



Plasma-SeqSensei™

Solid Cancer IVD Kit

Instrucciones de uso

Abril de 2022

ZR150537.R1

es

REF ZR150534

PRUEBA IN VITRO/Para diagnóstico in vitro














Leyenda de símbolos			
	Fabricante		Fecha de caducidad
	Número de catálogo		Número de lote
	Contiene suficiente para <n> pruebas		Precaución
	Límite de temperatura		Consúltense las instrucciones de uso
	Diagnóstico in vitro		No reutilizar
	Manténgase alejado de la luz		Manténgase seco
	Límite de humedad		

Tabla de contenidos

1	Propósito previsto	3
2	Introducción	4
3	Principio de prueba	6
4	Áreas cubiertas	8
5	Interpretación de los resultados variantes	9
6	Limitaciones	10
7	Reactivos, consumibles y equipos	11
7.1	Material proporcionado	12
7.2	Material no proporcionado	14
7.3	Consumibles	15
7.4	Equipos	16
8	Almacenamiento y manipulación	18
8.1	Condiciones de envío	18
8.2	Precauciones de manipulación generales	18
8.3	Advertencias y precauciones	19
8.3.1	Medidas específicas	19
8.3.2	Manipulación y almacenamiento	20
8.3.3	Precauciones de manipulación de reactivos	20
8.3.4	Precauciones de seguridad y contaminación	21
9	Procedimiento	24
9.1	PCR UID (PCR Multiplex)	25
9.2	Purificación de PCR UID	31
9.3	PCR Index	35
9.4	Purificación de PCR Index	40
9.5	CC de la librería (Bioanalyzer)	44
9.6	Secuenciación de NextSeq™ 500/550 de Illumina	48
10	Asistencia técnica	51
11	Características de funcionamiento	52
12	Glosario y terminología	53
13	Bibliografía	55
14	Copyrights y marcas comerciales	58

1 Propósito previsto

Plasma-SeqSensei™ (PSS) Solid Cancer IVD Kit es un ensayo cuantitativo para secuenciación de última generación (Next-Generation Sequencing, NGS) diseñado para la detección e identificación de mutaciones en los genes diana BRAF, EGFR, KRAS, NRAS y PIK3CA en el ADN libre circulante (cfDNA) aislado del plasma sanguíneo de pacientes con cáncer para detectar la enfermedad mínima residual, la vigilancia de recaídas y el seguimiento de la respuesta (neo)adyuvante en pacientes. Además, el kit está diseñado para ayudar al clínico a analizar el estado de la mutación de RAS para determinar el beneficio potencial de una terapia con anticuerpos anti-receptor del factor de crecimiento epidérmico (Epidermal Growth Factor Receptor, EGFR) en pacientes con cáncer colorrectal.

PSS Solid Cancer IVD Kit solo debe utilizarse junto con el software de PSS IVD para lograr su uso previsto y debe llevarlo a cabo personal formado en un entorno de laboratorio profesional. La información generada nunca debe ser el único factor determinante para tomar decisiones médicas.

Nota: PSS Solid Cancer IVD Kit no está diseñado para utilizarse en el cribado o para el diagnóstico de cáncer.

2 Introducción

Las células tumorales que sufren apoptosis, necrosis o secreción metabólica liberan pequeñas cantidades de su ADN en el flujo sanguíneo. La fracción de cfDNA específica del tumor también se denomina ADN tumoral circulante (ctDNA) y contiene la información genética característica del tumor primario e incluso de la metástasis. Un gran número de estudios de investigación y ensayos han demostrado las aplicaciones clínicas de los perfiles de ctDNA en diferentes etapas del tratamiento del cáncer, incluida la selección de la terapia, el pronóstico y el seguimiento (1).

Plasma-SeqSensei™ (PSS) Solid Cancer IVD Kit es un ensayo pan-cáncer de 5 genes para detectar mutaciones en cfDNA humano en diferentes tumores sólidos (Tabla 1). El kit se basa en la tecnología de secuenciación de última generación y aborda mutaciones genéticas clave en PIK3CA, NRAS, KRAS, EGFR y BRAF para detectar marcadores tumorales en varios tipos de cáncer, p. ej., cáncer colorrectal, de pulmón, de mama, de tiroides y melanoma.

Las mutaciones de KRAS son relevantes en los adenocarcinomas de pulmón (30 % con KRAS G12C que comprende aproximadamente el 44 % de todas las mutaciones de KRAS, que dan lugar a aproximadamente un 13 % de todos los casos de adenocarcinomas de pulmón) (8) y en el cáncer colorrectal (40 % en el exón 2, codones 12 (70 a 80 %) y 13 (15 a 20 %)). Las mutaciones restantes se localizan principalmente en el exón 3, codones 59 a 61, y en el exón 4, codones 117 y 146 (9).

Las mutaciones de NRAS intervienen en el cáncer colorrectal (del 3 al 5 % en los codones 12 y 13 del exón 2 y en el codón 61 del exón 3) (5), en el melanoma (20 %, su mayoría (>80 %) implica una mutación puntual que da lugar a la sustitución de glutamina por leucina en la posición 61) (6) y en el cáncer de tiroides (del 6 al 57 % de frecuencia de mutaciones somáticas conocidas) (7).

Las mutaciones de PIK3CA presentan diversas proporciones en el cáncer de mama (49 % en los tumores luminales A) (2), en el cáncer de pulmón (2 a 7 % en el exón 9 y el exón 20) (3) y en el cáncer colorrectal (7 a 32 % en el exón 9 y el exón 20) (4).

2 Introducción

Las mutaciones del gen EGFR (en los exones 18 a 21, que codifican el dominio interno del receptor tirosina quinasa (TK) de EGFR y tienen una capacidad variable de activar la TK en ausencia de unión del ligando) se registran en el 10 al 15 % de los adenocarcinomas caucásicos (en todos los casos, independientemente de los antecedentes de tabaquismo) y en el 40 al 60 % de los adenocarcinomas en poblaciones de Asia oriental (10).

Las mutaciones de BRAF son los oncogenes conductores en el 1 al 3 % de los casos de cáncer de pulmón de células no pequeñas (forma clásica V600E (50 %)) (11), se dan en el 8 al 12 % (V600E general) de los pacientes con cáncer colorrectal metastásico (casi de forma exclusiva no se solapan con las mutaciones RAS) (12, 13), y se encuentran en aproximadamente el 50 % de todos los melanomas (el 90 % de estas mutaciones se producen en el aminoácido 600, la mayoría de las cuales son mutaciones BRAF V600E) (14) y en el cáncer de tiroides (>60 % de frecuencia de mutaciones somáticas conocidas) (7).

En los últimos años, se ha llevado a cabo una amplia investigación sobre la cirugía curativa, la terapia (neo)adyuvante, la inmunoterapia y la terapia dirigida (basada en perfiles moleculares), lo que ha permitido aumentar la tasa de supervivencia de pacientes.

Para la detección del ctDNA existen varias tecnologías basadas en la NGS. Sin embargo, debido a los sesgos/errores de secuenciación y PCR, la mayoría de ellas no son adecuadas para la detección de variantes raras. Plasma-SeqSensei™ es una novedosa tecnología basada en NGS que implementa identificadores moleculares únicos (Unique Molecular Identifier, UID) en el procedimiento de secuenciación. Esto resulta en una importante reducción de los errores, lo que da lugar a una sensibilidad muy alta de la tecnología PSS (15).

3 Principio de prueba

PSS Solid Cancer IVD Kit detecta las mutaciones genéticas en el ctDNA aislado del plasma sanguíneo. Para aumentar la sensibilidad del método, los fragmentos de ADN se etiquetan con UIDs durante el primer paso de amplificación. Esto da lugar a la formación de familias de UID que consisten en varias copias de cada UID asignado. Durante el segundo paso de amplificación, a cada miembro de una familia de UID se le asigna además un código de identificadores específico del pocillo y de la placa (15). Por motivos de validez, se incluye un control de entrada de cuantificación interno (Quantispike) además de los controles positivos y negativos externos en cada análisis.

El procedimiento incluye el análisis de datos automatizado y la generación de informes mediante el software Plasma-SeqSensei™ IVD. El software cuantifica el cfDNA de partida e identifica supermutantes, que son familias de UID en los que al menos el 90 % de todos los fragmentos de PCR contienen mutaciones idénticas. Este concepto permite distinguir los mutantes reales de los elementos de PCR o de secuenciación presentes en un número muy bajo dentro de una familia de UID. El proceso principal de la tecnología PSS se muestra en la Figura 1.

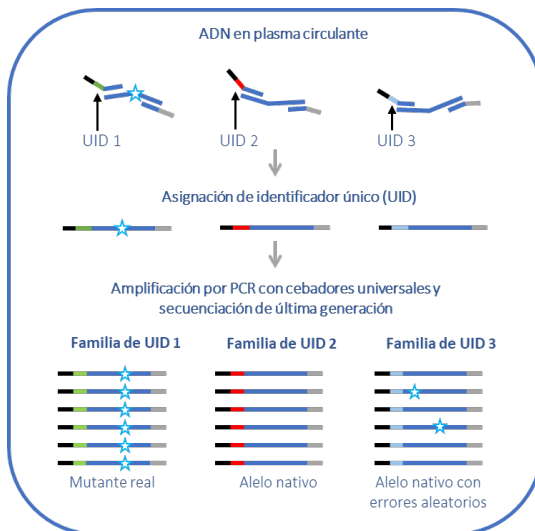


Figura 1: Principio de la tecnología PSS

3 Principio de prueba

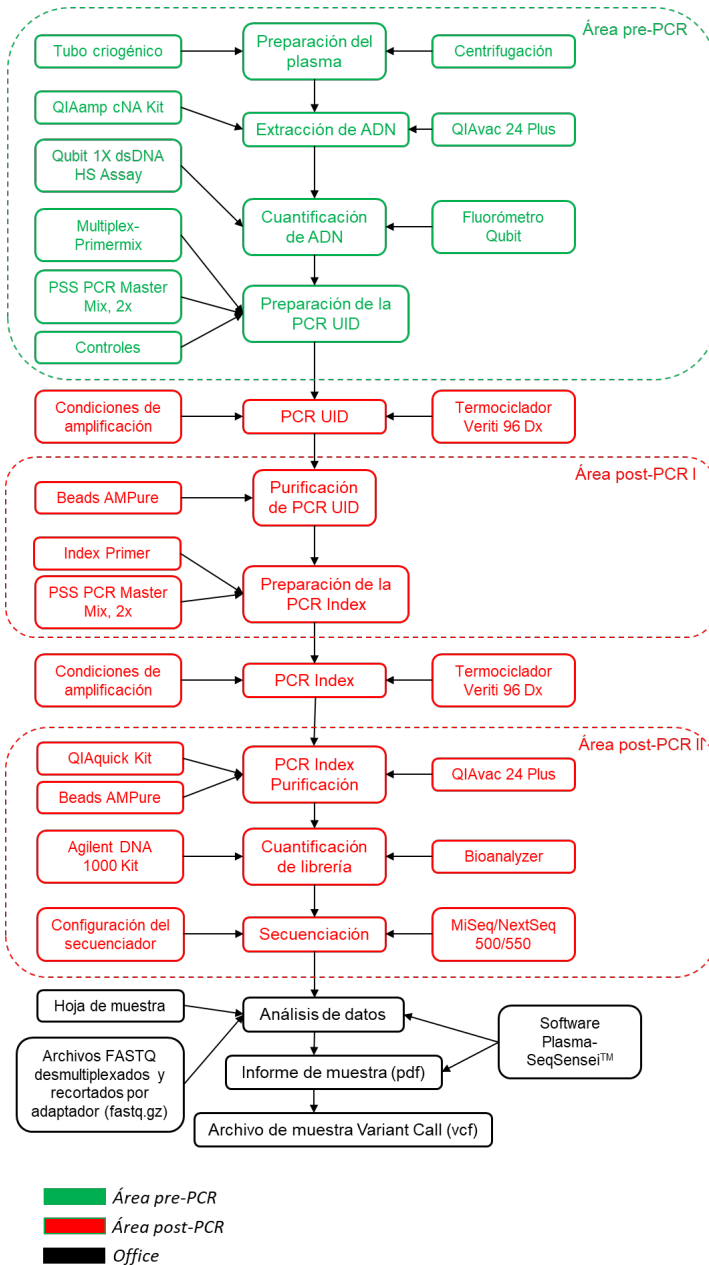


Figura 2: Resumen del procedimiento del método Plasma-SeqSensei™

4 Áreas cubiertas

Tabla 1: Áreas cubiertas con PSS Solid Cancer IVD Kit

Gen	Transcripción*	Inicio de la secuencia de codificación	Fin de la secuencia de codificación	Inicio amino-ácido	Final amino-ácido
BRAF	ENST00000288602	1.383	1.431	462	477
BRAF	ENST00000288602	1.742	1.813	582	604
EGFR	ENST00000275493	2.116	2.177	706	725
EGFR	ENST00000275493	2.565	2.620	856	873
EGFR	ENST00000275493	2.225	2.279	743	759
EGFR	ENST00000275493	2.361	2.403	788	801
EGFR	ENST00000275493	2.284	2.325	762	775
KRAS	ENST00000256078	419	445	141	148
KRAS	ENST00000256078	326	352	110	117
KRAS	ENST00000256078	34	102	12	34
KRAS	ENST00000256078	169	228	57	76
NRAS	ENST00000369535	162	210	55	70
NRAS	ENST00000369535	420	449	141	149
NRAS	ENST00000369535	1	52	1	17
NRAS	ENST00000369535	341	364	115	121
PIK3CA	ENST00000263967	3.118	3.195	1.040	1.065
PIK3CA	ENST00000263967	1.611	1.659	538	553

* Fuente de secuencia: Base de datos del conjunto

5 Interpretación de los resultados variantes

El ensayo está diseñado para detectar mutaciones somáticas en el ctDNA proveniente del plasma. Los resultados de esta prueba pueden servir como complemento al trabajo del médico que la solicita y, como tal, debe interpretarlos un profesional sanitario cualificado en el contexto de los resultados clínicos, la patología del tumor y otros datos de laboratorio.

Frecuencia de mutaciones:

La frecuencia de las mutaciones se presenta como MAF (fracción alélica mutada) y como número absoluto de MM (moléculas mutantes). La MAF es la proporción de ctDNA mutante en relación con el cfDNA total. La MAF puede utilizarse para confirmar la presencia o ausencia de mutaciones. Sin embargo, puede no reflejar la carga tumoral total, ya que la proporción de ctDNA en relación con el cfDNA total en una muestra puede verse afectada por diversos factores, como la localización anatómica del tumor, la renovación celular del tumor, la vascularización, el tratamiento, los procedimientos de toma de muestras de sangre, la manipulación de las muestras y las características clínicas del paciente no relacionadas con el estado del tumor (16). El número absoluto de MM detectado para una determinada variante representa el número total de moléculas detectadas en una muestra y puede proporcionar una visión directa de las características de la biología del tumor únicas para cada paciente (16, 17).

Variantes indicadas:

Se reportan las variantes con impacto funcional caracterizado, probable o previsto. Estas se basan en bases de datos públicas como COSMIC (18) o se indican en la literatura científica revisada por expertos (17, 19, 20). Además, las variantes del presunto origen de la línea germinal, indicadas por una MAF observada entre el 40 % y el 60 % o una MAF observada superior al 90 %, se muestran en una tabla independiente en el informe.

6 Limitaciones

Las presuntas mutaciones de la línea germinal se excluyen de los informes en función de los valores de MAF observados y de la información publicada. Sin embargo, esta prueba no puede determinar definitivamente si estas mutaciones son de origen germinal sin el análisis de células sanas compatibles. Además, las mutaciones indicadas para ciertos genes en un pequeño subgrupo de pacientes pueden ser el resultado de la hematopoyesis clonal y deben adjudicarse mediante el análisis de células sanguíneas comparables. La detección del ctDNA depende de varios factores, como la carga tumoral, la biología del tumor, las condiciones de recogida de la muestra, el carácter heterogéneo del muestreo y las características clínicas. Se ha demostrado que la prueba presenta variaciones bajas pero detectables en función del contexto de la secuencia, especialmente en muestras con recuentos de moléculas diana en torno al punto de corte.

PSS Solid Cancer IVD Kit ha sido probado para detectar los siguientes tipos de mutaciones somáticas: variaciones de nucleótido único (Single-Nucleotide Variation, SNVs), inserciones (hasta 27 nucleótidos), deleciones (hasta 48 nucleótidos) y variantes de deleción/inserción (hasta 17 nucleótidos).

7 Reactivos, consumibles y equipos

PSS Solid Cancer IVD Kit contiene dos cajas interiores y una bolsa. Una caja debe almacenarse en el laboratorio de pre-PCR y la otra caja, así como la bolsa que contiene la placa PSS Index Primer Plate, deben almacenarse en el laboratorio de post-PCR. Se recomienda encarecidamente dividir la caja del kit a su llegada en dos laboratorios independientes para minimizar el riesgo de contaminación de los reactivos. La caja pre-PCR está diseñada para manipularse en un laboratorio donde no se manipula ADN amplificado. La caja post-PCR y la bolsa están diseñadas para manipularse en un laboratorio donde se abren y manipulan viales/placas de reacciones de PCR.

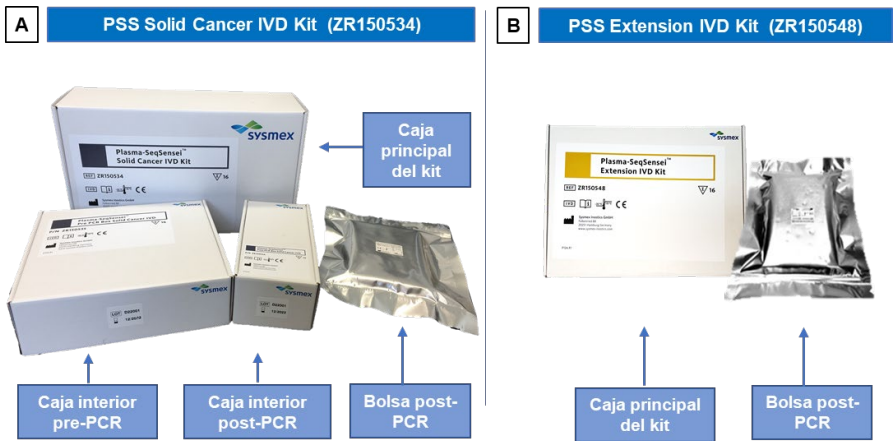
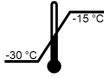


Figura 3: Se muestran las cajas de Plasma-SeqSensei™ Solid Cancer IVD Kit con la bolsa (A) y la caja y la bolsa de Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit (B) con sus respectivas ubicaciones de almacenamiento (áreas pre/post-PCR).

7.1 Material proporcionado

El material proporcionado es fundamental para el ensayo y no puede sustituirse por otros productos.



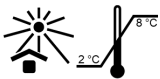
PSS Solid Cancer IVD Kit debe almacenarse a una temperatura entre -15 °C y -30 °C cuando no se utilice.



Una vez abierto los reactivos son estable durante 30 días o hasta alcanzar la fecha de caducidad, lo que ocurra primero.

Tabla 2: Material proporcionado con PSS Solid Cancer IVD Kit (ZR150534)

Caja	Nombre (color del tapón)	Nº cat.	Tubos	Ciclos de congelación y descongelación	Temperatura de almacenamiento
Caja pre-PCR	PSS Solid Cancer Mpx A (azul)	ZR851015	4	2	De -15 °C a -30 °C
	PSS Solid Cancer Mpx B (amarillo)	ZR851016	4	2	De -15 °C a -30 °C
	PSS Solid Cancer Positive Control (rojo)	ZR855007	4	2	De -15 °C a -30 °C
	PSS No Template Control (transparente)	ZR854002	4	2	De -15 °C a -30 °C
	PSS Quantispike (verde)	ZR856001	4	2	De -15 °C a -30 °C
	PSS PCR Master Mix, 2x (morado)	ZR230002	4	4	De -15 °C a -30 °C
Bolsa post-PCR	PSS Index Primer Plate IND34 ^{1,2}	ZR852004	1	N/A	De -15 °C a -30 °C
Caja post-PCR	PSS PCR Master Mix, 2x (morado)	ZR230002	2	4	De -15 °C a -30 °C
	Water, nuclease-free (blanco)	ZR224006	1	N/A	De -15 °C a -30 °C



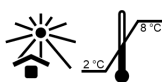
¹ Proteja las placas de la exposición lumínica. Después de su primer uso, almacene la placa PSS Index Primer Plate a una temperatura entre 2 °C y 8 °C.

² La placa PSS Index Primer Plate IND34 también se denomina placa A en el procedimiento y en el software de PSS IVD

En el caso de que se analicen más de 16 muestras en la misma carrera de secuenciación, se debe pedir un Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit.

Tabla 3: Material proporcionado con PSS Extension IVD Kit (ZR150548)

Caja	Nombre (color del tapón)	Nº cat.	Tubos	Ciclos de congelación y descongelación	Temperatura de almacenamiento
Bolsa post-PCR	PSS Index Primer Plate IND35 ^{1,2}	ZR852005	1	N/A	De -15 °C a -30 °C



¹ Proteja las placas de la exposición lumínica. Después de su primer uso, almacene la placa PSS Index Primer Plate a una temperatura entre 2 °C y 8 °C.

² La placa PSS Index Primer Plate IND35 también se denomina placa B en el procedimiento y en el software de PSS IVD.

Tabla 4: Composición del material proporcionado

Nombre	Composición
PSS Solid Cancer Mpx A	Primer Tris EDTA Buffer
PSS Solid Cancer Mpx B	Primer Tris EDTA Buffer
PSS Solid Cancer Positive Control	Double-stranded synthetic DNA wild-type/mutant Tris EDTA Buffer Carrier RNA
PSS No Template Control	Tris EDTA Buffer
PSS Quantispike	Double-stranded synthetic DNA Tris EDTA Buffer Carrier RNA
PSS Index Primer Plate	Index primers (well-specific) Bromophenol blue
PSS PCR Master Mix v2, 2x	Hot-Start Polymerase PCR Buffer dNTPs
Water, nuclease-free	Nuclease-free water, molecular biology grade



Todos los componentes líquidos y secos del kit son de un solo uso. Cada pocillo de la placa Index Primer Plate es de un solo uso.

Los tubos que contienen reactivos son reactivos de uso múltiple, ya que pueden descongelarse y congelarse según la Tabla 2 para extraer líquido en los pasos indicados del procedimiento.

7.2 Material no proporcionado

Los productos, cuya información sobre el fabricante/proveedor y el número de pedido se indican en Tabla 5, Tabla 6 y Tabla 7 son fundamentales para el ensayo y no deben intercambiarse por productos de calidad o propiedades similares.

Tabla 5: Material no proporcionado con PSS Solid Cancer IVD Kit

Material	Productos
Reactivos y kits	Etanol (EtOH) ≥99,8 %, para análisis
	RNase and DNase free distilled water
	* Agencourt® AMPure® XP, Beckman Coulter, nº A63881
	* Buffer EB (tampón de elución), QIAGEN, nº 19086
	* QIAquick® PCR Purification Kit, QIAGEN, nº 28106
	* Buffer PB, QIAGEN, nº 19066
	* DNA 1000 Kit, Agilent, nº 5067-1504 <ul style="list-style-type: none"> ■ Chips de microfluidos ■ Reactivos ■ Chip Priming Station, Agilent, nº 5065-4401
	* Reactivos DNA 1000, Agilent, nº 5067-1505
	* Kit de ensayo Qubit™ 1X dsDNA HS, Thermo Fisher, nº Q33230 (100 rxns) o nº Q33231 (500 rxns)
	* Tubos de ensayo Qubit™, Thermo Fisher, nº Q32856
	Hidróxido de sodio (NaOH), 1 M
	Solución de hidrócloruro Trizma® pH 7,0, 1 M
	* NextSeq™ 500/550 Mid Output Kit v2.5 (150 ciclos), Illumina, nº 20024904 Partes del kit: <ul style="list-style-type: none"> ■ Cartucho de reactivo Mid Output (150 ciclos), nº 15057940 ■ Cartucho de celda de flujo Mid Output, nº 20022409 ■ Cartucho del tampón, nº 15057941 ■ Tampón de hibridación (HT1), nº 15058251
	* NextSeq™ 500/550 High Output Kit v2.5 (150 ciclos), Illumina, nº 20024907 Partes del kit: <ul style="list-style-type: none"> ■ Cartucho de reactivo High Output (150 ciclos), nº 15057931 ■ Cartucho de célula de flujo High Output, nº 20022408 ■ Cartucho del tampón, nº 15057941 ■ Tampón de hibridación (HT1), nº 15058251

* Componentes fundamentales; no deben intercambiarse por productos de calidad o propiedades similares.

7.3 Consumibles

Tabla 6: Consumibles necesarios para PSS Solid Cancer IVD Kit

Equipamiento de laboratorio	Producto
Puntas de pipeta/pipetas serológicas	Puntas de pipeta estériles resistentes a aerosoles con filtros de 2, 10, 20, 200, 1.000 µl
Tubos de reacción	Tubos de 15, 5, 2 y 1,5 ml
	* Tubos de ADN LoBind® de 1,5 ml, Eppendorf, n° 0030108051
	Tiras de tubos con tapones (1,3 ml)
Placas de 96 pocillos	* Placa PCR, de 96 pocillos, segmentada, con semifaldón, Thermo Scientific, n° AB0900 o n° AB2400 (necesaria para PCR)
	Placa PCR Multiply® de 96 pocillos sin faldón lateral, Sarstedt (opcional, para diluciones)
Lámina de sellado para placas de 96 pocillos	Lámina de aluminio
	Film adhesivo transparente
Equipo de seguridad	Batas, mangas, gafas, fundas desechables para zapatos y guantes protectores
Varios	Reservorios de reactivos desechables (25 ml)
	* Tubos de extensión de 3 ml para bombas de vacío QIAvac, Qiagen, n° 19587
	* VacConnectors (500) para bombas de vacío QIAvac, Qiagen, n° 19407

* Componentes fundamentales; no deben intercambiarse por productos de calidad o propiedades similares.

7.4 Equipos

Tabla 7: Equipos necesarios para PSS Solid Cancer IVD Kit

Equipamiento de laboratorio	Producto
Instrumentos electrónicos	Centrífuga para tubos de 1,5/2 ml, capaz de alcanzar 20.000×g, rotor de ángulo fijo
	Centrífuga para tubos de 15/50 ml, capaz de alcanzar 7.197×g, rotor de ángulo fijo
	Centrífuga para placas de 96 pocillos, capaz de alcanzar 1.000×g, rotor de ángulo fijo
	Minicentrífuga, capaz de alcanzar ≤2.000×g
	Vortexer con inserciones para tubos y placas de 96 pocillos
	Vortexer con inserción para chips de ADN Agilent, capaz de alcanzar 2.400 rpm
	Congelador, de -15 °C a -30 °C
	Refrigerador, de 2 °C a 8 °C
	Estación de trabajo para ADN/cabina para PCR
	Campana de gases (muy aconsejable)
	Cabinas de seguridad biológica de clase II (muy aconsejables)
	Qiagen Connecting System
	QIAvac 24 Plus System
	Bomba de vacío (230 V, 50 Hz)
	Termociclador de 96 pocillos Veriti Dx o equivalente*
	Agilent 2100 Bioanalyzer System
Illumina NextSeq™ 500/550	
2100 Expert Software, Agilent Technologies	
Pipetas	Pipeta de 1.000 µl, 200 µl, 20 µl, 10 µl, 2 µl
	Pipeta multicanal de 12 canales de 200 µl, 20 µl
	Pipeteador de 5 a 100 ml
Gradillas	Gradilla para tubos de 50 ml, 15 ml, 5 ml, 1,5/2 ml
	Gradilla para tiras de tubos
	Gradilla de 96 pocillos
	Placa magnética 96S Super de Alpaqua®, unidad de mantenimiento de existencias: A001322
	Imán DynaMag™-2, Thermo Fisher, nº 12321D

7 Reactivos, consumibles y equipos

Equipamiento de laboratorio	Producto
	Cajas de almacenamiento para congelador
Varios	Aplicador de láminas adhesivas
	Cronómetro

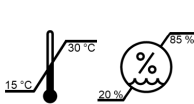
▪ El equivalente y el uso de otros dispositivos termocicladores se realiza por cuenta y riesgo del usuario.

8 Almacenamiento y manipulación

8.1 Condiciones de envío

El producto se enviará en hielo seco. Tras la recepción, compruebe si sigue habiendo hielo seco en la caja y si los reactivos están congelados.

8.2 Precauciones de manipulación generales



Asegúrese de que la temperatura y la humedad en los laboratorios permanezcan entre 15 °C y 30 °C y entre el 20 % y el 85 %, respectivamente (reduce el riesgo de condensación/evaporación).

No coma, beba ni fume en las distintas zonas del laboratorio. Lleve a cabo las operaciones de mantenimiento de los equipos de acuerdo con las instrucciones del fabricante.

Descontamine y deseche todos los reactivos, muestras y suministros asociados de acuerdo con la normativa gubernamental aplicable a sus instalaciones. Para obtener resultados precisos y reproducibles, es esencial evitar la contaminación con ADN externo, especialmente de productos de PCR de placas analizadas anteriormente. Los productos amplificados de experimentos anteriores constituyen la fuente más común de contaminación del ADN.

Los reactivos proporcionados se ven claros e incoloros, excepto la placa PSS Index Primer Plate que contiene azul de bromofenol en todos los pocillos (color azul). Si se produce algún cambio en el aspecto del material o una presunta degradación debido a un almacenamiento incorrecto que pueda afectar al rendimiento del ensayo, consulte la asistencia técnica (► capítulo 10 *Asistencia técnica*, página 51/58).

8.3 Advertencias y precauciones

Este producto no contiene material peligroso.



Las hojas de datos de seguridad de materiales se encuentran disponibles en www.sysmex-inostics.com.

En el caso de cualquier incidente grave que se produzca en relación con PSS Solid Cancer IVD Kit, deberá notificarse inmediatamente al fabricante y a la autoridad competente del Estado miembro en el que se encuentre el usuario o el paciente.

8.3.1 Medidas específicas

Medidas de primeros auxilios

- **Consejo general:** En caso de efectos persistentes, consulte a un médico. Quítese inmediatamente la ropa y los zapatos contaminados y lávelos bien antes de volver a utilizarlos.
- **Si se inhala:** Retire a la persona afectada de la zona cercana. Asegure una fuente de aire fresco.
- **En caso de contacto con la piel:** Lave la zona afectada con jabón y abundante agua.
- **En caso de contacto con los ojos:** Retire las lentes de contacto. Enjuague bien con agua corriente manteniendo los ojos bien abiertos durante al menos 10 o 15 minutos. Proteja el ojo no afectado.
- **Si se ingiere:** Llame inmediatamente a un médico. No provoque el vómito. No intente nunca que una persona que haya perdido el conocimiento ingiera algo.

8.3.2 Manipulación y almacenamiento

Medidas generales de higiene y protección

No coma, beba, ni fume en el laboratorio y asegúrese de lavarse bien las manos antes de salir. No inhale los vapores. Evite el contacto con los ojos y la piel. Quítese inmediatamente la ropa sucia o empapada.

Precauciones para una manipulación segura

Los riesgos de manipulación del producto deben reducirse adoptando las medidas de protección y preventivas adecuadas. El proceso de trabajo debe estar diseñado para descartar la liberación de las sustancias peligrosas o el contacto con la piel en la medida de lo posible.

Consejos sobre la protección contra incendios y explosiones

No se requieren medidas especiales.

Condiciones para un almacenamiento seguro, incluidas las posibles incompatibilidades



Mantenga el recipiente bien cerrado en un lugar seco y bien ventilado. Los recipientes abiertos deberán sellarse con cuidado y mantenerse en posición vertical para evitar fugas.

8.3.3 Precauciones de manipulación de reactivos



Para garantizar el uso y la eliminación adecuados de los reactivos y para evitar su contaminación, siga las precauciones que se indican a continuación:

- No utilice reactivos caducados o almacenados incorrectamente.
- Prepare los reactivos de acuerdo con las instrucciones proporcionadas.
- Los reactivos deben utilizarse únicamente con los otros reactivos del mismo kit.
- Los reactivos de kits o lotes diferentes no se deben mezclar o intercambiar.
- Registre la fecha de apertura y marque los tubos después de cada uso para garantizar que los reactivos no estén caducados o se

8 Almacenamiento y manipulación

utilicen más allá del número recomendado de ciclos de congelación y descongelación.

- Evite la contaminación de los reactivos cambiándose de guantes con frecuencia. Cámbiese de guantes siempre que vaya a manipular reactivos y muestras diferentes.
- Deseche los reactivos no utilizados y los residuos de acuerdo con la normativa medioambiental nacional, federal, estatal y local.

8.3.4 Precauciones de seguridad y contaminación



Siga las precauciones enumeradas a continuación para mantener el entorno del laboratorio libre de contaminación con ADN y para garantizar la seguridad del personal:

- Separe los espacios de trabajo utilizados para las operaciones de laboratorio de pre-PCR y post-PCR y cumpla con el procedimiento unidireccional que va de «limpio» (zonas anteriores a la amplificación) a «sucio» (zonas posteriores a la amplificación).
- Asegúrese de que en cada zona de trabajo haya equipos específicos (incluidas pipetas), suministros, reactivos, recipientes para residuos con riesgo biológico y manuales de laboratorio. Nunca intercambie estos materiales entre las zonas de trabajo pre-PCR y post-PCR. Recomendamos la codificación por colores o el etiquetado de los equipos, suministros y reactivos para identificar los que pertenezcan a una zona en concreto.
- Utilice el equipamiento de protección personal adecuado durante todo el procedimiento.
 - Lleve una bata de laboratorio (preferiblemente desechable) y guantes sin polvo desechables en todo momento cuando trabaje en las zonas de pre-PCR y post-PCR.
 - Para evitar cualquier contaminación, cámbiese de guantes con frecuencia cuando manipule diferentes muestras y reactivos y después de que la piel entre en contacto con la parte exterior de los guantes.
 - Lleve gafas protectoras al menos durante la preparación del plasma, la extracción de ADN y la purificación del producto de PCR con QIAquick®.

- Utilice fundas desechables para zapatos o cámbiense de zapatos, entre los laboratorios pre-PCR y post-PCR y utilice mangas desechables de protección para los brazos (obligatorio en el laboratorio pre-PCR y recomendado en el laboratorio post-PCR, especialmente para la purificación de PCR UID y la PCR Index).
- Al salir de las zonas de laboratorio de pre-PCR y post-PCR, quítese y deseche el equipo de protección personal.
- Manipule todas las muestras como material potencialmente infeccioso. Si se produce un derrame, se recomienda limpiar el área afectada en primer lugar con un detergente/desinfectante y agua y, a continuación, con una solución de hipoclorito de sodio (lejía) al 0,5 % preparada utilizando agua desmineralizada.

Nota: *La lejía doméstica líquida comercial (p. ej., de la marca Clorox) suele contener hipoclorito de sodio con una concentración del 5,25 %. Una dilución 1:10 de lejía doméstica producirá una solución de hipoclorito de sodio al 0,5 %.*

- Utilice cabinas de PCR específicas para los pasos de pipeteo.
- Después de su uso, limpie las cabinas de PCR con un desinfectante de compuestos de amonio cuaternario (como RHEOSEPT-WD plus o equivalente) y, a continuación, con un producto diseñado para eliminar los ácidos nucleicos y las nucleasas (como Roti® libre de ácido nucleico o equivalente).
- Después de su uso, limpie los espacios de trabajo para PCR con un producto diseñado para eliminar los ácidos nucleicos y las nucleasas (como Roti® libre de ácido nucleico o equivalente).
- Descontamine las cabinas de PCR y el material de laboratorio (pipetas, gradillas para tubos u otros equipos) con luz ultravioleta (UV) después de su uso. Para garantizar la eficacia de la radiación UV, limpie regularmente las bombillas de luz UV de los residuos acumulados.
- Utilice únicamente puntas de pipeta estériles resistentes a aerosoles con filtro (de lotes certificados y sin ARNasa, ADNasa ni pirógenos).
- Utilice únicamente reactivos y tubos específicos para PCR.
- No tenga abiertos al mismo tiempo más de un tubo de muestra o un tubo de reactivo.

8 Almacenamiento y manipulación

- Para evitar la contaminación de soluciones de reactivos que tengan varios usos, prepare alícuotas de trabajo de acuerdo con las instrucciones y evite el pipeteo directo.

9 Procedimiento

PSS Solid Cancer IVD Kit utiliza el cfDNA cuantificado del plasma para detectar el ctDNA. Antes de iniciar el procedimiento de preparación de la librería (Figura 4), tal y como se describe en estas instrucciones de uso, asegúrese de que el procedimiento de preparación de muestras se ha completado tal y como se describe en la guía de preparación de muestras de Sysmex Inostics.

Además, debe completarse la primera parte de las instrucciones de uso del software Plasma-SeqSensei™ IVD, la planificación del análisis. Si debe diluir las muestras porque su contenido de ADN es demasiado alto, consulte el ► capítulo 9.1 *PCR UID (PCR Multiplex)*, página 25/58, de estas instrucciones de uso.

Figura 4 describe el proceso, incluidos los pasos individuales del procedimiento, así como qué instrucciones de uso para seguir todo el proceso de Plasma-SeqSensei™.

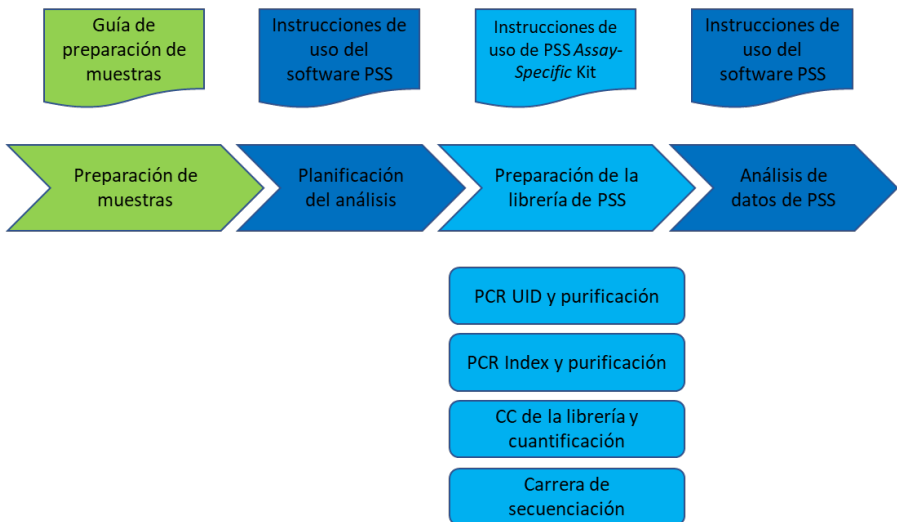


Figura 4: El proceso de Plasma-SeqSensei™, incluidos los pasos del procedimiento y los documentos necesarios.

9 Procedimiento



Cada PSS Solid Cancer IVD Kit está diseñado para analizar hasta 16 muestras en una placa.

Si se analizan más de 16 muestras en la misma carrera de secuenciación, es necesario adquirir un segundo PSS Solid Cancer IVD Kit, así como un Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit.

Para las muestras de la segunda placa (muestras 17 a 32), utilice la placa PSS Index Primer Plate **IND35 (placa B)** del PSS Extension IVD Kit en lugar de la placa PSS Index Primer Plate IND34 (placa A) del PSS Solid Cancer IVD Kit original.



Advertencia: Si se utiliza la misma placa PSS Primer Plate (p. ej., IND34) dos veces en el mismo análisis, los resultados no se podrán analizar.

Si se van a utilizar dos placas, prepare siempre solo una placa cada vez para cada paso del procedimiento antes de empezar con la otra placa. Cada placa contiene un control positivo (Positive Control, PC) y un control negativo (No Template Control, NTC).

9.1 PCR UID (PCR Multiplex)

En la PCR UID Multiplex, todas las regiones diana se amplifican a la vez que se introducen secuencias código de identificadores moleculares únicas. Los UIDs permiten una reducción significativa de los errores, lo que resulta en una sensibilidad muy alta de la tecnología Plasma-SeqSensei™.

Con PSS Solid Cancer IVD Kit, se pueden analizar muestras con un contenido de ADN de partida entre 5,7 y 95 ng/116 µl. Las muestras con mayor contenido de ADN deben diluirse a un mínimo de 95 ng/116 µl. Las muestras con menos de 5,7 ng/116 µl no se han validado.

Para obtener resultados óptimos, recomendamos un **ADN de partida de 43 ng/116 µl** por muestra siempre que sea posible.

Reactivos y kits necesarios:

- **PSS Solid Cancer Mpx A** (tapón azul), Sysmex Inostics, nº ZR851015
- **PSS Solid Cancer Mpx B** (tapón amarillo), Sysmex Inostics, nº ZR851016
- **PSS Solid Cancer Positive Control** (tapón rojo), Sysmex Inostics, nº ZR855007
- **PSS No Template Control** (tapón transparente), Sysmex Inostics, nº ZR854002
- **PSS Quantispike** (tapón verde), Sysmex Inostics, nº ZR856001
- **PSS PCR Master Mix, 2x** (tapón morado), Sysmex Inostics, nº ZR230002

Dilución de ADN:

Si la concentración de ADN supera la partida máxima de 95 ng/116 µl, recomendamos diluir la muestra a **43 ng/116 µl**, según los siguientes cálculos:

$$\text{Factor de dilución} = \frac{\text{Concentración medida en ng/116 } \mu\text{l}}{43 \text{ ng/116 } \mu\text{l}}$$

$$\text{Volumen de eluato requerido } [\mu\text{l}] = \frac{130 \mu\text{l}}{\text{factor de dilución}}$$

Con un volumen total de eluato de 130 µl (para obtener más información, consulte el ► capítulo 4.2 Purificación del ADN circulante del plasma de la guía de preparación de muestras)

$$\text{Volumen de buffer AVE } [\mu\text{l}] = 130 \mu\text{l} - \text{volumen de eluato requerido}$$

Los siguientes pasos se realizan en la zona de preparación de muestras en el laboratorio pre-PCR.

Preparación:

- Todos los controles y reactivos congelados:
 - Descongele
 - Mezcle mediante vórtex durante 5 s
 - Centrifugue durante 2 s
- Muestras de ADN para amplificar:
 - Descongele
 - Mezcle mediante vórtex durante 5 s
 - Centrifugue durante 2 s
- Compruebe el contenido total de ADN de las muestras.
Si el contenido total de ADN es demasiado alto (>95 ng/116 µl), diluya la muestra según el cálculo anterior.
- Identifique los tubos LoBind® de 1,5 ml para todas las muestras que requieran dilución.
- Identifique claramente las tiras de tubos de muestra de acuerdo con la disposición de la placa.
- Si se procesan más de 16 muestras, realice siempre la configuración de la PCR UID para una sola placa a la vez.

Configuración de la PCR UID:

Nota: El ADN de la muestra de plasma obtenido se somete a una PCR Multiplex en 5 réplicas/pocillos. Los controles positivos y negativos se analizan en réplicas individuales (columnas 1 y 12).

Nota: Las muestras se añaden a la placa PCR UID columna por columna utilizando una pipeta multicanal, como se muestra en la Figura 5 (para prevenir la contaminación). Las tiras de tubos de muestra deben colocarse en paralelo a la placa PCR UID.

Nota: Evite mezclar las muestras durante el procedimiento.

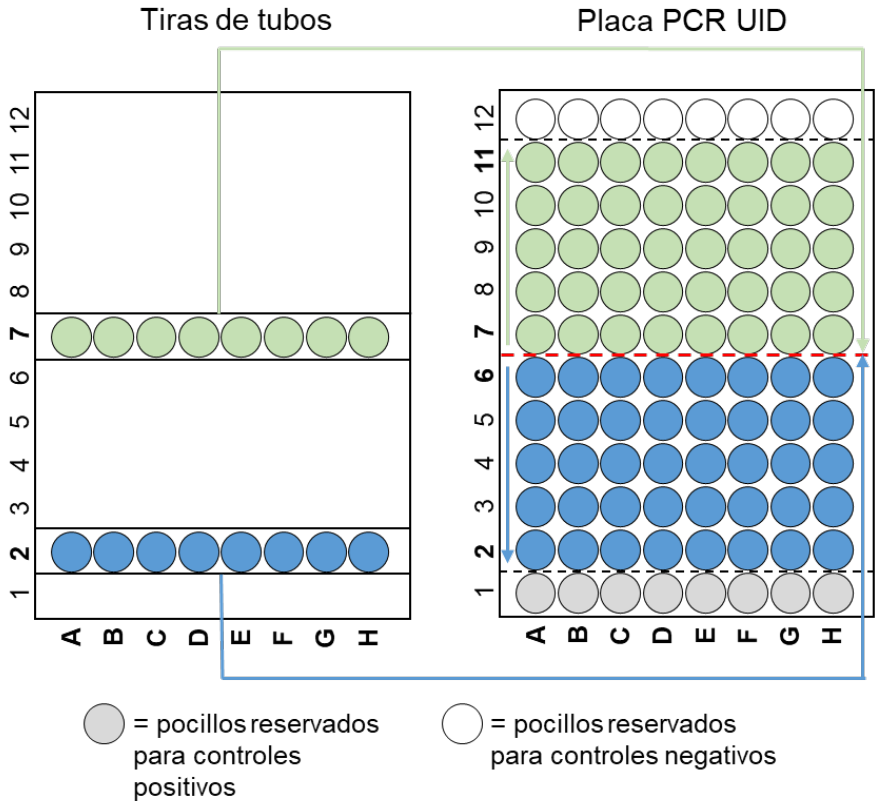


Figura 5: Esquema de pipeteo utilizado al pipetear desde las tiras de tubos a una placa PCR UID

1. Prepare la mezcla de trabajo de PCR UID por placa según la Tabla 8: «Mezcla de trabajo PCR UID». Mezcle pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces usando pipetas de un solo canal. El volumen de la mezcla de trabajo PCR UID necesario para PC y NTC se representa en los cálculos (consulte la Tabla 8).

Tabla 8: Esquema de pipeteo de la mezcla de trabajo PCR UID por placa

Número de muestras (1 muestra = 5 réplicas), con exceso del 15 %	2	3	4	5	6	7	8	9
PSS PCR Master Mix, 2x [µl]	400	567	734	900	1.067	1.234	1.401	1.567
PSS Solid Cancer Mpx A [µl]	39	55	71	87	103	119	135	151
PSS Solid Cancer Mpx B [µl]	39	55	71	87	103	119	135	151
Quantispike [µl]	3,0	4,3	5,6	6,8	8,1	9,4	10,6	11,9
Volumen final (suma)	481,0	681,3	881,6	1.080,8	1.281,1	1.481,4	1.681,6	1.880,9

Número de muestras (1 muestra = 5 réplicas), con exceso del 15 %	10	11	12	13	14	15	16
PSS PCR Master Mix, 2x [µl]	1.734	1.901	2.068	2.234	2.401	2.568	2.735
PSS Solid Cancer Mpx A [µl]	167	183	199	215	231	247	263
PSS Solid Cancer Mpx B [µl]	167	183	199	215	231	247	263
Quantispike [µl]	13,2	14,4	15,7	17,0	18,2	19,5	20,7
Volumen final (suma)	2.081,2	2.281,4	2.481,7	2.681,0	2.881,2	3.081,5	3.281,7

- Añada 34,8 µl de la mezcla de trabajo PCR UID a los pocillos de las columnas 1 y 12 según la disposición de la placa.
- Añada 23,2 µl de control positivo al pocillo de la columna 1 según la disposición de la placa y mezcle el PC pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces.

Añada 23,2 µl de control negativo al pocillo de la columna 12 según la disposición de la placa y mezcle el NTC pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces.

- Pipetee 187,5 µl de mezcla de trabajo PCR UID para cada muestra en una tira de tubos.
- Añada 125 µl de muestra al tubo correspondiente de la tira de tubos y mezcle pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces.

6. Con la pipeta multicanal de 200 µl, pipetee 58 µl de muestra + mezcla de trabajo en 5 pocillos según la disposición de la placa.
7. Selle la placa con una lámina adhesiva para PCR y centrifugue a 1.000×g durante 5 s.
8. Coloque la placa en el termociclador de PCR. Ponga en marcha el termociclador, inicie sesión e inicie el programa «UID SC PSS_v1» en un plazo de 15 minutos.

Tabla 9: Perfil de temperatura y tiempo de UID SC PSS_v1

Termociclador de PCR: Veriti

Volumen establecido: 50 µl

☒ Tapa de calentamiento		Temperatura de la tapa 96 °C		
Nº	T [°C]	Tiempo [mm:ss]	Ir al nº	Nº de ciclos
1	98	02:00	N/A	1
2	98	00:20	N/A	13
3	63	01:30	N/A	13
4	72	00:10	2	13
5	72	02:10	N/A	1
6	4	∞	N/A	1

9. Si se procesan más de 16 muestras, repita el procedimiento de PCR UID utilizando una segunda placa PCR UID comenzando por el paso 1.
10. Almacene la placa PCR UID en el laboratorio post-PCR a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 14 días, entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses o proceda directamente a la purificación de PCR UID (► capítulo 9.2 *Purificación de PCR UID*, página 31/58).

9.2 Purificación de PCR UID

El Agencourt AMPure® XP Kit se utiliza para eliminar el exceso de cebadores, que podrían interferir en la posterior PCR Index.

Reactivos y kits necesarios:

- **Agencourt AMPure® XP**, Beckman Coulter, n° A63881
- **Buffer EB** (tampón de elución), QIAGEN, n° 19086
- **Etanol** (EtOH) ≥99,8 %, para análisis
- **RNase and DNase-free distilled water**

Los siguientes pasos se realizan en el laboratorio post-PCR.

Preparación:

- Si la placa se almacenó a una temperatura entre 2 °C y 8 °C, ejecute el programa de PCR «PSS Remove Condensate_v1».

Tabla 10: Perfil de temperatura y tiempo de PSS Remove Condensate_v1

Termociclador de PCR: Veriti

Volumen establecido: 50 µl

Tapa de calentamiento Temperatura de la tapa 105 °C

Nº	T [°C]	Tiempo [mm:ss]	Ir al nº	Nº de ciclos
1	4	02:00	N/A	1

- Antes de retirar el sellado, centrifugue la placa a 1.000×g durante 5 s.
- Proporcione un recipiente para los residuos líquidos.
- Prepare EtOH fresco al 70 %. Invierta el tubo 10 veces.

Recomendación: *Prepare EtOH al 70 % durante la incubación en el paso 3.*

Tabla 11: Preparación de EtOH al 70 %

	Media placa (8 muestras)	Placa completa (16 muestras)
EtOH ($\geq 99,8$ %, para análisis)	9,1 ml	17,5 ml
Agua destilada	3,9 ml	7,5 ml
Total	13 ml	25 ml

- Resuspenda las beads girando el frasco horizontalmente sobre la superficie de trabajo. Gire lentamente, haga una pausa después de cada giro de 180 grados y espere hasta que el líquido baje. Repita la operación hasta que las beads se hayan resuspendido de forma homogénea y ya no se vean rayas. De forma ocasional, invierta el frasco.
- Añada la solución de beads AMPure® en un reservorio utilizando una pipeta de 1 ml.

Tabla 12: Volumen requerido de beads AMPure®

Media placa (8 muestras)	Placa completa (16 muestras)
4,4 ml	8,3 ml

- Si se van a utilizar dos placas PCR UID, realice siempre el procedimiento de purificación de PCR UID para una sola placa a la vez.

Procedimiento de purificación:

1. Use una pipeta multicanal para los siguientes pasos. Las placas PCR UID y de eluato UID deben estar dispuestas en paralelo y el pipeteo se realiza por columnas (no por filas, Figura 6).

Nota: Realice todos los pasos pipeteando de izquierda a derecha.

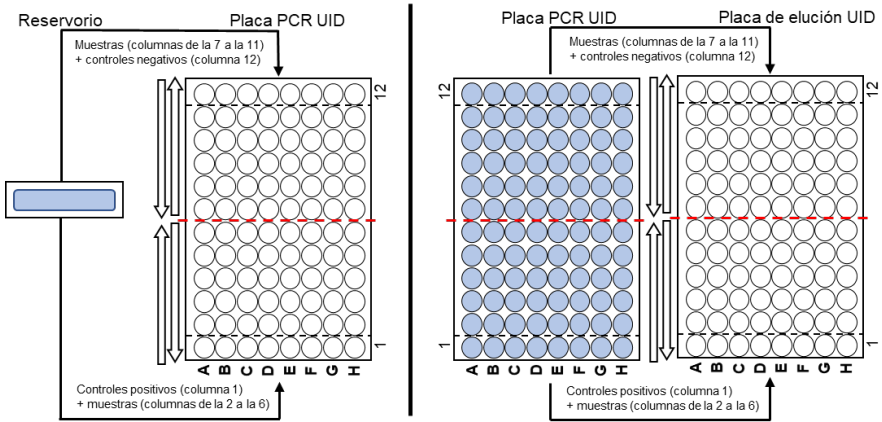


Figura 6: Esquema de pipeteo utilizado al pipetear del reservorio a la placa PCR UID (izquierda) o de la placa PCR UID (derecha) en una placa de eluato UID.

2. Añada 81 μ l de beads AMPure® a cada pocillo de la placa PCR UID, mezcle pipeteando lentamente 10 veces hacia arriba y hacia abajo.

Nota: Resuspenda las beads AMPure® 3 veces en el reservorio antes de cada aspiración.

Nota: Asegúrese de que las beads no se sequen.

3. Incube la placa PCR UID a temperatura ambiente durante 10 minutos.
4. Coloque la placa PCR UID en la placa magnética (Alpaqua) e incube durante 5 minutos.
5. Asegúrese de que todas las beads están unidas al imán. Retire con cuidado el sobrenadante pipeteando 134 μ l.

Nota: No altere el anillo de beads magnéticas separadas. Mueva la punta de la pipeta hasta el fondo del pocillo sin tocar la pared.

6. Transfiera el EtOH al 70 % a un reservorio.

Tabla 13: Volumen requerido de EtOH al 70 %

Media placa (8 muestras)	Placa completa (16 muestras)
13 ml	25 ml

7. Añada 100 µl de EtOH al 70 % a cada pocillo sin resuspender. Incube durante 30 s.
8. Mantenga la placa en el imán. Retire con cuidado 110 µl de EtOH y deséchelo.
9. Añada 100 µl de EtOH al 70 % a cada pocillo sin resuspender. Incube durante 30 s.
10. Mantenga la placa en el imán. Retire con cuidado 100 µl de EtOH y deséchelo.
11. Retire el EtOH restante con la pipeta multicanal de 20 µl.
12. Retire la placa PCR UID del imán y déjela secar durante 2 minutos.
13. Añada el volumen requerido de Buffer EB en un reservorio.

Tabla 14: Volumen requerido de Buffer EB

Media placa (8 muestras)	Placa completa (16 muestras)
7 ml	13 ml

14. Añada 120 µl de Buffer EB a cada pocillo para eluir el ADN y mezcle al menos 10 veces hacia arriba y hacia abajo con cuidado.
15. Incube la placa PCR UID durante 2 minutos a temperatura ambiente.
16. Coloque la placa PCR UID en el imán e incube durante 1 minuto.
17. Transfiera con cuidado 110 µl de cada pocillo de eluato a la placa de eluato UID y deseche la placa PCR UID.
18. Proceda directamente con la PCR Index o selle la placa de eluato UID. Guárdela a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días o entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses.
19. Si se procesan más de 16 muestras, repita el procedimiento de purificación de PCR UID utilizando la segunda placa PCR UID empezando por el paso 2.

9.3 PCR Index

La PCR Index se realiza para amplificar productos de PCR UID purificados a la vez que se introducen etiquetas de indexación (códigos de barras de pocillos) y adaptadores de secuenciación de Illumina. Cada PSS Solid Cancer IVD Kit contiene una placa PSS Index Primer Plate IND34 (placa A) para un máximo de 16 muestras. Si se analizan más de 16 muestras en una carrera de secuenciación, se puede utilizar una segunda placa PSS Index Primer Plate IND35 (placa B) de Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit.

Nota: ***No** use la misma placa dos veces en la misma carrera de secuenciación. Use siempre dos placas diferentes (IND34 + IND35/placa A + placa B).*

Los pocillos de las placas PSS Index Primer Plates son de un solo uso. Las posiciones de las placas Index Primer Plates secas deben coincidir con las de la placa PCR final, así como con la disposición de la placa en la herramienta de planificación del análisis del software Plasma-SeqSensei™ IVD (Figura 7). Tenga en cuenta los pocillos que ya se han utilizado. Al planificar el siguiente análisis, utilice las posiciones/pocillos de Index restantes y transfiera la información al software.

Layout	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	PC	Sample1				Sample2				NTC		
B		Sample3				Sample4						
C		Sample5				Sample6						
D		Sample7				Sample8						
E												
F												
G												
H												

Figura 7: Ejemplo de disposición de la placa PCR Index

Reactivos y kits necesarios:

- **PSS Index Primer Plate IND34** (placa A), Sysmex Inostics, nº ZR852004
- *Opcional:* **PSS Index Primer Plate IND35** (placa B), Sysmex Inostics, nº ZR852005
- **PSS PCR Master Mix, 2x** (tapón morado), Sysmex Inostics, nº ZR230002

- **Water, nuclease-free** (tapón transparente), Sysmex Inostics, n° ZR224006
- **Buffer EB** (tampón de elución), QIAGEN, n° 19086

Los siguientes pasos se realizan en el laboratorio post-PCR.

Preparación:

- Provéase de todos los reactivos y deje que alcancen la temperatura de trabajo.
- Identifique todos los plásticos requeridos (tubo de mezcla de trabajo PCR Index, un reservorio desechable, placa de dilución, placa PCR Index).
- Coloque el Buffer EB requerido en un reservorio y tápelo hasta su uso.

Tabla 15: Volumen requerido de Buffer EB

Media placa (8 muestras)	Placa completa (16 muestras)
5,5 ml	10 ml

- Si la placa se almacenó a una temperatura entre 2 °C y 8 °C, ejecute el programa de PCR «PSS Remove Condensate_v1».
- Si la placa de eluato UID estaba guardada, centrifúguela a 1.000×g durante 5 s.
- Si se procesan dos placas de eluato UID, realice siempre el procedimiento de PCR Index para una sola placa a la vez.

Preparación de la placa de dilución (DIL):

Nota: *Utilice una pipeta multicanal para todos los pasos de la preparación de la placa DIL.*

1. Coloque la placa de eluato UID en el imán e incube durante 1 minuto.
2. Añada 99 µl de Buffer EB por pocillo a la placa DIL según la disposición de la placa.
3. Transfiera 5 µl por pocillo de la placa de eluato UID a la placa DIL, enjuague la punta de la pipeta pipeteando hacia arriba y hacia abajo 3 veces.

9 Procedimiento

Nota: Si la placa estaba guardada, mezcle cada pocillo de la placa de eluato UID pipeteando 5 veces hacia arriba y hacia abajo.

4. Mezcle bien pipeteando 70 µl hacia arriba y hacia abajo 10 veces.
5. Selle la placa de eluato UID. Guarde la placa con un volumen residual a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días o entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses.

Preparación de la placa PSS Index Primer Plate:

6. Centrifugue la placa PSS Index Primer Plate a 1.000×g durante 5 s.
7. Prepare la cantidad requerida de pocillos de la placa PSS Index Primer Plate perforando la lámina de aluminio con puntas de 200 µl.

Nota: Compruebe si se ha utilizado la placa correcta (IND34 o IND35/A o B) en la orientación correcta.

Preparación de PCR Index:

8. Mezcle mediante vórtex todos los reactivos durante 5 s y centrifugue durante 2 s.
9. Prepare la mezcla de trabajo PCR Index según la Tabla 16. Mezcle mediante vórtex durante 5 s y centrifugue durante 2 s.

Tabla 16: Esquema de pipeteo de la mezcla de trabajo PCR Index

Número de muestras, con exceso del 10 %	2	3	4	5	6	7	8	9
PSS PCR Master Mix, 2x [µl]	165	234	303	371	440	509	578	646
Water, nuclease-free [µl]	33	47	61	74	88	102	116	129
Volumen final (suma)	198	281	364	445	528	611	694	775

Número de muestras, con exceso del 10 %	10	11	12	13	14	15	16
PSS PCR Master Mix, 2x [µl]	715	784	853	921	990	1.059	1.128
Water, nuclease-free [µl]	143	157	171	184	198	212	226
Volumen final (suma)	858	941	1.024	1.105	1.188	1.271	1.354

Nota: El volumen para un PC y un NTC ya está incluido.

10. Añada 15 µl de la mezcla de trabajo PCR Index por pocillo en la placa PSS Index Primer Plate.

Recomendación: *Transfiera la mezcla de trabajo a las tiras de tubos con una pipeta multicanal.*

11. Añada 10 µl de muestra de la placa DIL a la placa PSS Index Primer Plate y mezcle bien pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces hasta que los reactivos se resuspendan. Use una pipeta multicanal. Después de su uso, deseche la placa DIL.

Nota: *Compruebe visualmente la orientación correcta de la placa DIL y de la placa PSS Index Primer Plate para evitar que se mezclen las muestras.*

Nota: *Compruebe si hay puntos azules visibles en el fondo de los pocillos. Un punto azul es una indicación de que los reactivos se han resuspendido insuficientemente. Si los puntos azules siguen siendo visibles, repita la resuspensión, pipeteando hacia arriba y hacia abajo 10 veces hasta que no se vean puntos azules y el líquido se haya vuelto azul.*

12. Selle la placa PSS Index Primer Plate con una lámina adhesiva para PCR y centrifugue a 1.000×g durante 5 s.
13. En caso de utilizar solo una parte de la placa PSS Index Primer Plate, transfiera todo el volumen de la placa a una nueva placa PCR.

Nota: *Compruebe la orientación correcta de la placa PSS Index Primer Plate y la nueva placa PCR para evitar que se mezclen las muestras.*

Recomendación: *Utilice dos veces la pipeta multicanal de 20 µl en lugar de una vez la pipeta multicanal de 200 µl.*

14. Selle la nueva placa PCR con una lámina adhesiva para PCR y centrifugue a 1.000×g durante 5 s.
15. Selle los pocillos usados de la placa PSS Index Primer Plate (aplicable únicamente si la placa PSS Index Primer Plate no se va a

9 Procedimiento

desechar) y guárdela a una temperatura entre 2 °C y 8 °C en un lugar oscuro.

16. Inicie la PCR con el programa «IDX SC PSS_v1» durante los siguientes 15 minutos.

Tabla 17: Perfil de temperatura y tiempo de IDX SC PSS_v1

Termociclador de PCR: Veriti

Volumen establecido: 25 µl

Tapa de calentamiento Temperatura de la tapa: 96 °C

Nº	T [°C]	Tiempo [mm:ss]	Ir al nº	Nº de ciclos
1	98	00:30	N/A	1
2	98	00:10	N/A	20
3	65	00:10	N/A	20
4	72	00:10	2	20
5	72	05:00	N/A	1
6	4	∞	N/A	1

17. Si se procesan más de 16 muestras, repita el procedimiento de PCR Index utilizando la segunda placa de eluato UID empezando por el paso 1.
18. Después de la PCR, centrifugue las placas PCR Index a 1.000×g durante 5 s. Guarde las placas a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días, entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses o proceda directamente a la purificación de PCR Index.

9.4 Purificación de PCR Index

Importante: Este paso combina **todos los pocillos de muestra y de control de una placa en una librería**. Si se prepararon dos placas (IND34 e IND35/placa A y placa B) combine únicamente las muestras y los controles de **una placa** para obtener dos librerías de secuenciación. Además, la purificación elimina los dNTPs, los cebadores, los dímeros de cebadores y las sales que podrían dificultar la secuenciación posterior.

Reactivos y kits necesarios:

- **Agencourt AMPure® XP**, Beckman Coulter, A63881
- **QIAquick® PCR Purification Kit**, QIAGEN, n° 28106
- **Buffer PB**, QIAGEN, n° 19066
- **Etanol (EtOH) ≥99,8 %**, para análisis
- **RNase and DNase-free distilled water**

Los siguientes pasos se realizan en el laboratorio post-PCR.

Preparación:

- Si la placa se almacenó a una temperatura entre 2 °C y 8 °C, ejecute el programa de PCR «PSS Remove Condensate_v1».
- Identifique todos los plásticos requeridos (tubos de dilución de EtOH, tubos de dilución de PB, columnas de centrifugación, tubos de eluato de QIAquick®, tubos de eluato Index).
- Prepare un recipiente para los residuos líquidos.
- Prepare EtOH fresco al 70 % según la Tabla 18. Invierta 10 veces.

Tabla 18: Preparación de EtOH al 70 %

Reactivo	Volumen
EtOH ≥99,8 %, para análisis [ml]	2,8
Agua destilada [ml]	1,2
Volumen necesario [ml]	4,0

9 Procedimiento

- Antes de retirar el sellado, centrifugue la placa PCR Index a 1.000×g durante 5 s.
- Extraiga todo el líquido de **todos los pocillos (muestras y controles) de una placa** con una pipeta de 200 µl ajustada a 30 µl en un recipiente adecuado.

Nota: Si se utiliza una pipeta multicanal, agrupe primero todos los pocillos por columna en una fila de una nueva tira de la placa PCR. A continuación, transfiera el contenido de cada pocillo a un recipiente adecuado con una pipeta monocanal.

- Si se van a utilizar dos placas PCR Index, realice siempre la purificación de PCR Index para una sola placa a la vez.

Nota: Use una pipeta monocanal para los siguientes pasos en este protocolo.

Primera purificación con QIAquick®:

1. Para la purificación con PCR Purification Kit de QIAquick®, consulte el protocolo «QIAquick PCR Purification using a Vacuum Manifold» en el manual del fabricante. A continuación, se describen las variaciones en la manipulación.
2. En primer lugar, añada el volumen calculado (consulte la Tabla 19) del Buffer PB al tubo respectivo, mezcle mediante vórtex durante 3 s y centrifugue a 500×g durante 2 s.

Tabla 19: Cálculo del volumen requerido del Buffer PB

Reactivo	Por pocillo	___ pocillos
Volumen de muestra [µl]	25	
Buffer PB [µl]	125	
Volumen total [µl]	150	

3. Realice los siguientes pasos de purificación de PCR según las instrucciones descritas en el manual de QIAGEN.

Nota: *El volumen máximo de carga de la columna es de 800 µl. Para volúmenes de muestras agrupadas superiores a 800 µl, cargue de nuevo.*

Nota: *Compruebe visualmente en cada paso que se aplique el volumen correcto a la columna y que todo el líquido pase por el filtro.*

Nota: *En caso de que las columnas estén obstruidas, consulte la guía de solución de problemas del manual de QIAGEN.*

4. Para el eluato del ADN, coloque una columna QIAquick® en un tubo LoBind® limpio de 1,5 ml.
5. Añada 50 µl del Buffer EB al centro de la membrana QIAquick® e incube durante 1 minuto a temperatura ambiente antes del último paso de centrifugación.

Segunda purificación con beads AMPure®:

6. Transfiera 45 µl del eluato a un nuevo tubo LoBind®. Deseche el anterior.
7. A) Si utiliza el frasco original de AMPure®, resuspenda las beads girando el frasco horizontalmente sobre la superficie de trabajo. Gire lentamente, haga una pausa después de un giro de 180 grados y espere hasta que el líquido baje. Repita el proceso hasta que las beads se resuspendan de forma homogénea.
B) Si utiliza alícuotas de las beads AMPure®, mezcle las beads invirtiéndolas al menos 10 veces. Asegúrese de que las beads estén completamente resuspendidas.
8. Añada 40 µl de beads AMPure® al eluato, mezcle mediante vórtex durante 10 s y centrifugue 3 s.
9. Incube a temperatura ambiente durante 5 minutos.

9 Procedimiento

10. Abra el tubo, colóquelo en el DynaMag-2 e incube durante 2 minutos a temperatura ambiente.

Los siguientes pasos (del 11 al 15) se realizan mientras los tubos están en la gradilla magnética:

11. Retire el sobrenadante y deséchelo utilizando una pipeta de 200 μl , ajustada a 100 μl .

Nota: Levante el tubo aproximadamente 1 cm y presione el fondo completamente contra el imán para garantizar que todas las beads se adhieran.

12. Añada 500 μl de EtOH al 70 % e incube durante 30 s a temperatura ambiente.
13. Retire el sobrenadante y deséchelo.
14. Añada 500 μl de EtOH al 70 % e incube durante 30 s a temperatura ambiente. Durante la incubación, gire el tubo alrededor del eje vertical 180 grados para garantizar una mezcla eficaz. Vuelva a girar lentamente como mínimo después de 5 s.
15. Retire todo el sobrenadante y deséchelo. Retire el EtOH restante con la pipeta de 20 μl .
16. Retire el tubo del DynaMag-2 y déjelo secar durante 2 minutos a temperatura ambiente con la tapa abierta.
17. Añada 15 μl de Buffer EB y resuspenda completamente la mezcla de beads mezclando mediante vórtex durante 10 s. Centrifugue durante 3 s e incube durante 1 minuto a temperatura ambiente.
18. Abra el tubo, colóquelo en el DynaMag-2 e incube durante 1 minuto a temperatura ambiente.
19. Usando una pipeta de 20 μl , ajústela a 20 μl para transferir todo el sobrenadante al tubo de eluato Index.

Nota: Levante el tubo aproximadamente 1 cm y presione el fondo completamente contra el imán para garantizar que todas las beads se adhieran.

20. Deseche el tubo identificado como «Eluato de QIAquick®».
21. Guarde el tubo de eluato Index a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días o entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses o proceda directamente a la cuantificación en Bioanalyzer.
22. Si se procesan más de 16 muestras, repita el procedimiento de purificación de PCR Index utilizando la segunda placa PCR Index empezando por el paso 2.

9.5 CC de la librería (Bioanalyzer)

El CC de la librería se lleva a cabo utilizando un Bioanalyzer para comprobar la presencia de productos secundarios en cada librería y la determinación del tamaño medio. Para cada librería, las cuantificaciones deben realizarse en tres réplicas.

PSS Solid Cancer IVD Kit se ha desarrollado utilizando el Bioanalyzer DNA 1000 Kit de Agilent.

Reactivos y kits necesarios:

- **DNA 1000 Kit**, Agilent, nº 5067-1504
- **Buffer EB** (tampón de elución), QIAGEN, nº 19086
- **RNase and DNase-free distilled water**

Los siguientes pasos se realizan en el laboratorio post-PCR.

Preparación del Bioanalyzer:

Para todos los pasos, consulte el manual del Bioanalyzer Agilent.

Preparación de la dilución del Bioanalyzer (BA_DIL):

1. Calcule los **volúmenes requeridos para BA_DIL**:

$$\text{Factor de dilución} = \frac{\text{ADN total de partida}}{43}$$

con el ADN total de partida de todas las muestras analizadas en ng/
116µl

(medido con Qubit™, consulte el ► capítulo 4.3 Cuantificación de muestras (Qubit™) de la guía de preparación de muestras)

Buffer EB [μL] = $(3 * \text{factor de dilución}) - 3 \mu\text{L}$

BA_DIL [μL] = $3 \mu\text{L eluato Index} + X \mu\text{L Buffer EB}$

2. Diluya el eluato Index en un tubo nuevo según el cálculo. Mezcle mediante vórtex brevemente y centrifugue durante 3 s. Guarde el eluato Index restante a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días o entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses.

Nota: Asegúrese de que se dispone de al menos 10 μL de volumen total de BA_DIL.

Preparación del LabChip:

- Para todos los pasos, consulte el manual del Bioanalyzer Agilent.

Nota: La medición de la muestra debe realizarse en tres réplicas técnicas.

Nota: La BA_DIL es estable a una temperatura entre 2 °C y 8 °C hasta 7 días o entre -15 °C y -30 °C hasta 2 meses.

Análisis de datos:

3. Compruebe que el perfil del [Ladder Plot] (Diagrama de escalera) es similar a Figura 8 y contiene 13 picos, el más bajo a 15 pb y el más alto a 1.500 pb (estos son los marcadores que estarán en cada muestra) con una base de referencia fija (consulte la Figura 8).

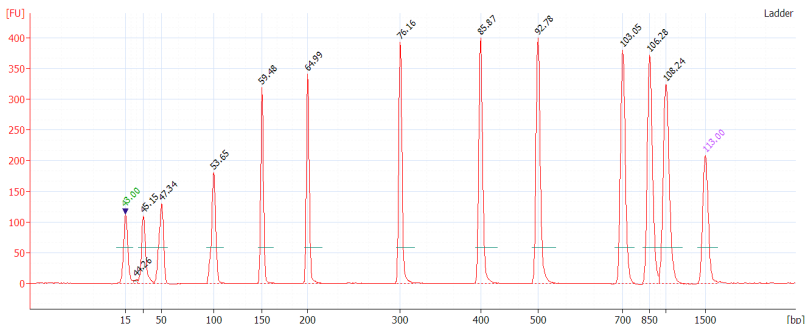


Figura 8: Electroferograma del ladder

- Haga doble clic en el electroferograma perteneciente al Pocillo 1 y seleccione la pestaña [Peak Table] (Tabla de picos) (consulte la Figura 9).

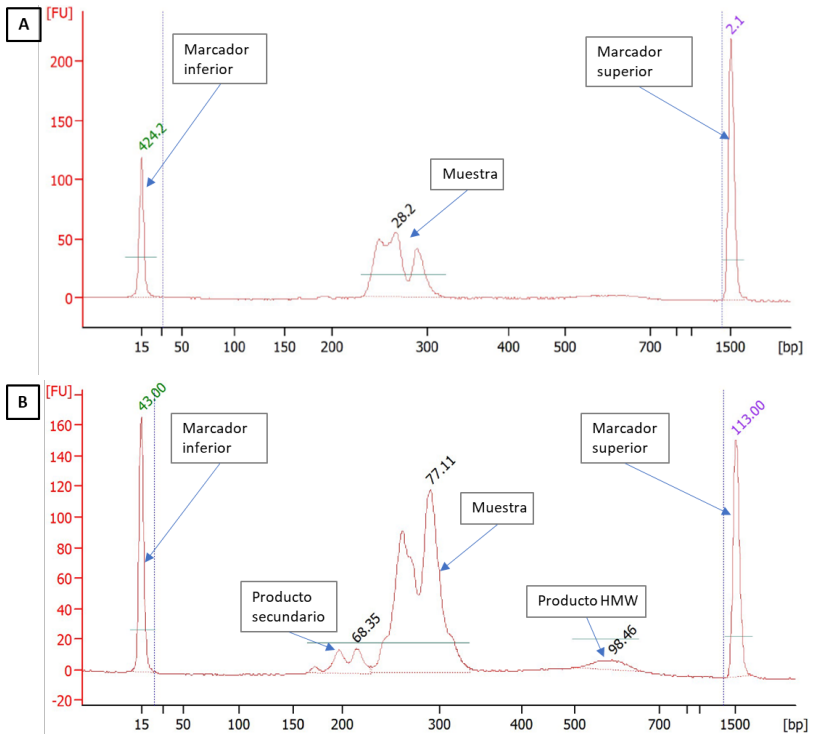




Figura 9: Electroferogramas de muestra. (A) Un electroferograma óptimo sin productos secundarios, (B) un electroferograma ejemplo con productos secundarios (p. ej., dímero del cebador y gDNA (producto HMW)).

- Seleccione [Manual Integration] (Integración manual) () haciendo clic con el botón derecho en el electroferograma.
- Use las líneas azules para delimitar **todos los picos visuales**, es decir, el producto de la muestra, el dímero del cebador (producto secundario) y el producto de alto peso molecular (High Molecular Weight, HMW) **a lo largo de la línea cero** (se muestra en la Figura 9B).

Nota: Utilice la tecla «Ctrl» para separar los extremos de las líneas azules de la línea roja. Si se selecciona una línea, elimínela haciendo clic con el botón derecho en [Remove Peak] (Eliminar pico). Inserte líneas azules adicionales en cualquier posición haciendo clic con el botón derecho en [Add Peak] (Añadir pico).

7. Con [Peak Description] (Descripción de picos) () , seleccione [Peak Molarity] (Molaridad de picos) para mostrar la molaridad respectiva de cada pico.
8. Guarde el archivo.
9. Repita los pasos del 4 al 8 para los pocillos restantes de cada réplica.
10. Calcule la media, la variación estándar y el coeficiente de variación (CV) de la suma de molaridades de todos los productos basándose en la medición por triplicado.

Criterios de aceptación y rechazo:

- Comprobación de la calidad del ADN: si la suma del producto, el dímero del cebador y el HMW es <2,0 nmol/l, la concentración de ADN es demasiado baja para la secuenciación.
- Criterio de aceptación de la relación señal-ruido de fondo (Signal-to-Noise Ratio, SNR): $\geq 90 \%$

$$SNR [\%] = \frac{\text{molaridad del producto específico}}{\text{suma del producto específico, secundario y de alto peso molecular (HMW)}} * 100$$

- Criterio de aceptación del control de precisión: CV de la suma de molaridades de todos los productos $\leq 10 \%$

$$\text{Coeficiente de variación} [\%] = \frac{\text{desviación estándar}}{\text{media}} * 100$$

Nota: Calcule la variación estándar a partir de una muestra.

Nota: Si la relación señal-ruido de fondo o el CV fallan debido a un valor atípico, ese valor puede excluirse de los cálculos de la muestra.

Nota: Si uno o más criterios fallan, prepare una nueva BA_DIL y repita el análisis con el Bioanalyzer.

9.6 Secuenciación de NextSeq™ 500/550 de Illumina

La secuenciación de las librerías se realiza con un equipo NextSeq™ 500 o 550 de Illumina, como se describe en las instrucciones de uso proporcionadas por Illumina.

Reactivos y kits necesarios:

- **NextSeq™ 500/550 Mid Output Kit v2.5 (150 ciclos)**, Illumina, nº 20024904
≤590 ng de ADN de partida total (según el ► capítulo 4.3 *Cuantificación de muestras (Qubit™)* de la guía de preparación de muestras de Qubit™) O
- **NextSeq™ 500/550 High Output Kit v2.5 (150 ciclos)**, Illumina, nº 20024907
≤2.038 ng de ADN de partida total (según el ► capítulo 4.3 *Cuantificación de muestras (Qubit™)* de la guía de preparación de muestras de Qubit™)
- **Hidróxido de sodio (NaOH)**, 1 M
- **Solución de hidrocloreuro Trizma®** pH 7,0, 1 M
- **Buffer EB** (tampón de elución), QIAGEN, nº 19086
- **RNase and DNase-free distilled water**

Los siguientes pasos se realizan en el laboratorio post-PCR.

Preparación de las muestras (concentración inicial de la librería de 2 nM) para la secuenciación:

1. Calcule el volumen total requerido de una librería de 2 nM:

$$\text{Volumen total } [\mu\text{l}] = \frac{3 \mu\text{l BA_DIL} * \text{Concentración}_{\text{librería}} \text{ en nM}}{2 \text{ nM}}$$

9 Procedimiento

2. Calcule el volumen requerido de **Buffer EB**:

$$\text{Volumen}_{\text{Buffer EB}} [\mu\text{l}] = \text{Volumen total} - 3 \mu\text{l BA_DIL}$$

3. Prepare una dilución de librería de 2 nM para cada librería según el siguiente cálculo:

$$2 \text{ nM dilución de librería} = 3 \mu\text{l BA_DIL} + \text{Volumen}_{\text{Buffer EB}}$$

Nota: No pipetee <3 μl .

Nota: Si el volumen de dilución de 2 nM es <10 μl , ajuste el volumen total.

4. *Opcional:* Si se procesan dos placas, se combinan las dos diluciones de librerías de 2 nM separadas en una mezcla final de 10 μl según las siguientes ecuaciones:

$$\text{ADN de partida}_{\text{total}} = \sum \text{ADN de partida}_{\text{placaA}} + \sum \text{ADN de partida}_{\text{placaB}}$$

$$\text{Volumen}_{\text{placaA}} = \frac{10 \mu\text{l}}{\text{ADN de partida}_{\text{total}}} * \text{ADN de partida}_{\text{placaA}}$$

$$\text{Volumen}_{\text{placaB}} = \frac{10 \mu\text{l}}{\text{ADN de partida}_{\text{total}}} * \text{ADN de partida}_{\text{placaB}}$$

Nota: Pipetee únicamente volúmenes dentro de los rangos aceptados de las pipetas disponibles. Si hay que pipetear volúmenes más bajos, aumente el volumen total de la mezcla final del grupo de librerías.

5. Realice los siguientes pasos (desnaturalización de la librería y dilución de la librería desnaturalizada a 20 pM) según el manual de Illumina (NextSeq™ 500 and 550 Sequencing Systems Denature and Dilute Libraries Guide, protocol A: Standard Normalization Method (documento n° 15048776 v16 o posterior).

6. Diluya la librería (agrupada) hasta la concentración de carga según el kit de secuenciación elegido:

Tabla 20: Volúmenes requeridos para la secuenciación

	Mid Output Kit	High Output Kit
Concentración final	1,0 pM	1,1 pM
Entrada de la librería	65 µl	71 µl
Tampón HT1	1.235 µl	1.229 µl

7. Inicie la carrera de secuenciación según el protocolo de Illumina (Guía del sistema NextSeq™ 550, documento nº 15069765v06) utilizando los siguientes «Run Parameter» (Ajustes de parámetros de análisis):

Tabla 21: Parámetros de secuenciación

Tipo de Read	Read única
---------------------	------------

	Read 1	Index 1	Index 2*
Longitud de Read	148	10	10

* La longitud de Read del índice 2 solo se incluirá con el uso de dos placas en la misma carrera de secuenciación.

8. Cuando utilice el Local Run Manager, incluya la siguiente configuración del adaptador (puede copiarse de la hoja de muestra) en la «Advanced Module Settings» (Configuración avanzada del módulo):

Nombre	Secuencia
Adaptador	AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA

Siguientes pasos

Consulte las instrucciones de uso del software PSS IVD (módulo de análisis de datos) para proceder al análisis de los datos de secuenciación.

10 Asistencia técnica

Si ocurre algún problema durante el procedimiento con Plasma-SeqSensei™ Solid Cancer IVD Kit, póngase en contacto con el servicio de asistencia local de Sysmex para obtener ayuda.



Nota: Las instrucciones de uso están disponibles en diferentes idiomas en www.sysmex-inostics.com.

11 Características de funcionamiento

Datos disponibles si se solicitan.

12 Glosario y terminología

Término	Definición
pb	Par de bases
BA_Dil	Dilución del Bioanalyzer
cfDNA	ADN libre circulante
COSMIC	Catálogo de Mutaciones Somáticas en el Cáncer
ctDNA	ADN tumoral circulante
dbSNP	Base de datos de polimorfismo de nucleótido único
dNTP	Trifosfato desoxirribonucleótido
ADN	Ácido desoxirribonucleico
EB	Tampón de elución
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
EGFR	Receptor del factor de crecimiento epidérmico
EtOH	Etanol
gDNA	ADN genómico
HMW	Alto peso molecular
IDX	Índice
IFU	Instrucciones de uso
MAF	Fracción alélica mutada
MM	Moléculas mutantes
Mpx	Mezcla de cebadores multiplex
NaOH	Hidróxido de sodio
NGS	Secuenciación de última generación
NTC	Control negativo

Término	Definición
PC	Control positivo
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa
PSS	Plasma-SeqSensei™
CC	Control de calidad
ARN	Ácido ribonucleico
TA	Temperatura ambiente
SNV	Variante de nucleótido único
UID	Identificador único

13 Bibliografía

- 1) Stewart CM, Kothari PD, Mouliere F, Mair R, Somnay S, Benayed R, Zehir A, Weigelt B, Dawson SJ, Arcila ME, Berger MF, Tsui DW. The value of cell-free DNA for molecular pathology. *J Pathol.* 2018 Apr;244(5):616-627. doi: 10.1002/path.5048. Epub 2018 Mar 12. PMID: 29380875; PMCID: PMC6656375.
- 2) Cancer Genome Atlas Network. Comprehensive molecular portraits of human breast tumours. *Nature.* 2012 Oct 4;490(7418):61-70. doi: 10.1038/nature11412. Epub 2012 Sep 23. PMID: 23000897; PMCID: PMC3465532.
- 3) Wang Y, Wang Y, Li J, Li J, Che G. Clinical Significance of PIK3CA Gene in Non-Small-Cell Lung Cancer: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Biomed Res Int.* 2020 Aug 17;2020:3608241. doi: 10.1155/2020/3608241. PMID: 32908885; PMCID: PMC7450343.
- 4) Wang Q, Shi YL, Zhou K, Wang LL, Yan ZX, Liu YL, Xu LL, Zhao SW, Chu HL, Shi TT, Ma QH, Bi J. PIK3CA mutations confer resistance to first-line chemotherapy in colorectal cancer. *Cell Death Dis.* 2018 Jul 3;9(7):739. doi: 10.1038/s41419-018-0776-6. PMID: 29970892; PMCID: PMC6030128.
- 5) Bos JL, Fearon ER, Hamilton SR, Verlaan-de Vries M, van Boom JH, van der Eb AJ, Vogelstein B. Prevalence of ras gene mutations in human colorectal cancers. *Nature.* 1987 May 28-Jun 3;327(6120):293-7. doi: 10.1038/327293a0. PMID: 3587348.
- 6) Milagre C, Dhomen N, Geyer FC, Hayward R, Lambros M, Reis-Filho JS, Marais R. A mouse model of melanoma driven by oncogenic KRAS. *Cancer Res.* 2010 Jul 1;70(13):5549-57. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-09-4254. Epub 2010 Jun 1. PMID: 20516123; PMCID: PMC2896549.
- 7) Prete A, Borges de Souza P, Censi S, Muzza M, Nucci N, Sponziello M. Update on Fundamental Mechanisms of Thyroid Cancer. *Front Endocrinol (Lausanne).* 2020 Mar 13;11:102. doi: 10.3389/fendo.2020.00102. PMID: 32231639; PMCID: PMC7082927.
- 8) Veluswamy R, Mack PC, Houldsworth J, Elkhouly E, Hirsch FR. KRAS G12C-Mutant Non-Small Cell Lung Cancer: Biology, Developmental Therapeutics, and Molecular Testing. *J Mol Diagn.* 2021 May;23(5):507-520. doi: 10.1016/j.jmoldx.2021.02.002. Epub 2021 Feb 20. PMID: 33618059.
- 9) Troiani T. RAS in Colorectal Cancer. ESMO Biomarker Factsheet 2015.
- 10) Kerr K. EGFR in Lung Cancer: ESMO Biomarker Factsheet 2015.

- 11) Lee T, Clarke JM, Jain D, Ramalingam S, Vashistha V. Precision treatment for metastatic non-small cell lung cancer: A conceptual overview. *Cleve Clin J Med*. 2021 Feb 1;88(2):117-127. doi: 10.3949/ccjm.88a.19148. PMID: 33526466.
- 12) Davies H, Bignell GR, Cox C, Stephens P, Edkins S, Clegg S, Teague J, Woffendin H, Garnett MJ, Bottomley W, Davis N, Dicks E, Ewing R, Floyd Y, Gray K, Hall S, Hawes R, Hughes J, Kosmidou V, Menzies A, Mould C, Parker A, Stevens C, Watt S, Hooper S, Wilson R, Jayatilake H, Gusterson BA, Cooper C, Shipley J, Hargrave D, Pritchard-Jones K, Maitland N, Chenevix-Trench G, Riggins GJ, Bigner DD, Palmieri G, Cossu A, Flanagan A, Nicholson A, Ho JW, Leung SY, Yuen ST, Weber BL, Seigler HF, Darrow TL, Paterson H, Marais R, Marshall CJ, Wooster R, Stratton MR, Futreal PA. Mutations of the BRAF gene in human cancer. *Nature*. 2002 Jun 27;417(6892):949-54. doi: 10.1038/nature00766. Epub 2002 Jun 9. PMID: 12068308.
- 13) Venderbosch S, Nagtegaal ID, Maughan TS, Smith CG, Cheadle JP, Fisher D, Kaplan R, Quirke P, Seymour MT, Richman SD, Meijer GA, Ylstra B, Heideman DA, de Haan AF, Punt CJ, Koopman M. Mismatch repair status and BRAF mutation status in metastatic colorectal cancer patients: a pooled analysis of the CAIRO, CAIRO2, COIN, and FOCUS studies. *Clin Cancer Res*. 2014 Oct 15;20(20):5322-30. doi: 10.1158/1078-0432.CCR-14-0332. Epub 2014 Aug 19. PMID: 25139339; PMCID: PMC4201568.
- 14) Gonzalez D, Fearfield L, Nathan P, Tanière P, Wallace A, Brown E, Harwood C, Marsden J, Whittaker S. BRAF mutation testing algorithm for vemurafenib treatment in melanoma: recommendations from an expert panel. *Br J Dermatol*. 2013 Apr;168(4):700-7. doi: 10.1111/bjd.12248. PMID: 23360189.
- 15) Kinde I, Wu J, Papadopoulos N, Kinzler KW, Vogelstein B. Detection and quantification of rare mutations with massively parallel sequencing. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2011 Jun 7;108(23):9530-5. doi: 10.1073/pnas.1105422108. Epub 2011 May 17. PMID: 21586637; PMCID: PMC3111315.
- 16) Bronkhorst AJ, Ungerer V, Holdenrieder S. The emerging role of cell-free DNA as a molecular marker for cancer management. *Biomol Detect Quantif*. 2019 Mar 18;17:100087. doi: 10.1016/j.bdq.2019.100087. PMID: 30923679; PMCID: PMC6425120.
- 17) Fiste O, Lontos M, Koutsoukos K, Terpos E, Dimopoulos MA, Zagouri F. Circulating tumor DNA-based predictive biomarkers in breast cancer clinical trials: a narrative review. *Ann Transl Med*. 2020 Dec;8(23):1603. doi: 10.21037/atm-20-1175. PMID: 33437802; PMCID: PMC7791253.
- 18) [Online] <https://cancer.sanger.ac.uk/cosmic>.

13 Bibliografía

- 19) Keup C, Benyaa K, Hauch S, Sprenger-Haussels M, Tewes M, Mach P, Bittner AK, Kimmig R, Hahn P, Kasimir-Bauer S. Targeted deep sequencing revealed variants in cell-free DNA of hormone receptor-positive metastatic breast cancer patients. *Cell Mol Life Sci.* 2020 Feb;77(3):497-509. doi: 10.1007/s00018-019-03189-z. Epub 2019 Jun 28. PMID: 31254045; PMCID: PMC7010653.
- 20) Fribbens C, Garcia Murillas I, Beaney M, Hrebien S, O'Leary B, Kilburn L, Howarth K, Epstein M, Green E, Rosenfeld N, Ring A, Johnston S, Turner N. Tracking evolution of aromatase inhibitor resistance with circulating tumour DNA analysis in metastatic breast cancer. *Ann Oncol.* 2018 Jan 1;29(1):145-153. doi: 10.1093/annonc/mdx483. PMID: 29045530; PMCID: PMC6264798.

14 Copyrights y marcas comerciales

Queda prohibida la reproducción no autorizada del contenido de este manual, total o parcialmente, sin la autorización previa por escrito de Sysmex Corporation, Japón.

Plasma-SeqSensei™ es una marca comercial de Sysmex Corporation, Japón.

Todas las demás marcas comerciales, nombres y productos son, aunque no estén específicamente marcados como tales, marcas comerciales o marcas registradas de sus respectivos propietarios.



Abril de 2022
ZR150537.R1

Sysmex Inostics GmbH
Falkenried 88
20251 Hamburg, Alemania
www.sysmex-inostics.com



© 2022 Sysmex Inostics
Todos los derechos
reservados.