



# **Plasma-SeqSensei™**

Solid Cancer IVD Kit

Istruzioni per l'uso

Aprile 2022

ZR150537.R1

## TEST IN VITRO/Per uso diagnostico in vitro

Glossario dei simboli			
	Produttore		Utilizzare entro
	Riferimento di catalogo		Numero di lotto
	Contenuto sufficiente per <n> test		Attenzione
	Limiti di temperatura		Consultare le istruzioni per l'uso
	Diagnostica in vitro		Non riutilizzare
	Conservare al riparo dalla luce		Conservare a secco
	Limiti umidità		

## Sommario

<b>1</b>	<b>Finalità</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Introduzione</b>	<b>4</b>
<b>3</b>	<b>Principio del test</b>	<b>6</b>
<b>4</b>	<b>Regioni di copertura</b>	<b>8</b>
<b>5</b>	<b>Interpretazione dei risultati delle varianti</b>	<b>9</b>
<b>6</b>	<b>Limitazioni</b>	<b>10</b>
<b>7</b>	<b>Reagenti, consumabili e apparecchiature</b>	<b>11</b>
7.1	Materiale in dotazione	12
7.2	Materiale non in dotazione	14
7.3	Consumabili	15
7.4	Apparecchiatura	16
<b>8</b>	<b>Conservazione e manipolazione</b>	<b>18</b>
8.1	Condizioni di spedizione	18
8.2	Precauzioni generali per la manipolazione	18
8.3	Avvisi e precauzioni	19
8.3.1.	Misure specifiche	19
8.3.2	Manipolazione e conservazione	20
8.3.3	Precauzioni per la manipolazione dei reagenti	20
8.3.4	Precauzioni relative alla sicurezza e alla contaminazione	21
<b>9</b>	<b>Flusso di lavoro</b>	<b>24</b>
9.1	UID PCR (PCR multiplex)	25
9.2	Purificazione della PCR UID	31
9.3	Index PCR	35
9.4	Purificazione dell'Index PCR	40
9.5	CQ libreria (Bioanalyzer)	44
9.6	Sequenziamento su Illumina NextSeq™ 500/550	48
<b>10</b>	<b>Assistenza tecnica</b>	<b>51</b>
<b>11</b>	<b>Caratteristiche delle prestazioni</b>	<b>52</b>
<b>12</b>	<b>Glossario e terminologia</b>	<b>53</b>
<b>13</b>	<b>Bibliografia</b>	<b>55</b>
<b>14</b>	<b>Diritti d'autore e marchi commerciali</b>	<b>58</b>

### 1 Finalità

Plasma-SeqSensei™ (PSS) Solid Cancer IVD Kit è un'analisi di sequenziamento quantitativo in parallelo (Next-Generation Sequencing, NGS) destinata al rilevamento e all'identificazione delle mutazioni nei geni bersaglio BRAF, EGFR, KRAS, NRAS e PIK3CA nel DNA libero circolante (cfDNA) umano isolato dal plasma sanguigno di pazienti con cancro per rilevare residui minimi della malattia, sorveglianza delle recidive e monitoraggio della risposta neo-adiuvante nei pazienti. Inoltre, il kit è destinato ad aiutare il medico nell'analisi dello stato mutazionale di RAS per determinare il potenziale beneficio della terapia con recettore del fattore di crescita anti-epidermico (EGFR) per i pazienti con cancro del colon-retto.

Il PSS Solid Cancer IVD Kit deve essere utilizzato esclusivamente in combinazione con il software PSS IVD per ottenere l'uso previsto e deve essere eseguito da personale addestrato in un ambiente di laboratorio professionale. Le informazioni generate non dovrebbero mai essere l'unico fattore determinante per l'assunzione di decisioni mediche.

**Nota:** Il PSS Solid Cancer IVD Kit non è destinato a essere utilizzato nello screening o per la diagnosi del cancro.

## 2 Introduzione

Le cellule tumorali in fase di apoptosi, necrosi o secrezione metabolica rilasciano quantità minime del loro DNA nel flusso sanguigno. La frazione tumorale specifica del cfDNA è chiamata anche DNA tumorale circolante (ctDNA) e contiene tutte le informazioni genetiche caratteristiche del tumore primario e delle metastasi. Una vasta serie di studi di ricerca e trial ha dimostrato le applicazioni cliniche della profilazione del ctDNA in fasi diverse della terapia oncologica, compresa la selezione della terapia, la prognosi e il monitoraggio (1).

Plasma-SeqSensei™ (PSS) Solid Cancer IVD Kit è un test pan-cancer a 5 geni per rilevare mutazioni nel cfDNA umano in un'ampia varietà di tumori solidi (Tabella 1). Il kit si basa sulla tecnologia di sequenziamento in parallelo (NGS) e interessa le mutazioni nei geni chiave PIK3CA, NRAS, KRAS, EGFR e BRAF per rilevare i marcatori tumorali in diverse tipologie di cancro, ad esempio il cancro del colon-retto, tumore del polmone, della mammella, della tiroide e il melanoma.

Le mutazioni KRAS sono rilevanti negli adenocarcinomi polmonari (30 % con KRAS G12C che comprende ~44 % di tutte le mutazioni KRAS, per un risultante ~13 % di tutti i casi di adenocarcinoma polmonare) (8) e nel cancro del colon-retto (40 % nell'esone 2 codoni 12 (70-80 %) e 13 (15-20 %)) - le rimanenti mutazioni si trovano principalmente nell'esone 3 codoni 59-61 e nell'esone 4 codoni 117 e 146 (9).

Le mutazioni NRAS rivestono un ruolo nel cancro del colon-retto (dal 3 al 5 % nell'esone 2 codoni 12, 13 e nell'esone 3 codone 61) (5), nel melanoma (20 %, la maggioranza (> 80 %) comporta una mutazione puntiforme che porta alla sostituzione della glutamina in leucina alla posizione 61) (6) e nel tumore della tiroide (dal 6 al 57 % di frequenza delle mutazioni somatiche conosciute) (7).

Le mutazioni PIK3CA presentano proporzioni diverse nel tumore della mammella (49 % nei tumori luminali A) (2), nel tumore del polmone (dal 2 al 7 % nell'esone 9 e nell'esone 20) (3) e nel cancro del colon-retto (dal 7 al 32 % nell'esone 9 e nell'esone 20) (4).

Le mutazioni del gene EGFR (negli esoni da 18 a 21, che codificano per il dominio interno del recettore tirosina-chinasi (TK) dell'EGFR e hanno una

## 2 Introduzione

---

capacità variabile di attivare la TK in assenza di legame con il ligando) sono segnalate nel 10-15 % degli adenocarcinomi in pazienti caucasici (tutti i casi indipendentemente dai precedenti di tabagismo) e nel 40-60 % degli adenocarcinomi nelle popolazioni dell'Asia orientale (10).

Le mutazioni **BRAF** sono i driver oncogeni nell'1-3 % dei casi di cancro del polmone non a piccole cellule (forma classica V600E (50 %)) (11), si verificano nell'8-12 % (nel complesso V600E) dei pazienti con cancro del colon-retto metastatico (sono quasi esclusivamente non sovrapponibili alle mutazioni RAS) (12, 13) e sono presenti in circa il 50 % di tutti i melanomi (il 90 % di queste mutazioni si verifica all'aminoacido 600, la maggior parte dei quali sono mutazioni BRAF V600E) (14) e nel cancro della tiroide (> 60 % di frequenza delle mutazioni somatiche note) (7).

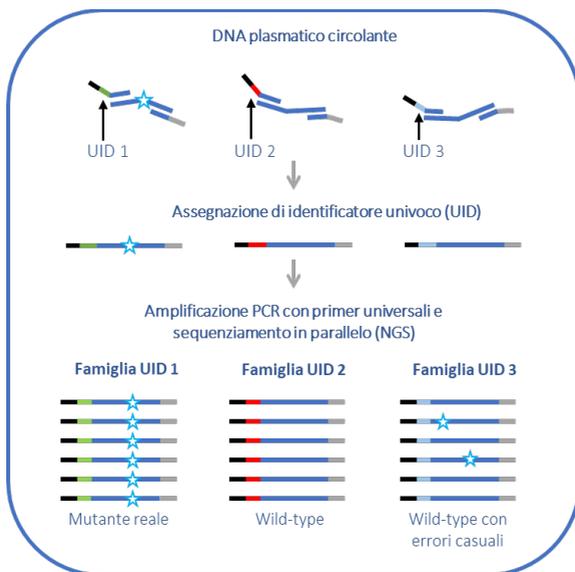
Negli ultimi anni, le ampie ricerche condotte sulla chirurgia curativa, sulla terapia neo-adiuvante, sull'immunoterapia e sulla terapia mirata (basata sul profilo molecolare) hanno portato a un aumento del tasso di sopravvivenza del paziente.

Per il rilevamento del ctDNA, sono disponibili varie tecnologie basate su NGS. Tuttavia, a causa di bias/errori di sequenziamento e PCR, la maggior parte di esse non è indicata per il rilevamento di varianti rare. Plasma-SeqSensei™ è una nuova tecnologia basata su NGS che implementa identificatori molecolari univoci (UID) nel flusso di lavoro di sequenziamento. Ne consegue una significativa riduzione del sottofondo che comporta una sensibilità ultra-alta della tecnologia PSS (15).

### 3 Principio del test

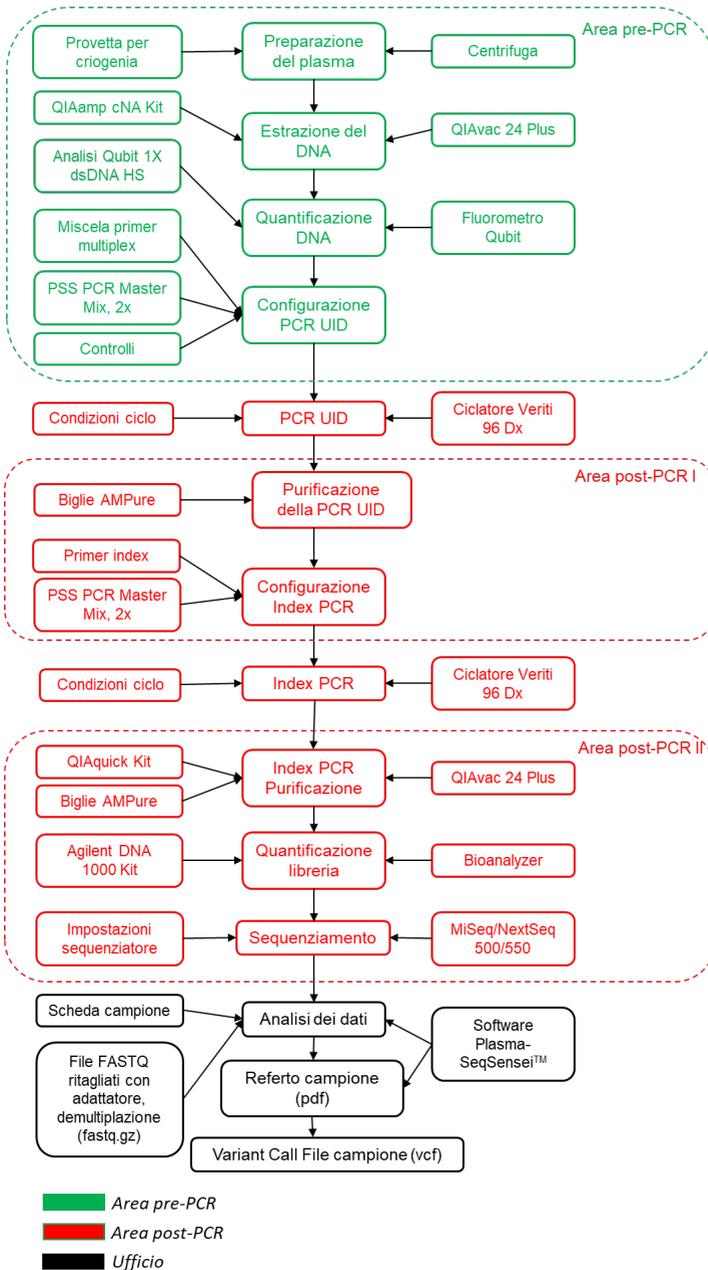
Il PSS Solid Cancer IVD Kit rileva mutazioni genetiche nel ctDNA isolato dal plasma sanguigno. Per accrescere la sensibilità del metodo, i frammenti di DNA vengono etichettati usando gli UID durante la prima fase di amplificazione. Ciò porta alla formazione di famiglie UID che consistono in varie copie di ciascun UID assegnato. Durante la seconda fase di amplificazione, a ciascun membro di una famiglia UID viene inoltre assegnato un codice a barre specifico per pozzetto e per piastra (15). Ai fini della validità, viene incluso un controllo di input interno per la quantificazione (Quantispik) oltre ai controlli esterni positivi e negativi in ogni corsa.

Il flusso di lavoro include l'analisi automatizzata dei dati e la generazione di referti utilizzando il software Plasma-SeqSensei™ IVD. Il software quantifica la quantità di cfDNA e identifica i supermutanti, ovvero famiglie UID in cui almeno il 90 % di tutti i frammenti PCR contiene mutazioni identiche. Questo concetto permette di discriminare i mutanti reali dagli artefatti della PCR o del sequenziamento presenti solo in un numero molto basso di componenti della famiglia UID. Il processo fondamentale della tecnologia PSS viene visualizzato nella Figura 1.



**Figura 1: Principio della tecnologia PSS**

### 3 Principio del test



**Figura 2: Flusso di lavoro del metodo Plasma-SeqSensei™**

## 4 Regioni di copertura

**Tabella 1: Regioni di copertura di PSS Solid Cancer IVD Kit**

Gene	Trascrizione*	Inizio sequenza codificante	Fine sequenza codificante	Inizio ammino-acido	Fine ammino-acido
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

\* Fonte sequenza: database Ensemble

### 5 Interpretazione dei risultati delle varianti

L'analisi è concepita per rilevare le mutazioni somatiche nel ctDNA derivato dal plasma. I risultati di questo test possono servire come aggiunta al check-up del medico ordinante e come tali devono essere interpretati nel contesto dei risultati clinici, della patologia tumorale e di altri dati di laboratorio da parte di un professionista sanitario qualificato.

#### Frequenze di mutazione:

Le frequenze di mutazione sono segnalate sia come MAF (frazione di allele mutante) che come numero assoluto di MM (molecole mutanti). La MAF indica la proporzione del ctDNA mutante rispetto al cfDNA totale. La MAF consente di confermare la presenza o l'assenza di mutazioni. Tuttavia, potrebbe non rispecchiare il carico tumorale complessivo, poiché la proporzione di ctDNA rispetto al cfDNA totale in un campione può essere influenzata da vari fattori tra cui la posizione anatomica del tumore, il ricambio delle cellule tumorali, la vascolarizzazione, la terapia, le procedure di prelievo del sangue, la manipolazione del campione e le caratteristiche cliniche del paziente non correlate allo stato del tumore (16). Il numero assoluto di MM rilevato per una data variante rappresenta il numero totale di molecole rilevate in un campione e può fornire indicazioni dirette sulle caratteristiche della biologia tumorale univoca di ciascun paziente (16, 17).

#### Varianti segnalate:

Vengono segnalate le varianti con un impatto funzionale caratterizzato, probabile o previsto. Si fondano su database disponibili al pubblico come COSMIC (18) e/o sono riportati nella letteratura scientifica peer-reviewed (17, 19, 20). Inoltre, le varianti di sospetta origine germinale, come indicato da una MAF osservata tra il 40 % e il 60 % o una MAF osservata superiore al 90 %, vengono illustrate in una tabella separata sul referto.

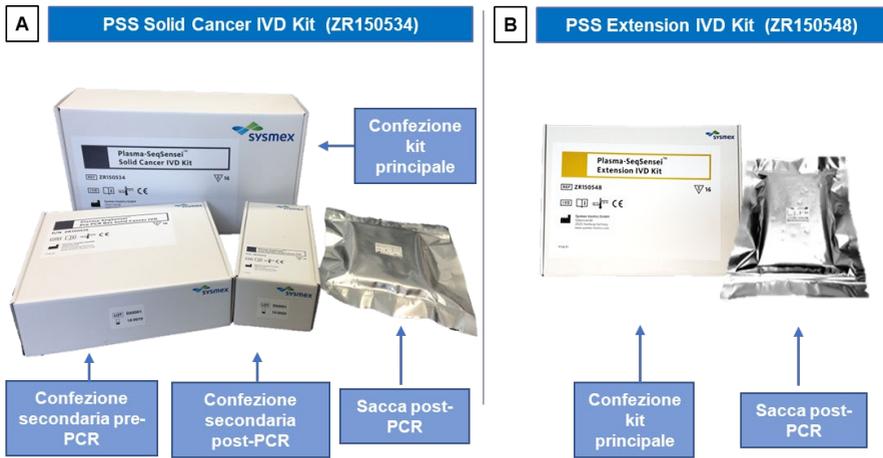
## 6 Limitazioni

Le sospette mutazioni germinali sono escluse dalla segnalazione in base ai valori MAF osservati e alle informazioni disponibili al pubblico. Tuttavia, questo test non può determinare definitivamente se queste mutazioni siano di origine germinale senza l'analisi di cellule sane corrispondenti. Inoltre, le mutazioni riportate per alcuni geni in un piccolo sottoinsieme di pazienti possono essere il risultato di un'ematopoiesi clonale e dovrebbero essere giudicate attraverso l'analisi di cellule ematiche corrispondenti. La rilevabilità del ctDNA dipende da vari fattori tra cui il carico del tumore, la biologia del tumore, le condizioni di raccolta del campione, l'eterogeneità del campionamento e le caratteristiche cliniche. Il test ha dimostrato di avere variazioni basse ma rilevabili a seconda del contesto della sequenza, particolarmente in campioni con conteggi di molecole target intorno al cutoff.

Il PSS Solid Cancer IVD Kit è stato testato per rilevare le seguenti tipologie di mutazioni somatiche: variazioni nel singolo nucleotide (Single-Nucleotide Variation, SNVs), inserzioni (fino a 27 nucleotidi), delezioni (fino a 48 nucleotidi) e varianti di delezione/inserzione (fino a 17 nucleotidi).

## 7 Reagenti, consumabili e apparecchiature

Il PSS Solid Cancer IVD Kit contiene due ulteriori confezioni e una sacca. Una delle confezioni deve essere conservata nel laboratorio pre-PCR mentre l'altra confezione e la sacca contenente la PSS Index Primer Plate deve essere conservata nel laboratorio post-PCR. Si raccomanda caldamente di suddividere la confezione del kit all'arrivo su due laboratori distinti per ridurre al minimo il rischio di contaminazione dei reagenti. La confezione pre-PCR è destinata all'uso in un laboratorio dove non viene manipolato DNA amplificato. La confezione post-PCR e la sacca sono destinate all'uso in un laboratorio dove vengono aperte e manipolate le fiale/piastre di reazione PCR.



**Figura 3: Immagini delle confezioni Plasma-SeqSensei™ Solid Cancer IVD Kit con sacca (A) e della confezione e sacca Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit (B) con i rispettivi luoghi di conservazione (aree pre- e post-PCR).**

## 7.1 Materiale in dotazione

Il materiale in dotazione è essenziale per l'analisi e non può essere sostituito da altri prodotti.



Il PSS Solid Cancer IVD Kit deve essere conservato a una temperatura compresa tra -15 °C e -30 °C quando non viene utilizzato.



Dopo l'apertura, i reagenti mantengono la propria stabilità per 30 giorni o fino alla data di scadenza, a seconda dell'evento che si verifica per primo.

**Tabella 2: Materiale in dotazione al PSS Solid Cancer IVD Kit (ZR150534)**

Confezione	Nome (colore tappo)	N. cat.	Provette	Cicli di congelamento-scongelo	Temperatura di conservazione
Confezione pre-PCR	PSS Solid Cancer Mpx A (blu)	ZR851015	4	2	Da -15 °C a -30 °C
	PSS Solid Cancer Mpx B (giallo)	ZR851016	4	2	Da -15 °C a -30 °C
	PSS Solid Cancer Positive Control (rosso)	ZR855007	4	2	Da -15 °C a -30 °C
	PSS No Template Control (trasparente)	ZR854002	4	2	Da -15 °C a -30 °C
	PSS Quantispike (verde)	ZR856001	4	2	Da -15 °C a -30 °C
	PSS PCR Master Mix, 2x (viola)	ZR230002	4	4	Da -15 °C a -30 °C
Sacca post-PCR	PSS Index Primer Plate IND34 <sup>1,2</sup>	ZR852004	1	N/D	Da -15 °C a -30 °C
Confezione post-PCR	PSS PCR Master Mix, 2x (viola)	ZR230002	2	4	Da -15 °C a -30 °C
	Water, nuclease-free (bianco)	ZR224006	1	N/D	Da -15 °C a -30 °C



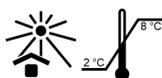
<sup>1</sup> Proteggere le piastre dall'esposizione alla luce. Dopo il primo utilizzo, conservare la PSS Index Primer Plate a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C.

<sup>2</sup> La PSS Index Primer Plate IND34 è definita anche piastra A nel flusso di lavoro e nel software PSS IVD.

Nel caso in cui vengano analizzati più di 16 campioni nella stessa corsa di sequenziamento, è necessario ordinare un Plasma-SeqSensej™ Extension IVD Kit.

**Tabella 3: Materiale in dotazione al PSS Extension IVD Kit (ZR150548)**

Confezione	Nome (colore tappo)	N. cat.	Provette	Cicli di congelamento-scongelo	Temperatura di conservazione
Sacca post-PCR	PSS Index Primer Plate IND35 <sup>1,2</sup>	ZR852005	1	N/D	Da -15 °C a -30 °C



<sup>1</sup> Proteggere le piastre dall'esposizione alla luce. Dopo il primo utilizzo, conservare la PSS Index Primer Plate a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C.

<sup>2</sup> La PSS Index Primer Plate IND35 è definita anche piastra B nel flusso di lavoro e nel software PSS IVD.

**Tabella 4: Composizione del materiale in dotazione**

Nome	Composizione
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



Tutti i componenti liquidi e disidratati del kit sono esclusivamente monouso. Ogni pozzetto della Index Primer Plate è esclusivamente monouso.

Le provette contenenti i reagenti utilizzano reagenti riutilizzabili che possono essere scongelati e ricongelati in base alla Tabella 2 per estrarre il liquido per le fasi del flusso di lavoro indicate.

## 7.2 Materiale non in dotazione

I prodotti laddove i dettagli sul produttore/fornitore e il numero d'ordine sono forniti nelle Tabella 5, Tabella 6 e Tabella 7, sono essenziali per il saggio e non devono essere scambiati con prodotti di qualità e/o con proprietà paragonabili.

**Tabella 5: Materiale non in dotazione al PSS Solid Cancer IVD Kit**

Materiale	Prodotti
Reagenti e kit	Etanolo (EtOH) ≥ 99,8 %, p.a.
	RNase and DNase free distilled water
	* Agencourt® AMPure® XP, Beckman Coulter, n. A63881
	* Buffer EB (tampone a eluizione), QIAGEN, n. 19086
	* QIAquick® PCR Purification Kit, QIAGEN, n. 28106
	* Buffer PB, QIAGEN, n. 19066
	* DNA 1000 Kit, Agilent, n. 5067-1504 <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Chip microfluidici</li> <li>■ Reagenti</li> <li>■ Chip Priming Station, Agilent, n. 5065-4401</li> </ul>
	* Reagenti DNA 1000, Agilent, n. 5067-1505
	* Kit di analisi Qubit™ 1X dsDNA HS, Thermo Fisher, n. Q33230 (100 rxns) o n. Q33231 (500 rxns)
	* Provette per analisi Qubit™, Thermo Fisher, n. Q32856
	Idrossido di sodio (NaOH), 1 M
	Soluzione di idrocloruro Trizma® pH 7,0, 1 M
	* NextSeq™ 500/550 Mid Output Kit v2.5 (150 cicli), Illumina, n. 20024904 Componenti del kit: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Cartuccia reagenti Mid Output (150 cicli), n. 15057940</li> <li>■ Cartuccia per celle di flusso Mid Output, n. 20022409</li> <li>■ Cartuccia tamponi, n. 15057941</li> <li>■ Tampone di ibridazione (HT1), n. 15058251</li> </ul>
	* NextSeq™ 500/550 High Output Kit v2.5 (150 cicli), Illumina, n. 20024907 Componenti del kit: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Cartuccia reagenti High Output (150 cicli), n. 15057931</li> <li>■ Cartuccia per celle di flusso High Output, n. 20022408</li> <li>■ Cartuccia tamponi, n. 15057941</li> <li>■ Tampone di ibridazione (HT1), n. 15058251</li> </ul>

\* Componenti essenziali; non devono essere scambiati con prodotti di qualità e/o proprietà paragonabili.

### 7.3 Consumabili

**Tabella 6: Consumabili necessari per PSS Solid Cancer IVD Kit**

Attrezzatura di laboratorio	Prodotto
Puntali pipette/pipette sierologiche	Puntali per pipette sterili resistenti all'aerosol con filtri da 2, 10, 20, 200, 1.000 µl
Provette di reazione	Provette da 15, 5, 2, 1,5 ml
	* Provette per DNA LoBind® DNA da 1,5 ml, Eppendorf, n. 0030108051
	Strisce di provette con tappi (1,3 ml)
Piastra a 96 pozzetti	* Piastra per PCR a 96 pozzetti, segmentata, con mezzo bordo rialzato (semi-skirted), Thermo Scientific, n. AB0900 o n. AB2400 (necessaria per PCR)
	Piastra per PCR a 96 pozzetti Multiply® senza bordo laterale rialzato, Sarstedt (opzionale, per diluizioni)
Foglio sigillante per piastre a 96 pozzetti	Foglio in alluminio
	Pellicola adesiva trasparente
Apparecchiatura di sicurezza	Camici, manicotti, occhiali, copriscarpa monouso, guanti protettivi
Varie	Contenitori per reagenti monouso (25 ml)
	* Prolunghe per provette da 3 ml per collettori a vuoto QIAvac, Qiagen, n. 19587
	* VacConnectors (500) per collettori a vuoto QIAvac, Qiagen, n. 19407

\* Componenti essenziali; non devono essere scambiati con prodotti di qualità e/o proprietà paragonabili.

## 7.4 Apparecchiatura

Tabella 7: Apparecchiatura necessaria per PSS Solid Cancer IVD Kit

Attrezzatura di laboratorio	Prodotto
Strumenti elettronici	Centrifuga per provette da 1,5/2 ml, con capacità di 20.000 × g, rotore ad angolo fisso
	Centrifuga per provette da 15/50 ml, con capacità di 7.197 × g, rotore ad angolo fisso
	Centrifuga per piastre a 96 pozzetti, con capacità di 1.000 × g, rotore ad angolo fisso
	Minicentrifuga, potenza ≤ 2.000 × g
	Vortexer con inserti per provette e piastre a 96 pozzetti
	Vortexer con inserto per chip per DNA Agilent, potenza 2.400 giri/min.
	Congelatore, da -15 °C a -30 °C
	Frigorifero, da 2 °C a 8 °C
	Stazione di lavoro DNA/cappa per PCR
	Cappa aspirante (fortemente raccomandata)
	Cappe di sicurezza biologica di Classe II (fortemente raccomandate)
	Qiagen Connecting System
	QIAvac 24 Plus System
	Pompa a vuoto (230 V, 50 Hz)
	Termociclatore Veriti Dx a 96 pozzetti o equivalente*
	Agilent 2100 Bioanalyzer System
	Illumina NextSeq™ 500/550
2100 Expert Software, Agilent Technologies	
Pipette	Pipetta 1.000 µl, 200 µl, 20 µl, 10 µl, 2 µl
	Pipetta multicanale (12 canali) 200 µl, 20 µl
	Pipettatore da 5 a 100 ml
Rack	Rack per provette da 50 ml, 15 ml, 5 ml, 1,5/2 ml
	Rack per catena di provette
	Rack da 96 pozzetti
	Piastra magnetica super 96S, Alpaqua® SKU: A001322
	Magnete DynaMag™-2, Thermo Fisher, n. 12321D

## 7 Reagenti, consumabili e apparecchiature

---

Attrezzatura di laboratorio	Prodotto
	Scatole per conservazione in congelatore
Varie	Applicatore di pellicola
	Contasecondi

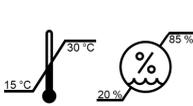
▪ L'equivalenza deve essere determinata dall'utente e l'uso di altri dispositivi per termociclatori avviene a rischio dell'utente.

## 8 Conservazione e manipolazione

### 8.1 Condizioni di spedizione

Il prodotto sarà spedito su ghiaccio secco. All'arrivo, verificare se il ghiaccio secco è ancora presente nella confezione e i reagenti sono congelati.

### 8.2 Precauzioni generali per la manipolazione



Assicurarsi che la temperatura e l'umidità all'interno dei laboratori restino comprese tra 15 °C e 30 °C e tra il 20 % e l'85 %, rispettivamente (riduzione del rischio di condensa/evaporazione).

Non mangiare, bere o fumare in laboratorio. Effettuare la manutenzione delle attrezzature in base alle istruzioni del produttore.

Decontaminare e smaltire tutti i reagenti, i campioni e le relative scorte in conformità ai regolamenti governativi locali. Per ottenere risultati accurati e riproducibili è essenziale evitare la contaminazione con DNA estraneo, soprattutto con i prodotti della PCR provenienti da piastre utilizzate in precedenza. I prodotti amplificati da esperimenti precedenti costituiscono la fonte più comune di contaminazione del DNA.

I reagenti forniti appaiono visivamente trasparenti e incolori, ad eccezione della PSS Index Primer Plate che contiene blu di bromofenolo in tutti i pozzetti (colore blu). Se si verificano variazioni nell'aspetto del materiale o si sospetta un degrado dovuto a conservazione errata che può influenzare le prestazioni dell'analisi, rivolgersi all'assistenza tecnica (► capitolo 10 *Assistenza tecnica*, pagina 51/58).

### 8.3 Avvisi e precauzioni

Questo prodotto non contiene materiale pericoloso.



Le schede di sicurezza dei materiali sono disponibili all'indirizzo [www.sysmex-inostics.com](http://www.sysmex-inostics.com).

In caso di incidenti gravi che si verificano in relazione a PSS Solid Cancer IVD Kit, segnalarli immediatamente al produttore e all'autorità competente dello Stato membro in cui risiede l'utente e/o il paziente.

#### 8.3.1. Misure specifiche

Misure di primo soccorso

- **Consiglio generico:** in caso di effetti persistenti, consultare un medico. Rimuovere immediatamente indumenti e calzature contaminati e lavarli accuratamente prima di riutilizzarli.
- **In caso di aspirazione:** allontanare la persona dalla zona interessata. Accertarsi che sia presente aria fresca.
- **In caso di contatto con la pelle:** lavare l'area interessata con sapone e abbondante acqua.
- **In caso di contatto con gli occhi:** rimuovere le lenti a contatto. Sciacquare accuratamente l'occhio sotto l'acqua corrente tenendo le palpebre ben aperte per almeno 10-15 minuti. Proteggere l'occhio non colpito.
- **In caso di ingestione:** rivolgersi immediatamente a un medico. Non indurre il vomito. Non somministrare nulla per bocca a una persona in stato di incoscienza.

### 8.3.2 Manipolazione e conservazione

#### Misure generali di protezione e igiene

Non mangiare, bere o fumare in laboratorio e assicurarsi che venga utilizzata una buona tecnica di lavaggio delle mani prima di uscire. Non inalare i vapori. Evitare il contatto con gli occhi e la pelle. Rimuovere immediatamente gli indumenti sporchi o inzuppati.

#### Precauzioni per una manipolazione in sicurezza

I rischi di manipolazione del prodotto devono essere ridotti al minimo adottando le misure di protezione e le azioni preventive appropriate. Il processo di lavoro deve essere progettato per escludere il rilascio di sostanze pericolose o il contatto con la pelle, per quanto possibile.

#### Consigli sulla protezione contro incendi ed esplosioni

Non sono necessarie misure speciali.

#### Condizioni per una conservazione sicura, comprese eventuali incompatibilità



Tenere il contenitore ben chiuso in un luogo asciutto e ben ventilato. I contenitori aperti devono essere richiusi con cura e tenuti in posizione verticale per evitare perdite.

### 8.3.3 Precauzioni per la manipolazione dei reagenti



Per garantire un uso e uno smaltimento corretti e per evitare la contaminazione dei reagenti, seguire le precauzioni elencate di seguito:

- Non utilizzare reagenti scaduti o non conservati correttamente.
- Preparare i reagenti seguendo le istruzioni fornite.
- I reagenti sono destinati all'uso esclusivo con gli altri reagenti dello stesso kit.
- I reagenti di kit o lotti diversi non possono essere raggruppati o scambiati.
- Registrare la data di apertura e contrassegnare le provette dopo ogni uso, per garantire che i reagenti non vengano utilizzati dopo la

data di scadenza successiva all'apertura o dopo il numero raccomandato di cicli di congelamento-scongelo.

- Evitare la contaminazione dei reagenti cambiando spesso i guanti. Cambiare sempre i guanti tra la manipolazione dei reagenti e dei campioni.
- Smaltire i reagenti non utilizzati e i rifiuti in conformità alle normative ambientali nazionali, regionali e locali.

### 8.3.4 Precauzioni relative alla sicurezza e alla contaminazione



Seguire le precauzioni elencate qui sotto per mantenere l'ambiente di lavoro del laboratorio al riparo da contaminazioni del DNA e garantire la sicurezza del personale:

- Separare le aree di lavoro utilizzate per le operazioni di laboratorio pre-PCR e post-PCR e rispettare un flusso di lavoro unidirezionale da “pulito” (aree pre-amplificazione) a “sporco” (aree post-amplificazione).
- Accertarsi che l'apparecchiatura dedicata (comprese le pipette) come scorte, reagenti, taniche del liquido di scarto a rischio biologico e manuali di laboratorio siano presenti in ciascuna area di lavoro. Non trasferire mai questi materiali tra le aree di lavoro pre-PCR e post-PCR. Si raccomanda di utilizzare la codifica cromatica o l'etichettatura dell'attrezzatura, delle scorte e dei reagenti per identificare quelli che appartengono a una determinata area.
- Indossare adeguati dispositivi di protezione individuale durante tutta la procedura.
  - Indossare sempre un camice da laboratorio (preferibilmente monouso) e guanti senza polvere monouso quando si lavora nei laboratori pre-PCR e post-PCR.
  - Cambiare spesso i guanti tra la manipolazione di reagenti e campioni e dopo che la pelle è venuta a contatto con la superficie esterna dei guanti per impedire la contaminazione.
  - Indossare occhiali protettivi almeno durante la preparazione del plasma, l'estrazione del DNA e la purificazione del prodotto PCR con QIAquick®.

- Indossare copriscarpe monouso o cambiare le calzature, tra i laboratori pre-PCR e post-PCR, e indossare manicotti di protezione per le braccia monouso (necessari nel laboratorio pre-PCR e raccomandati nel laboratorio post-PCR, soprattutto per la purificazione della PCR UID e l'Index PCR).
- Quando si esce dalle aree di laboratorio pre-PCR e post-PCR, rimuovere e smaltire i dispositivi di protezione individuale.
- Manipolare tutti i campioni come materiale potenzialmente infettivo. In caso di fuoriuscita, si raccomanda di pulire l'area interessata in primo luogo con un detergente/disinfettante e acqua, quindi con una soluzione di ipoclorito di sodio allo 0,5 % (candeggina) preparata utilizzando acqua deionizzata.

**Nota:** *La concentrazione dell'ipoclorito di sodio nella candeggina liquida reperibile in commercio per uso domestico (ad es. marca Clorox) è generalmente pari al 5,25 %. Una diluizione 1:10 di candeggina per uso domestico consente di ottenere una soluzione con lo 0,5 % di ipoclorito di sodio.*

- Utilizzare cappe per PCR dedicate per le fasi di pipettamento.
- Dopo l'uso, pulire le cappe per PCR con un disinfettante a base di composti di ammonio quaternario (come RHEOSEPT-WD plus o equivalente) seguito da un prodotto progettato per rimuovere gli acidi nucleici e le nucleasi (come Roti® privo di acidi nucleici o equivalente).
- Dopo l'uso, pulire le aree di lavoro per la PCR con un prodotto apposito per la rimozione degli acidi nucleici e delle nucleasi (come Roti® privo di acidi nucleici o equivalente).
- Decontaminare la cappa di sicurezza, le aree di lavoro per PCR e gli strumenti del laboratorio (pipette, rack per provette e altre attrezzature) con raggi ultravioletti (UV) dopo l'uso. Per garantire l'efficacia delle radiazioni UV, accertarsi che le lampade UV vengano pulite regolarmente per evitare l'accumulo di residui che ne ridurrebbero l'efficienza.
- Utilizzare solo puntali per pipetta sterili resistenti all'aerosol, con filtri (con certificato di lotto, privi di RNAsi e DNAsi e di sostanze pirogene).
- Utilizzare solamente reagenti e provette per PCR.

## 8 Conservazione e manipolazione

---

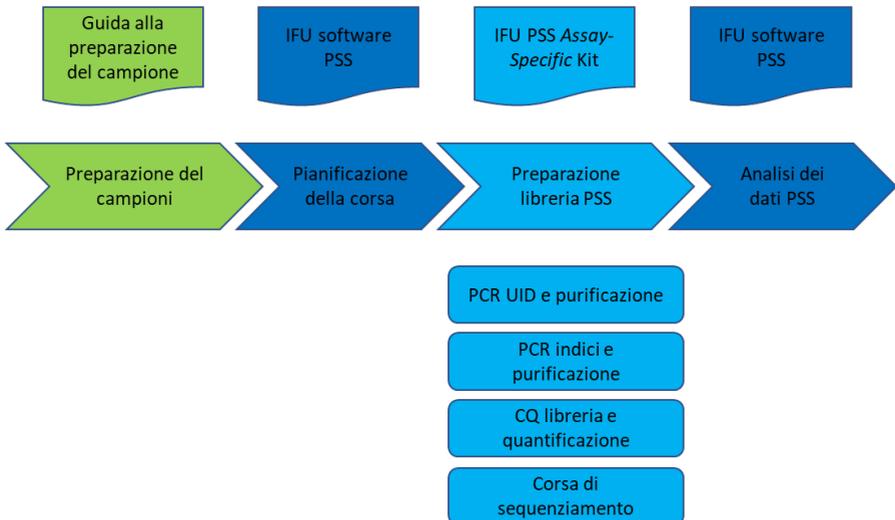
- Tenere aperta solamente una provetta del campione o del reagente alla volta.
- Per prevenire la contaminazione di soluzioni di reagenti per uso multiplo, preparare delle aliquote di lavoro in conformità alle istruzioni ed evitare il pipettamento diretto.

## 9 Flusso di lavoro

PSS Solid Cancer IVD Kit utilizza cfDNA quantificato da plasma per rilevare il ctDNA. Prima di avviare il flusso di lavoro della libreria (Figura 4), come illustrato nelle presenti IFU, assicurarsi che il flusso di lavoro di preparazione del campione sia completato come descritto nella guida alla preparazione del campione di Sysmex Inostics.

Inoltre, la prima parte delle IFU del software IVD Plasma-SeqSensei™, la pianificazione della corsa, deve essere completata. Se occorre diluire i campioni perché il relativo contenuto di DNA è troppo elevato, fare riferimento al ► capitolo 9.1 *UID PCR (PCR multiplex)*, pagina 25/58, di queste IFU.

Figura 4 descrive il processo, comprese le singole fasi del flusso di lavoro, nonché a quali IFU o Guide attenersi per l'intero processo Plasma-SeqSensei™.



**Figura 4: Processo Plasma-SeqSensei™, comprese le fasi del flusso di lavoro e i documenti necessari.**



Ogni PSS Solid Cancer IVD Kit è progettato per analizzare fino a 16 campioni su un'unica piastra.

Se vengono eseguiti più di 16 campioni nella stessa corsa di sequenziamento, eseguire un secondo PSS Solid Cancer IVD Kit ed è necessario procurarsi un Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit.

Per i campioni sulla seconda piastra (campioni da 17 a 32) usare la PSS Index Primer Plate **IND35 (piastra B)** del PSS Extension IVD Kit anziché la PSS Index Primer Plate IND34 (piastra A) del PSS Solid Cancer IVD Kit originale.



**Pericolo:** Quando la stessa PSS Primer Plate (ad es. IND34) viene usata due volte nella stessa corsa, i risultati non saranno analizzabili.

Se occorre utilizzare due piastre, preparare sempre solo una piastra alla volta per ogni fase del flusso di lavoro prima di iniziare con l'altra piastra. Ogni piastra contiene un controllo positivo (Positive Control, PC) e un controllo "no template" (No Template Control, NTC).

### 9.1 UID PCR (PCR multiplex)

Nella PCR UID multiplex, tutte le regioni target sono co-amplificate e introducono sequenze univoche di codici a barre molecolari. Gli UID consentono una significativa riduzione del sottofondo, con conseguente altissima sensibilità della tecnologia Plasma-SeqSensei™.

Per PSS Solid Cancer IVD Kit, è possibile analizzare i campioni con una quantità di DNA compreso tra 5,7 e 95 ng/116 µl. I campioni con un contenuto di DNA più elevato devono essere diluiti ad almeno 95 ng/116 µl. I campioni con meno di 5,7 ng/116 µl non sono stati convalidati.

Per ottenere risultati ottimali, raccomandiamo una **quantità di DNA di 43 ng/116 µl** per campione ove possibile.

Kit e reagenti necessari:

- **PSS Solid Cancer Mpx A** (tappo blu), Sysmex Inostics, n. ZR851015
- **PSS Solid Cancer Mpx B** (tappo giallo), Sysmex Inostics, n. ZR851016
- **PSS Solid Cancer Positive Control** (tappo rosso), Sysmex Inostics, n. ZR855007
- **PSS No Template Control** (tappo trasparente), Sysmex Inostics, n. ZR854002
- **PSS Quantispike** (tappo verde), Sysmex Inostics, n. ZR856001
- **PSS PCR Master Mix, 2x** (tappo viola), Sysmex Inostics, n. ZR230002

Diluizione di DNA:

Se la concentrazione di DNA supera la quantità massima di 95 ng/116 µl, si consiglia di diluire il campione a **43 ng/116 µl** in conformità ai seguenti calcoli:

$$\text{Fattore di diluizione} = \frac{\text{Concentrazione misurata in ng/116 } \mu\text{l}}{43 \text{ ng/116 } \mu\text{l}}$$

$$\text{Volume di eluato richiesto } [\mu\text{L}] = \frac{130 \mu\text{l}}{\text{fattore di diluizione}}$$

Con il volume totale di eluato di 130 µl (per i dettagli vedere ► capitolo 4.2 Guida di preparazione della purificazione del DNA circolante dal plasma del campione)

$$\text{Volume del Buffer AVE } [\mu\text{l}] = 130 \mu\text{l} - \text{volume di eluato richiesto}$$

I seguenti passaggi vengono eseguiti nell'area di preparazione del campione nel laboratorio pre-PCR.

Preparazione:

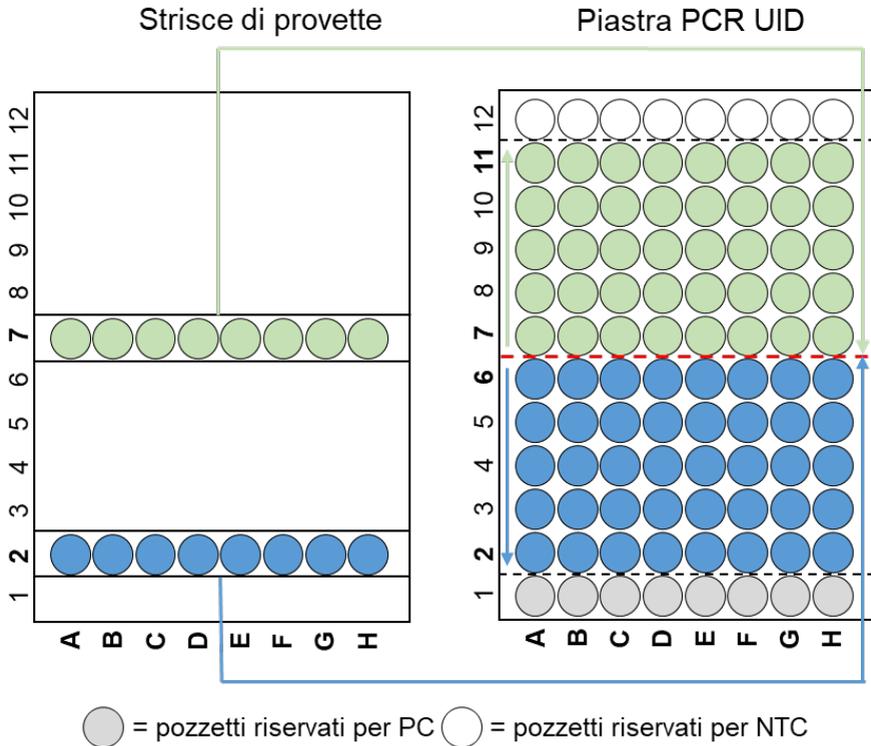
- Tutti i reagenti e i controlli congelati:
  - Scongelare
  - Agitare per 5 s
  - Centrifugare per 2 s
- Campioni di DNA da amplificare:
  - Scongelare
  - Agitare per 5 s
  - Centrifugare per 2 s
- Verificare il contenuto di DNA totale dei campioni.  
Se il contenuto totale di DNA è troppo alto (> 95 ng/116 µl), diluire il campione in base al calcolo riportato sopra.
- Etichettare le provette LoBind® da 1,5 ml per tutti i campioni che richiedono la diluizione.
- Etichettare chiaramente le catene di provette campione in base alla configurazione della piastra.
- Se si analizzano più di 16 campioni, eseguire sempre la configurazione della PCR UID per una piastra alla volta.

Configurazione della PCR UID:

**Nota:** *Il DNA del campione di plasma isolato è sottoposto a una PCR multiplex in 5 replicati/pozzetti. I controlli positivi e negativi sono analizzati in singoli replicati (colonne 1 e 12).*

**Nota:** *I campioni vengono aggiunti alla piastra PCR UID colonna per colonna utilizzando una pipetta multicanale, come illustrato in Figura 5 (per la prevenzione della contaminazione). Le strisce di provette campione devono essere disposte parallelamente alla piastra PCR UID.*

**Nota:** *Evitare di miscelare i campioni durante il flusso di lavoro.*



**Figura 5: Schema di pipettamento usato quando si pipetta dalle strisce di provette su una piastra PCR UID**

1. Preparare la miscela di lavoro PCR UID per piastra in base alla Tabella 8: "Miscela di lavoro PCR UID". Miscelare pipettando su e giù 10 volte con la pipetta monocanale. Del volume della miscela di lavoro PCR UID necessario per PC e NTC si tiene conto nei calcoli (vedere Tabella 8).

**Tabella 8: Schema di pipettamento della miscela di lavoro PCR UID per piastra**

Numero di campioni (1 campione = 5 replicati), con il 15 % in eccesso	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
Volume finale (somma)	481,0	681,3	881,6	1.080,8	1.281,1	1.481,4	1.681,6	1.880,9

Numero di campioni (1 campione = 5 replicati), con il 15 % in eccesso	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
Volume finale (somma)	2.081,2	2.281,4	2.481,7	2.681,0	2.881,2	3.081,5	3.281,7

2. Aggiungere 34,8 µl di miscela di lavoro PCR UID ai pozzetti delle colonne 1 e 12 in base alla configurazione della piastra.
3. Aggiungere 23,2 µl di controllo positivo al pozzetto nella colonna 1 in base alla configurazione della piastra e miscelare il PC pipettando su e giù 10 volte.

Aggiungere 23,2 µl di controllo negativo al pozzetto nella colonna 12 in base alla configurazione della piastra e miscelare il NTC pipettando su e giù 10 volte.

4. Trasferire un'aliquota di 187,5 µl di miscela di lavoro PCR UID per ciascun campione nella striscia di provette.
5. Aggiungere 125 µl di campione alla provetta corrispondente della striscia di provette e miscelare pipettando su e giù 10 volte.



### 9.2 Purificazione della PCR UID

Agencourt AMPure® XP Kit viene utilizzato per rimuovere i primer in eccesso, che interferirebbero nella successiva Index PCR.

Kit e reagenti necessari:

- **Agencourt AMPure® XP**, Beckman Coulter, n. A63881
- **Buffer EB** (tampone a eluizione), QIAGEN, n. 19086
- **Etanolo** (EtOH) ≥ 99,8 %, p.a.
- **RNase and DNase-free distilled water**

I seguenti passaggi vengono eseguiti nel laboratorio post-PCR.

Preparazione:

- Se la piastra è stata conservata a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C, eseguire il programma della PCR “PSS Remove Condensate\_v1”.

**Tabella 10: Profilo Tt di PSS Remove Condensate\_v1**

Ciclatore per PCR: Veriti

Impostazione volume: 50 µl

Coperchio riscaldato      Temperatura coperchio      105 °C

N.	T [°C]	Ora [mm:ss]	Andare a n.	N. cicli
1	4	02:00	N/D	1

- Prima di rimuovere il sigillo, centrifugare la piastra a 1.000 x g per 5 s.
- Fornire un contenitore per i rifiuti liquidi.
- Preparare nuovo EtOH al 70 %. Invertire le provette 10 volte.

**Raccomandazione:** *Preparare EtOH al 70 % durante l'incubazione nella fase 3.*

**Tabella 11: Preparazione di EtOH al 70 %**

	Metà piastra (8 campioni)	Piastra intera (16 campioni)
EtOH ( $\geq 99,8$ %, p.a.)	9,1 ml	17,5 ml
Acqua distillata	3,9 ml	7,5 ml
Totale	13 ml	25 ml

- Risospendere le biglie facendo rotolare il flacone orizzontalmente sulla superficie di lavoro. Ruotare lentamente, con una pausa dopo ogni giro di  $180^\circ$ , e attendere che il liquido coli. Ripetere fino a quando le biglie sono risospese in modo omogeneo e non vi sono più strisce visibili. Invertire il flacone di quando in quando.
- Aggiungere la soluzione basata su biglie AMPure<sup>®</sup> in un contenitore utilizzando una pipetta da 1 ml.

**Tabella 12: Volume necessario delle biglie AMPure<sup>®</sup>**

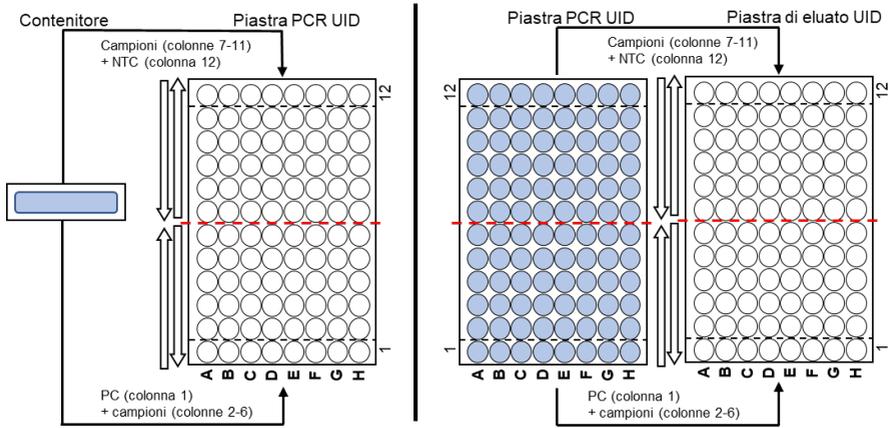
Metà piastra (8 campioni)	Piastra intera (16 campioni)
4,4 ml	8,3 ml

- Se occorre utilizzare due piastre per PCR UID, eseguire sempre il flusso di lavoro di purificazione della PCR UID per una piastra alla volta.

Procedura di purificazione:

1. Utilizzare una pipetta multicanale per eseguire le seguenti fasi. Le piastre PCR UID e di eluato UID devono essere disposte parallelamente l'una all'altra e il pipettamento viene effettuato per colonna (non per fila, Figura 6).

**Nota:** *Eseguire tutti i passaggi pipettando da sinistra a destra.*



**Figura 6: Schema di pipettamento usato quando si pipetta dal contenitore alla piastra PCR UID (sinistra) o alla piastra PCR UID (destra) in una piastra di eluato UID.**

2. Aggiungere 81 µl di biglie AMPure® in ogni pozzetto della piastra PCR UID, miscelare pipettando lentamente su e giù 10 volte.

**Nota:** Risospendere le biglie AMPure® 3 volte nel contenitore prima di ogni aspirazione.

**Nota:** Assicurarsi che le biglie non si seccino mai.

3. Incubare la piastra PCR UID a temperatura ambiente per 10 minuti.
4. Posizionare la piastra PCR UID sulla piastra magnetica (Alpaqua) e incubare per 5 minuti.
5. Assicurarsi che tutte le biglie siano legate al magnete. Rimuovere attentamente il supernatante pipettando 134 µl.

**Nota:** Non disturbare l'anello di biglie magnetiche separate. Spostare il puntale della pipetta sul fondo del pozzetto senza toccare la parete.

6. Trasferire EtOH al 70 % in un contenitore.

**Tabella 13: Volume necessario di EtOH al 70 %**

Metà piastra (8 campioni)	Piastra intera (16 campioni)
13 ml	25 ml

7. Aggiungere 100 µl di EtOH al 70 % ad ogni pozzetto senza risospendere. Incubare per 30 s.
8. Mantenere la piastra sul magnete. Rimuovere con cautela e smaltire 110 µl di EtOH.
9. Aggiungere 100 µl di EtOH al 70 % ad ogni pozzetto senza risospendere. Incubare per 30 s.
10. Mantenere la piastra sul magnete. Rimuovere con cautela e smaltire 100 µl di EtOH.
11. Rimuovere l'EtOH residuo utilizzando la pipetta multicanale da 20 µl.
12. Rimuovere la piastra PCR UID dal magnete e lasciarla asciugare per 2 minuti.
13. Aggiungere il volume necessario di Buffer EB in un contenitore.

**Tabella 14: Volume necessario di Buffer EB**

Metà piastra (8 campioni)	Piastra intera (16 campioni)
7 ml	13 ml

14. Aggiungere 120 µl di Buffer EB ad ogni pozzetto per eluire il DNA e miscelare accuratamente su e giù almeno 10 volte.
15. Incubare la piastra PCR UID per 2 minuti a temperatura ambiente.
16. Posizionare la piastra PCR UID sul magnete e incubare per 1 minuto.
17. Trasferire accuratamente 110 µl di ogni pozzetto di eluato nella piastra di eluato UID, smaltire la piastra PCR UID.
18. Procedere direttamente con l'Index PCR o sigillare la piastra di eluato UID. Conservare la piastra a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C fino a 7 giorni o tra -15 °C e -30 °C fino a 2 mesi.
19. Se si analizzano più di 16 campioni, ripetere la procedura di purificazione della PCR UID con una seconda piastra PCR UID a partire dalla fase 2.

### 9.3 Index PCR

Viene eseguita l'Index PCR per amplificare i prodotti purificati PCR UID mentre si introducono i tag di indicizzazione (codici a barre del pozzetto) e gli adattatori di sequenziamento Illumina. Ogni PSS Solid Cancer IVD Kit contiene una PSS Index Primer Plate IND34 (piastra A) per analizzare fino a 16 campioni. Se vengono analizzati più di 16 campioni nella stessa corsa di sequenziamento, è possibile utilizzare una seconda PSS Index Primer Plate IND35 (piastra B) del Plasma-SeqSensei™ Extension IVD Kit.

**Nota:** ***Non** utilizzare la stessa piastra due volte nella stessa corsa di sequenziamento. Utilizzare sempre due piastre diverse (IND34 + IND35/piastra A + piastra B).*

I pozzetti delle PSS Index Primer Plate sono monouso. Le posizioni delle Index Primer Plates essiccate devono corrispondere a quelle della piastra PCR finale e alla configurazione della piastra nello strumento di pianificazione della corsa del software IVD Plasma-SeqSensei™ (Figura 7). Tenere conto di quali pozzetti sono già utilizzati. Quando si pianifica la corsa successiva, utilizzare le posizioni/i pozzetti degli indici restanti e trasferire le informazioni 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: Esempio di configurazione della piastra per l'Index PCR**

Kit e reagenti necessari:

- **PSS Index Primer Plate IND34** (piastra A), Sysmex Inostics, n. ZR852004
- *opzionale:* **PSS Index Primer Plate IND35** (piastra B), Sysmex Inostics, n. ZR852005

- **PSS PCR Master Mix, 2x** (tappo viola), Sysmex Inostics, n. ZR230002
- **Water, nuclease-free** (tappo trasparente), Sysmex Inostics, n. ZR224006
- **Buffer EB** (tampone a eluizione), QIAGEN, n. 19086

I seguenti passaggi vengono eseguiti nel laboratorio post-PCR.

Preparazione:

- Fornire tutti i reagenti e lasciarli raggiungere la temperatura di lavoro.
- Etichettare tutti i materiali plastici necessari (provetta per miscela di lavoro Index PCR, contenitore monouso, piastra DIL, piastra Index PCR).
- Collocare il Buffer EB necessario in un contenitore e coprire fino a quando non diventa necessario.

**Tabella 15: Volume necessario di Buffer EB**

Metà piastra (8 campioni)	Piastra intera (16 campioni)
5,5 ml	10 ml

- Se la piastra è stata conservata a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C, eseguire il programma della PCR "PSS Remove Condensate\_v1".
- Se è stata conservata la piastra di eluato UID, centrifugarla a 1.000 x g per 5 s.
- Se si elaborano due piastre di eluato UID, eseguire sempre il flusso di lavoro dell'Index PCR per una sola piastra alla volta.

Piastra di preparazione della diluizione (DIL):

**Nota:** Utilizzare una pipetta multicanale per eseguire le seguenti fasi della preparazione della piastra DIL.

1. Posizionare la piastra di eluato UID sul magnete e incubare per 1 minuto.
2. Aggiungere 99 µl di Buffer EB per pozzetto alla piastra DIL in base alla configurazione della piastra.

## 9 Flusso di lavoro

- Trasferire 5 µl per pozzetto dalla piastra di eluato UID alla piastra DIL, sciacquare il puntale della pipetta pipettando su e giù per 3 volte.

**Nota:** Se la piastra è stata conservata, miscelare accuratamente dalla piastra di eluato UID pipettando su e giù per 5 volte.

- Miscelare accuratamente pipettando 70 µl su e giù 10 volte.
- Sigillare la piastra di eluato UID. Conservare la piastra con il volume residuo a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C fino a 7 giorni o tra -15 °C e -30 °C fino a 2 mesi.

Preparazione della PSS Index Primer Plate:

- Centrifugare la PSS Index Primer Plate a 1.000 x g per 5 s.
- Preparare il numero necessario di pozzetti della PSS Index Primer Plate perforando il foglio in alluminio con puntali da 200 µl.

**Nota:** Verificare se sia stata usata la piastra corretta (IND34 o IND35/A o B) con l'orientamento corretto.

Preparazione dell'Index PCR:

- Agitare tutti i reagenti per 5 s e centrifugarli per 2 s.
- Preparare la miscela di lavoro dell'Index PCR in base alla Tabella 16. Agitare la miscela per 5 s e centrifugarla per 2 s.

**Tabella 16: Schema di pipettamento della miscela di lavoro dell'Index PCR**

Numero di campioni, con il 10% in eccesso	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
Volume finale (somma)	198	281	364	445	528	611	694	775

Numero di campioni, con il 10% in eccesso	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
Volume finale (somma)	858	941	1.024	1.105	1.188	1.271	1.354

**Nota:** Il volume per un PC e NTC è già incluso.

10. Aggiungere 15 µl di miscela di lavoro dell'Index PCR per pozzetto nella PSS Index Primer Plate.

**Raccomandazione:** *Trasferire la miscela di lavoro nelle strisce di provette con la pipetta multicanale.*

11. Aggiungere 10 µl di template dalla piastra DIL alla PSS Index Primer Plate e miscelare accuratamente pipettando su e giù 10 volte fino a risospendere i reagenti. Utilizzare una pipetta multicanale. Smaltire la piastra DIL dopo l'uso.

**Nota:** *Controllare visivamente il corretto orientamento della piastra DIL e della PSS Index Primer Plate per evitare che il campione si mescoli.*

**Nota:** *Verificare se sono visibili punti blu sul fondo dei pozzetti. Un punto blu indica una cattiva risospensione dei reagenti. Se sono ancora visibili punti blu, ripetere la risospensione, pipettando su e giù 10 volte fino a quando non sono più visibili punti blu e il liquido è diventato blu.*

12. Sigillare la PSS Index Primer Plate con pellicola adesiva trasparente per PCR e centrifugare a 1.000 x g per 5 s.

13. Se si usa solo una parte della PSS Index Primer Plate, trasferirne l'intero volume in una nuova piastra per PCR.

**Nota:** *Controllare il corretto orientamento della PSS Index Primer Plate e della nuova piastra per PCR per evitare che il campione si mescoli.*



## 9.4 Purificazione dell'Index PCR

**Importante:** Questa fase riunisce **tutti i pozzetti dei campioni e di controllo di una piastra** in **un'unica libreria**. Se sono state preparate due piastre (IND34 e IND35/piastra A e piastra B), unire solo i campioni e i controlli di **una piastra** per ottenere due librerie di sequenziamento. Inoltre, la purificazione rimuove dNTP, primer, dimeri di primer e sali che ostacolerebbero il successivo sequenziamento.

Kit e reagenti necessari:

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

I seguenti passaggi vengono eseguiti nel laboratorio post-PCR.

Preparazione:

- Se la piastra è stata conservata a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C, eseguire il programma della PCR “PSS Remove Condensate\_v1”.
- Etichettare tutti i materiali plastici necessari (provetta di diluizione EtOH, provette di diluizione PB, colonne di centrifugazione, provette di eluato QIAquick®, provette di eluato Index).
- Preparare un contenitore per i rifiuti liquidi.
- Preparare nuovo EtOH al 70 % in base alla Tabella 18. Invertire 10 volte.

**Tabella 18: Preparazione di EtOH al 70 %**

Reagente	Volume
EtOH ≥ 99,8 %, p.a. [ml]	2,8
Acqua distillata [ml]	1,2
Volume necessario [ml]	4,0

- Prima di rimuovere il sigillo, centrifugare la piastra dell'Index PCR a 1.000 x g per 5 s.
- Raccogliere l'intero liquido di **tutti i pozzetti (campioni e controlli) da una piastra** con una pipetta da 200 µl impostata su 30 µl in un contenitore appropriato.

**Nota:** Se si usa una pipetta multicanale, riunire prima tutti i pozzetti per colonna in una fila di una nuova striscia di piastre per PCR. Trasferire quindi il contenuto di ciascun pozzetto in un contenitore idoneo con una pipetta monocanale.

- Se occorre utilizzare due piastre per l'Index PCR, eseguire sempre la purificazione dell'Index PCR per una sola piastra alla volta.

**Nota:** Utilizzare una pipetta monocanale per le seguenti fasi in questo protocollo.

Prima purificazione con QIAquick®:

1. Per la purificazione con QIAquick® PCR Purification Kit, fare riferimento al protocollo “QIAquick PCR Purification using a Vacuum Manifold” nel manuale del produttore. Le differenze nella manipolazione sono descritte di seguito.
2. Per prima cosa, aggiungere il volume calcolato (vedere Tabella 19) di Buffer PB alla rispettiva provetta, agitare per 3 s e centrifugare a 500 x g per 2 s.

**Tabella 19: Calcolo del volume necessario di Buffer EB**

Reagente	Per pozzetto	___ x pozzetti
Volume del campione [µl]	25	
Buffer PB [µl]	125	
Volume totale [µl]	150	

3. Eseguire le seguenti fasi della purificazione PCR in base alle istruzioni descritte nel manuale QIAGEN.

**Nota:** Il massimo volume di carico della colonna è di 800 µl. Per volumi del campione aggregati superiori a 800 µl, caricare nuovamente.

**Nota:** Controllare visivamente in ogni fase che il volume corretto sia applicato alla colonna e che il liquido completo sia passato attraverso il filtro.

**Nota:** In caso di colonne intasate, fare riferimento alla guida per la risoluzione dei problemi nel manuale QIAGEN.

4. Per l'eluizione del DNA, collocare una colonna QIAquick® in una provetta LoBind® pulita da 1,5 ml.
5. Aggiungere 50 µl di Buffer EB al centro della membrana QIAquick® e incubare per 1 min. a TA prima dell'ultima fase di centrifugazione.

Seconda purificazione con le biglie AMPure®:

6. Trasferire 45 µl di eluato in una nuova provetta LoBind®. Smaltire la precedente.
7. A) Quando si utilizza il flacone originale AMPure®, risospendere le biglie facendo rotolare il flacone orizzontalmente sulla superficie di lavoro. Ruotare lentamente, con una pausa dopo ogni giro di 180°, e attendere che il liquido coli. Ripetere fino a quando le biglie sono risospese in modo omogeneo.  
  
B) Quando si utilizzano aliquote di biglie AMPure®, miscelare le biglie invertendole almeno 10 volte. Assicurarsi che le biglie siano completamente risospese.
8. Aggiungere 40 µl di biglie AMPure® all'eluato, agitare per 10 s e centrifugare per 3 s.
9. Incubare per 5 min. a TA.
10. Aprire la provetta, inserirla nel DynaMag-2 e incubare per 2 minuti a TA.

Le seguenti fasi (da 11 a 15) vengono eseguite mentre le provette sono nel rack magnetico:

11. Con una pipetta da 200 µl, impostarla su 100 µl, rimuovere il surnatante e smaltirlo.

**Nota:** *Sollevare la provetta di circa 1 cm e premere il fondo completamente contro il magnete per assicurarsi che tutte le biglie siano fissate.*

12. Aggiungere 500 µl di EtOH al 70 % e incubare per 30 s a TA.
13. Rimuovere il surnatante e smaltirlo.
14. Aggiungere 500 µl di EtOH al 70 % e incubare per 30 s a TA. Durante l'incubazione, ruotare la provetta intorno all'asse verticale di 180° per assicurare una miscelazione efficiente. Ruotare lentamente in senso inverso al più presto dopo 5 s.
15. Rimuovere tutto il surnatante e smaltirlo. Rimuovere l'EtOH residuo usando la pipetta da 20 µl.
16. Rimuovere la provetta dal DynaMag-2 e lasciarla asciugare per 2 minuti a TA con il coperchio aperto.
17. Aggiungere 15 µl di Buffer EB e risospendere completamente la miscela di biglie agitando per 10 s. Centrifugare per 3 s e incubare per 1 min. a TA.
18. Aprire la provetta, inserirla nel DynaMag-2 e incubare per 1 minuto a TA.
19. Utilizzando una pipetta da 20 µl, impostare su 20 µl per trasferire l'intero surnatante nella provetta "Index eluate".

**Nota:** *Sollevare la provetta di circa 1 cm e premere il fondo completamente contro il magnete per assicurarsi che tutte le biglie siano fissate.*

20. Smaltire la provetta etichettata con l'eluato QIAquick®.
21. Conservare la provetta "Index eluate" a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C fino a 7 giorni, a una temperatura compresa tra

-15 °C e -30 °C fino a 2 mesi o procedere direttamente alla quantificazione sul Bioanalyzer.

22. Se si analizzano più di 16 campioni, ripetere la procedura di purificazione dell'Index PCR con una seconda piastra Index PCR a partire dalla fase 2.

## 9.5 CQ libreria (Bioanalyzer)

La procedura CQ libreria viene eseguita utilizzando un Bioanalyzer per controllare in ogni libreria i prodotti collaterali e la determinazione della dimensione media. Per ogni libreria, le quantificazioni dovrebbero essere eseguite in tre replicati.

PSS Solid Cancer IVD Kit è stato sviluppato con l'ausilio di Bioanalyzer DNA 1000 Kit di Agilent.

Kit e reagenti necessari:

- **DNA 1000 Kit**, Agilent, n. 5067-1504
- **Buffer EB** (tampone a eluizione), QIAGEN, n. 19086
- **RNase and DNase-free distilled water**

I seguenti passaggi vengono eseguiti nel laboratorio post-PCR.

Preparazione del Bioanalyzer:

Per tutte le fasi, fare riferimento al manuale del Bioanalyzer Agilent.

Preparazione della diluizione del Bioanalyzer (BA\_DIL):

1. Calcolare i **volumi necessari per BA\_DIL**:

$$\text{Fattore di diluizione} = \frac{\text{quantità totale di DNA}}{43}$$

con quantità totale di DNA di tutti i campioni analizzati in in ng/116 µl  
(misurato utilizzando Qubit™, vedere ► capitolo 4.3 Quantificazione del campione (Qubit™) della guida alla preparazione del campione)

$$\text{Buffer EB } [\mu\text{L}] = (3 * \text{fattore di diluizione}) - 3 \mu\text{L}$$

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

2. Diluire l'eluato degli indici in una nuova provetta in base al calcolo. Agitare brevemente e centrifugare per 3 s. Conservare l'eluato degli indici residuo a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C fino a 7 giorni o tra -15 °C e -30 °C fino a 2 mesi.

**Nota:** Assicurarsi che siano disponibili almeno 10 µl di volume totale di BA\_DIL.

Preparazione del Labchip:

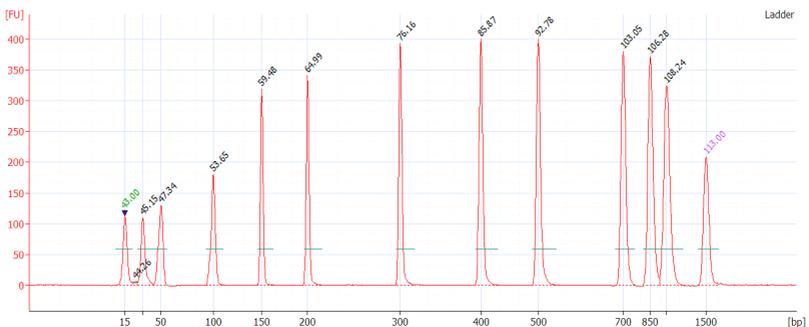
- Per tutte le fasi, fare riferimento al manuale del Bioanalyzer Agilent.

**Nota:** La misurazione del campione deve essere eseguita in tre replicati tecnici.

**Nota:** BA\_DIL è stabile a una temperatura compresa tra 2 °C e 8 °C fino a 7 giorni o tra -15 °C e -30 °C fino a 2 mesi.

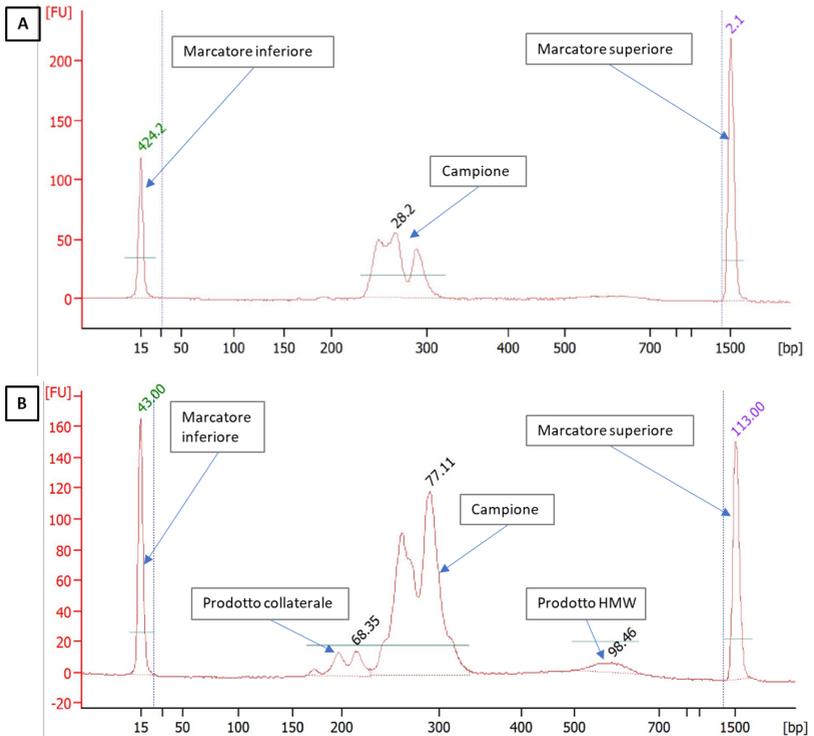
Analisi dei dati:

3. Verificare che il profilo del [Ladder Plot] (tracciato del ladder) sia simile a Figura 8 di seguito e contenga 13 picchi di cui il più basso è a 15 bp e il più alto a 1.500 bp (sono i marcatori che saranno presenti in ogni campione letto) con una linea di base piatta (vedere Figura 8).



**Figura 8: Elettroferogramma del ladder**

4. Fare doppio clic sull'elettroferogramma appartenente al pozzetto 1 e selezionare la scheda [Peak Table] (Tabella dei picchi) (vedere Figura 9).



**Figura 9: Elettroferogrammi campione. (A) un elettroferogramma ottimale senza prodotti collaterali, (B) un elettroferogramma esemplare con prodotti collaterali (ad esempio dimero del primer e gDNA (prodotto HMW)).**

5. Selezionare [Manual Integration] (Integrazione manuale) () facendo clic con il pulsante destro del mouse nell'elettroferogramma.
6. Utilizzare le linee blu per delineare **tutti i picchi visivi**, vale a dire il prodotto campione, il dimero del primer (prodotto collaterale) e il prodotto ad alto peso molecolare (High Molecular Weight, HMW) **lungo la linea dello zero** (illustrato in Figura 9B).

**Nota:** Utilizzare il tasto “Ctrl” per separare le estremità delle linee blu dalla linea rossa. Se una linea è selezionata, rimuoverla facendo clic con il tasto destro del mouse sul menu e selezionando [Remove Peak] (Rimuovi picco) con il tasto sinistro. Inserire altre linee blu in qualsiasi posizione con clic destro su [Add Peak] (Aggiungi picco).

7. Utilizzando [Peak Description] (Descrizione picco) () , selezionare [Peak Molarity] (Molarità di picco) per mostrare la rispettiva molarità per ogni picco.
8. Salvare il file.
9. Ripetere le fasi da 4 a 8 per i restanti pozzetti di ogni replicato.
10. Calcolare media, deviazione standard e coefficiente di variazione (CV) della somma di molarità di tutti i prodotti in base alle triplici misurazioni.

Criteri di accettazione e rifiuto:

- Controllo qualità del DNA: se la somma di prodotto, dimero del primer e alto peso molecolare è < 2,0 nmol/l, la concentrazione del DNA è troppo bassa per il sequenziamento.
- Criterio di accettazione del rapporto segnale-rumore (S/N): ≥ 90 %

$$S/N [\%] = \frac{\text{molarità del prodotto specifico}}{\text{somma del prodotto specifico, laterale e prodotto HMW}} * 100$$

- Criterio di accettazione del controllo di precisione: Coefficiente di variazione della somma di molarità di tutti i prodotti ≤ 10 %.

$$\text{Coefficiente di variazione} [\%] = \frac{\text{deviazione standard}}{\text{media}} * 100$$

**Nota:** Stimare la deviazione standard in base a un campione.

**Nota:** Se il rapporto segnale-rumore o il coefficiente di variazione non funziona a causa di un outlier, quel valore può essere escluso dai calcoli del campione.

**Nota:** Se uno o più criteri non raggiungono l'obiettivo previsto, preparare un nuovo BA\_DIL e ripetere la corsa del Bioanalyzer.

## 9.6 Sequenziamento su Illumina NextSeq™ 500/550

Il sequenziamento delle librerie viene eseguito utilizzando un Illumina NextSeq™ 500 o 550 come descritto nelle Istruzioni per l'uso fornite da Illumina.

Kit e reagenti necessari:

- **NextSeq™ 500/550 Mid Output Kit v2.5 (150 cicli)**, Illumina, n. 20024904  
≤ 590 ng di quantità totale di DNA (basato sulla misurazione Qubit™ ► capitolo 4.3 *Quantificazione del campione (Qubit™)* della guida alla preparazione del campione)
- **NextSeq™ 500/550 High Output Kit v2.5 (150 cicli)**, Illumina, n. 20024907  
≤ 2.038 ng di quantità totale di DNA (basato sulla misurazione Qubit™ ► capitolo 4.3 *Quantificazione del campione (Qubit™)* della guida alla preparazione del campione)
- **Idrossido di sodio (NaOH)**, 1 M
- **Soluzione di idrocloruro Trizma®** pH 7,0, 1 M
- **Buffer EB** (tampone a eluizione), QIAGEN, n. 19086
- **RNase and DNase-free distilled water**

I seguenti passaggi vengono eseguiti nel laboratorio post-PCR.

Preparazione dei campioni (2 nM concentrazione di partenza della libreria) per il sequenziamento:

1. Calcolare il volume totale richiesto di una libreria a 2 nM:

$$\text{Volume totale } [\mu\text{L}] = \frac{3 \mu\text{L BA\_DIL} * \text{Concentrazione}_{\text{libreria in nM}}}{2 \text{ nM}}$$

2. Calcolare il **volume necessario di Buffer EB**:

$$\text{Volume}_{\text{Buffer EB}} [\mu\text{L}] = \text{Volume totale} - 3 \mu\text{L BA\_DIL}$$

3. Preparare una diluizione della libreria di 2 nM per ogni libreria in base al seguente calcolo:

$$\text{Diluizione della libreria di 2 nM} = 3 \mu\text{l BA\_DIL} + \text{Volume}_{\text{Buffer EB}}$$

**Nota:** Non pipettare < 3  $\mu\text{l}$ .

**Nota:** Se il volume di diluizione di 2 nM è < 10  $\mu\text{l}$ , regolare il volume totale.

4. *Opzionale:* Se sono state elaborate due piastre, riunire in pool le due diluizioni separate di libreria da 2 nM in una Library Pool Mix finale di 10  $\mu\text{l}$  in base alle seguenti equazioni:

$$\begin{aligned} \text{Quantità di DNA}_{\text{totale}} &= \sum \text{Quantità di DNA}_{\text{piastraA}} \\ &+ \sum \text{Quantità di DNA}_{\text{piastraB}} \end{aligned}$$

$$\text{Volume}_{\text{piastraA}} = \frac{10 \mu\text{l}}{\text{Quantità di DNA}_{\text{totale}}} * \text{Quantità di DNA}_{\text{piastraA}}$$

$$\text{Volume}_{\text{piastraB}} = \frac{10 \mu\text{l}}{\text{Quantità di DNA}_{\text{totale}}} * \text{Quantità di DNA}_{\text{piastraB}}$$

**Nota:** Pipettare esclusivamente i volumi compresi negli intervalli accettati delle pipette disponibili. Se occorre pipettare volumi inferiori, aumentare invece il volume totale della Library Pool Mix finale.

5. Eseguire le seguenti fasi (denaturazione della libreria e diluizione della libreria denaturata a 20 pM) in base al manuale di Illumina (NextSeq™ 500 e 550 Sequencing Systems Denature and Dilute Libraries Guide, protocollo A: Standard Normalization Method (documento n. 15048776 v16 o successiva)).

6. Diluire la libreria (in pool) alla concentrazione di carico in base al kit di sequenziamento scelto:

**Tabella 20: Volumi necessari per il sequenziamento**

	Mid Output Kit	High Output Kit
<b>Concentrazione finale</b>	1,0 pM	1,1 pM
<b>Input libreria</b>	65 µl	71 µl
<b>Tampone HT1</b>	1.235 µl	1.229 µl

7. Avviare la corsa di sequenziamento in base al protocollo Illumina (Guida al sistema NextSeq™ 550, documento n. 15069765v06) utilizzando le seguenti “Run Parameter Settings” (Impostazioni dei parametri di corsa):

**Tabella 21: Parametri di sequenziamento**

<b>Tipo Read</b>	Letture singola
------------------	-----------------

	Read 1	Index 1	Index 2*
<b>Lunghezza di lettura</b>	148	10	10

\* La lunghezza di lettura dell'indice 2 sarà inclusa solo con l'uso di due piastre nella stessa corsa di sequenziamento.

8. Quando si usa Local Run Manager, includere le seguenti impostazioni dell'adattatore (possono essere copiate dalla scheda campione) nelle “Advanced Module Settings” (Impostazioni avanzate del modulo):

Nome	Sequenza
Adattatore	AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCA

### Fase successiva

Per procedere con l'analisi dei dati di sequenziamento, fare riferimento alla IFU del software PSS IVD (modulo di analisi dei dati).

### 10 Assistenza tecnica

Se si verificano problemi durante il flusso di lavoro del Plasma-SeqSensei™ Solid Cancer IVD Kit, contattare il supporto Sysmex locale per assistenza.



**Nota:** Le Istruzioni per l'uso sono disponibili in diverse lingue online all'indirizzo [www.sysmex-inostics.com](http://www.sysmex-inostics.com).

## **11 Caratteristiche delle prestazioni**

Dati disponibili su richiesta.

## 12 Glossario e terminologia

Termine	Definizione
bp	Coppia di basi
BA_Dil	Diluizione del Bioanalyzer
cfDNA	DNA libero circolante
COSMIC	Catalogo di mutazioni somatiche nel cancro
ctDNA	DNA tumorale circolante
dbSNP	Polimorfismo a singolo nucleotide
dNTP	Trifosfato deossiribonucleotide
DNA	Acido desossiribonucleico
EB	Tampone a eluizione
EDTA	Acido etilendiamminotetraacetico
EGFR	Recettore del fattore di crescita epidermico
EtOH	Etanolo
gDNA	DNA genomico
HMW	Alto peso molecolare
IDX	Indice
IFU	Istruzioni per l'uso
MAF	Frazione di allele mutante
MM	Molecole mutanti
Mpx	Miscela primer multiplex
NaOH	Idrossido di sodio
NGS	Sequenziamento in parallelo
NTC	No Template Control

Termine	Definizione
PC	Positive Control
PCR	Reazione a catena della polimerasi
PSS	Plasma-SeqSensei™
CQ	Controllo qualità
RNA	Acido ribonucleico
TA	Temperatura ambiente
SNV	Variante a singolo nucleotide
UID	Identificatore univoco

### 13 Bibliografia

- 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 Bibliografia

---

- 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 Diritti d'autore e marchi commerciali

È vietata la riproduzione non autorizzata del contenuto, totale o parziale, di questo manuale in assenza della previa autorizzazione scritta di Sysmex Corporation, Giappone.

Plasma-SeqSensei™ è un marchio commerciale di Sysmex Corporation, Giappone.

Tutti gli altri marchi commerciali, nomi e prodotti sono, anche quando non specificamente contrassegnati come tali, marchi o marchi registrati dei rispettivi proprietari.



Aprile 2022  
ZR150537.R1

Sysmex Inostics GmbH  
Falkenried 88  
20251 Hamburg, Germania  
[www.sysmex-inostics.com](http://www.sysmex-inostics.com)



© 2022 Sysmex Inostics  
Tutti i diritti riservati.