provuppsättningen inkluderade ett brett spektrum av tumörtyper och prover från pediatrika och vuxna patienter.

Den 15 juli 2019 hade 279 patienter registrerats i larotrectinib-studierna. Av dessa hade 235 patienter en känd NTRK-fusionsstatus som bestämts med en LT-metod: 208 var positiva och 27 var negativa. För 44 patienter var NTRK-fusionsstatusen okänd, eftersom testning inte krävdes för att patienten skulle vara lämplig i dosökningsfaserna i studierna NCT02122913 och SCOUT NCT02637687. För den jämförande kliniska studien med TSO Comprehensive (EU)-analysen var prover från larotrectinib-studiepatienter med känd NTRK-fusionsstatus (208 positiva patienter och 27 negativa patienter) som registrerats fram till den 15 juli 2019 och de kompletterande proverna som fastställdes vara NTRK-fusionsnegativa med representativa LT-metoder kvalificerade att användas.

Av de 208 larotrectinib-studieprover som var positiva hade 154 ett prov tillgängligt för testning med TSO Comprehensive (EU)-analysen. Av dessa hade 138 giltiga resultat. Femton (15) prover var ogiltiga på grund av misslyckade provsekvenseringskvalitetsmått och ett prov testades inte på grund av en protokollavvikelse. Av de 27 larotrectinib-studieprover som var negativa hade 24 ett prov tillgängligt för testning. Av dessa hade 22 giltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat. Två prover var ogiltiga på grund av misslyckade provsekvenseringskvalitetsmått.

Kompletterande prover screenades med en av två representativa LT-metoder. Mer än 350 prover samlades in och undersöktes med avseende på tumörinnehåll. Av de kompletterande proverna som uppfyllde provkraven extraherades 266 framgångsrikt och bekräftades vara NTRK-fusionsnegativa med en representativ LT-metod. Av dessa var 260 tillgängliga för testning med TSO Comprehensive (EU)-analysen, varav 222 hade giltiga resultat. Det fanns 38 prover som var ogiltiga på grund av att provsekvenseringsmått misslyckades (n = 25) eller körningssekvenseringen misslyckades (n = 13). Den totala NTRK-fusionsnegativa uppsättningen bestod av 222 kompletterande prover och 22 larotrectinib-studieprover.

Konkordansresultat

Överensstämmelsen mellan TSO Comprehensive (EU)-resultat i förhållande till resultat från LT-metoderna, med och utan ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-resultat, visas i [Tabell 81](#).

Tabell 81 Jämförande klinisk studie för NTRK: Överensstämmelse mellan TSO Comprehensive (EU)-analysen och LT-metoder för detektion av NTRK-fusioner

Mått på överensstämmelse	Exklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat		Inklusive ogiltiga TSO Comprehensive (EU)-analysresultat	
	% överensstämmelse (n/N)	95 % KI*	% överensstämmelse (n/N)	95 % KI*
PPA	89,1 % (123/138)	82,7 %–93,8 %	80,4 % (123/153)	73,2 %–86,4 %
NPA	96,3 % (235/244)	93,1 %–98,3 %	82,7 % (235/284)	77,8 %–87,0 %
OPA	93,7 % (358/382)	90,8 %–95,9 %	81,9 % (358/437)	78,0 %–85,4 %

* Det tvåsidiga 95 % KI beräknades med (exakt) Clopper-Pearson-metoden.

En känslighetsanalys mot saknade TSO Comprehensive (EU)-analysresultat visade på överensstämmelseanalysens robusthet. Saknade TSO Comprehensive (EU)-analysresultat för patienterna som funnits positiva för NTRK-fusioner med LT (n = 70) imputerades med hjälp av en logistisk regressionsmodell. Uppskattningar av överensstämmelsen, inklusive imputerade värden, visas i [Tabell 82](#).

Tabell 82 Jämförande klinisk studie för NTRK: Överensstämmelse mellan TSO Comprehensive (EU)-analysen och LT-metoder för detektion av NTRK-fusioner inklusive imputerade värden för patienter som funnits positiva med LT och saknar TSO Comprehensive (EU)-analysresultat

Mått på överensstämmelse	% överensstämmelse	95 % KI*
PPA	85,2 %	78,6 %–91,7 %
NPA	96,3 %	93,9 %–98,7 %
OPA	91,2 %	87,9 %–94,5 %

TSO Comprehensive (EU)-analysresultat för patienter som funnits fusionsnegativa med LT imputerades inte.

* Det tvåsidiga 95 % KI beräknades baserat på bootstrapping-metoden med multipel imputering. Bootstrapping-metoden med multipel imputering är ett bootstrap-steg som är kapslat i den multipla imputeringen (Schomaker and Heumann 2018).

Överensstämmelse mellan TSO Comprehensive (EU)-analysen och LT per metodtyp (t.ex. RNA NGS, FISH) visas i [Tabell 83](#).

Tabell 83 Jämförande klinisk studie för NTRK: Överensstämmelse mellan TSO Comprehensive (EU)-analysen och LT-metoder för detektion av NTRK-fusioner med LT-metodtyp

LT-metodtyp	Mått på överensstämmelse	% överensstämmelse (n/N)	95 % KI ¹
DNA NGS	PPA	84,2 % (32/38)	68,7 %–94,0 %
	NPA	88,9 % (16/18)	65,3 %–98,6 %
	OPA	85,7 % (48/56)	73,8 %–93,6 %

LT-metodtyp	Mått på överensstämmelse	% överensstämmelse (n/N)	95 % KI ¹
RNA NGS ²	PPA	91,5 % (75/82)	83,2 %–96,5 %
	NPA	96,9 % (218/225)	93,7 %–98,7 %
	OPA	95,4 % (293/307)	92,5 %–97,5 %
FISH	PPA	80,0 % (8/10)	44,4 %–97,5 %
	NPA	Ej beräknat (1/1)	Ej beräknat
	OPA	81,8 % (9/11)	48,2 %–97,7 %
PCR	PPA	100,0 % (8/8)	63,1 %–100,0 %
	NPA	Ej beräknat (0/0)	Ej beräknat
	OPA	100,0 % (8/8)	63,1 %–100,0 %

¹ Det tvåsidiga 95 % KI beräknades med (exakt) Clopper-Pearson-metoden.

² Inkluderar NGS-metoder som endast använder RNA samt både DNA och RNA.

Ej beräknat: för undergrupper med < 5 prover beräknades inte statistik för överensstämmelse.

Av de 437 proverna som testades med TSO Comprehensive (EU)-analysen hade 24 avvikande resultat jämfört med LT-metoderna: 15 var positiva med LT-metoderna och negativa med TSO Comprehensive (EU)-analysen, och 9 var negativa med LT-metoderna och positiva med TSO Comprehensive (EU)-analysen. Av de 24 proverna med ej överensstämmande resultat testades åtta med en DNA NGS LT-metod, 14 med en RNA NGS LT-metod och två med FISH.

En validerad oberoende NGS-metod bekräftade TSO Comprehensive (EU)-analysens resultat i 14 av de 24 proverna med ej överensstämmande resultat. För de återstående tio proverna var TSO Comprehensive (EU)-analysresultaten ej överensstämmande med både LT och den oberoende NGS-metoden.

Kliniska effektivitetsresultat

Inom ePAS4 var effekten av larotrectinib i den TSO Comprehensive (EU)-positiva och LT-positiva populationen (97 patienter, ORR = 78,4 %, 95 % KI [68,8 %, 86,1 %]) liknande effekten av larotrectinib i den totala ePAS4-populationen (164 patienter, ORR = 72,6 %, 95 % KI [65,1 %, 79,2 %]) ([Tabell 84](#)). Av de 97 TSO Comprehensive (EU)-positiva patienterna ePAS4 hade 28 (28,9 %) patienter uppnått ett fullständigt svar/stringent fullständigt svar och 48 (49,5 %) patienter hade uppnått ett partiellt svar.

Av de 13 TSO Comprehensive (EU)-negativa och LT-positiva populationerna visade en (7,7 %) fullständigt svar och två (15,4 %) partiellt svar med larotrectinib-behandling.

Tabell 84 Jämförande klinisk studie för NTRK: ORR för LT-positiva patienter enligt resultat från LT och TSO Comprehensive (EU) i ePAS4

		Positiva för fusion med LT, N = 164	Positiva med TSO Comprehensive (EU) och LT, N = 97	Negativa med TSO Comprehensive (EU) och positiva med LT, N = 13
Bästa övergripande svar, n (%)	Fullständigt svar	31 (18,9 %)	22 (22,7 %)	1 (7,7 %)
	Stringent fullständigt svar	8 (4,9 %)	6 (6,2 %)	0
	Partiellt svar	80 (48,8 %)	48 (49,5 %)	2 (15,4 %)
	Stabil sjukdom	25 (15,2 %)	13 (13,4 %)	4 (30,8 %)
	Progressiv sjukdom	13 (7,9 %)	6 (6,2 %)	5 (38,5 %)
	Ej utvärderingsbar	7 (4,3 %)	2 (2,1 %)	1 (7,7 %)
Total svarsfrekvens	Antal patienter, n	164	97	13
	Antal patienter med CR + sCR + PR, n	119	76	3
	ORR% (95 % KI*)	72,6 % (65,1 %, 79,2 %)	78,4 % (68,8 %, 86,1 %)	23,1 % (5,0 %, 53,8 %)

Förkortningar: CR = Complete Response (fullständigt svar), PR = Partial Response (partiellt svar), sCR = Surgical Complete Response (stringent fullständigt svar).

* Det tvåsidiga 95 % konfidensintervallet beräknades med (exakt) Clopper-Pearson-metoden.

54 patienter saknar TSO Comprehensive (EU)-analysresultat.

Data från den här studien stöder säkerheten och effektiviteten av TSO Comprehensive (EU)-analysen när den används för att identifiera patienter med solida tumörer med NTRK-fusioner som kan vara lämpliga för behandling med larotrectinib.

Referenser

1. American Society of Clinical Oncology. www.asco.org.
2. Europeiska sällskapet för medicinsk onkologi. www.esmo.org.

Revisionshistorik

Dokument	Datum	Ändringsbeskrivning
Dokumentnr 200007789 v05	September 2022	Uppdaterade reproducerbarhetstabeller för studie 2.
Dokumentnr 200007789 v04	Juni 2022	Tillagd analysmodul TSO Comprehensive v2.3.5 PNs. Borttagen analysmodul TSO Comprehensive v2.3.3 PNs. Uppdaterad terminologi i avsnittet Gräns för blank.
Dokumentnr 200007789 v03	April 2022	Prestandaegenskaper relaterad till NTRK-fusioner har lagts till. Märkningen ENDAST FÖR EXPORT har lagts till. Den avsedda användningen har uppdaterats för att lägga till ett CDx-påstående för NTRK1-3. Informationen om produktkomponenter har utökats för att inkludera programvarukomponenters artikelnummer.
Dokumentnr 200007789 v02	Februari 2022	Tabellreferensfel har korrigerats. Begränsning relaterad till könscellsvarianter och somatiska varianter har lagts till. Formuleringar om detektion av genamplifiering har förtydligats.
Dokumentnr 200007789 v01	December 2021	Begränsningarna har uppdaterats. Specifikationerna för magnetstativets och termocyklern har förtydligats i utrustnings- och materiallistorna.
Dokumentnr 200007789 v00	November 2021	Första versionen.

Patent och varumärken

Dokumentet och dess innehåll tillhör Illumina, Inc. och dess dotterbolag ("Illumina") och är endast avsett för användning enligt avtal i samband med kundens bruk av produkterna som beskrivs här. Allt annat bruk är förbjudet. Dokumentet och dess innehåll får ej användas eller distribueras i något annat syfte och/eller återges, delges eller reproduceras på något vis utan föregående skriftligt tillstånd från Illumina. I och med detta dokument överlåter Illumina inte någon licens som hör till dess patent, varumärke eller upphovsrätt, eller i enlighet med rättspraxis eller liknande tredjepartsrättigheter.

Instruktionerna i detta dokument ska följas till punkt och pricka av kvalificerad och lämpligt utbildad personal för att säkerställa rätt och säker produktanvändning i enlighet med beskrivning här. Hela innehållet i dokumentet ska läsas och förstås i sin helhet innan produkten (produkterna) används.

UNDERLÅTENHET ATT LÄSA OCH FÖLJA ALLA INSTRUKTIONER HÄRI I SIN HELHET KAN MEDFÖRA SKADA PÅ PRODUKTEN/PRODUKTERNA, PERSONSKADA, INKLUSIVE SKADA PÅ ANVÄNDAREN/ANVÄNDARNA ELLER ANDRA PERSONER SAMT SKADA PÅ ANNAN EGENDOM, OCH LEDER TILL ATT EVENTUELL GARANTI FÖR PRODUKTEN/PRODUKTERNA BLIR OGILTIG.

ILLUMINA KAN INTE ÅLÄGGAS NÅGOT ANSVAR SOM UPPKOMMER GENOM FELAKTIG ANVÄNDNING AV PRODUKTERNA SOM BESKRIVS HÄRI (INKLUSIVE DELAR DÄRI ELLER PROGRAM).

© 2022 Illumina, Inc. Med ensamrätt.

Alla varumärken tillhör Illumina, Inc. eller respektive ägare. Specifik varumärkesinformation finns på www.illumina.com/company/legal.html.

Kontaktinformation



Illumina
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 USA
+1 800-8094566
+1 858-2024566 (utanför Nordamerika)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com



Illumina Netherlands B.V.
Steenoven 19
5626 DK Eindhoven
Nederländerna

Märkning av produkter

En fullständig lista över symbolerna på produktens förpackning och etiketter finns i symbolförklaringen på support.illumina.com, under fliken *Documentation* (Dokumentation) för respektive produkt.