

Test SarcomaFusion

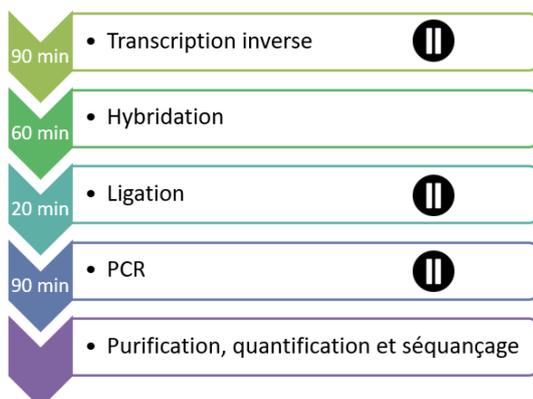


La solution **SarcomaFusion** de Genexpath permet de mettre en évidence 140 transcrits de fusion associés aux sarcomes. Elle est applicable aux échantillons d'ARN de faible qualité extraits à partir de sections de biopsies tissulaires fixées et incluses en paraffine obtenues en clinique. Une biopsie à l'aiguille est également suffisante pour obtenir un échantillon analysable. La détection et la quantification des anomalies sont réalisées à l'aide d'un séquenceur de nouvelle génération et ne nécessitent que 10^5 reads par échantillon.

L'analyse bioinformatique est réalisée à l'aide de notre logiciel RT-MIS qui fournit le détail des transcrits éventuellement détectés et la bibliographie associée.

Utilisation du test

Le test **GENEXPATH SarcomaFusion** repose sur une méthode de RT-PCR dépendante de ligation (LD-RT-PCR). Cette technique semi-quantitative permet d'évaluer simultanément les niveaux d'expression d'un grand nombre de marqueurs génétiques et plus précisément pour ce test, des translocations chromosomiques à l'aide de couples de sondes oligo-nucléotidiques spécifiques de chacun de ces marqueurs.



Un protocole simple et rapide

A partir d'un extrait d'ARN total, quatre étapes sont suffisantes pour obtenir les librairies.

- Une étape de transcription inverse
 - Une étape d'hybridation des sondes oligo-nucléotidiques
 - Une étape de ligation
 - Une étape d'amplification par PCR
- Puis séquençage des librairies

Aucune purification n'est nécessaire jusqu'à l'obtention des librairies, ce qui limite les pertes de matériel et assure une très bonne sensibilité à cette technique. De plus, les séquences génétiques ciblées par les sondes sont particulièrement courtes (entre 40 et 60 bases) ce qui assure une très bonne robustesse vis-à-vis de la dégradation des ARN.

La LD-RT-PCR est donc une approche particulièrement adaptée à l'analyse d'échantillons biologiques difficiles comme les biopsies tissulaires fixées et incluses en paraffine.

Pour chaque échantillon, environ 10^5 séquences sont suffisantes pour obtenir un profil d'expression analysable, ce qui permet de tester un grand nombre d'échantillons en parallèle sur une même FlowCell de séquençage.

Pour optimiser les coûts les librairies **GENEXPATH SarcomaFusion** peuvent également être chargées en même temps que d'autres librairies de séquençage, générées par d'autres méthodes.

Une analyse post-PCR basée sur un logiciel dédié

Une fois le séquençage terminé, le fichier FASTQ peut-être uploadé sur la plate-forme RT-MIS qui, après quelques minutes d'analyse, délivre un fichier comprenant les transcrits de fusion détectés.

RT-MIS fournit également une bibliographie pour les transcrits détectés et offre ainsi une solution complète aux chercheurs en cancérologie.

Durée de la manipulation	5h30
Temps de travail effectif	1h-1h30
Type d'acide nucléique	ARN
Quantité d'entrée	Entre 50 et 500ng d'ARN dans un volume de 2 μ l
Type de cancer	Sarcomes
Contenu du kit de réactifs	Sondes ciblant plus de 140 transcrits de fusion, barcodes, primers de séquence
Méthode	RT-PCR dépendante de ligation
Description	Détecte plus de 140 transcrits de fusion associés aux sarcomes en 1 seule analyse.
Compatibilité matériel	MiSeq, NextSeq 500, NextSeq 550 Illumina®
Type d'échantillons	Biopsies tissulaires fixées et incluses en paraffine
Technologie	Séquençage nouvelle génération



Dispositif médical de diagnostic in vitro selon la directive (UE) 98/79/CE



Pour un usage de diagnostic In Vitro. Avant toute utilisation, veuillez prendre connaissance du manuel d'utilisation.

Coordonnées

Genexpath, 113 avenue des martyrs de la résistance 76100 Rouen

Téléphone : 02 78 08 98 69

Mail : contact@genexpath.com

Site : www.genexpath.com