



Analysieren Sie Tumorproben mit dem TruSight™ Oncology 500 Assay

TSO 500

Jeder Tumor ist einzigartig. Um einen Tumor richtig zu behandeln ist es daher wichtig, seine molekulare Pathologie zu kennen und zu verstehen. Mit Hilfe des umfassenden genomischen Tumorprofilings (Comprehensive genomic profiling, kurz CGP) werden hunderte von Genen und Biomarker, die bei Krebserkrankungen relevant sind, gleichzeitig analysiert. Durch die simultane Betrachtung dieser Gene und Biomarker werden die Chancen erhöht, behandelbare Änderungen zu erkennen. Dadurch können Ergebnisse schneller verfügbar sein und wertvolles Probenmaterial von Biopsien wird gespart. Eine Möglichkeit, einen Tumor umfassend zu bestimmen, ist der TruSight™ Oncology 500 Assay. Mit diesem Assay werden 523 Krebs-assoziierte Gene auf Einzelnukleotidvarianten (Single nucleotide variants, kurz SNVs), Insertionen und Deletionen (kurz Indels) und Kopienzahlveränderungen (Copy number variations, kurz CNVs) untersucht.

Zusätzlich werden die Tumormutationslast (Tumor mutational burden, kurz TMB) und die Mikrosatelliteninstabilität (Microsatellite instability, kurz MSI) bestimmt, welche relevante Biomarker bei Tumorerkrankungen darstellen. Der TMB bestimmt die Anzahl der somatischen Mutationen im Tumor einer Krebspatientin oder eines Krebspatienten als Mutationen pro Megabase (mut/Mb). Die MSI gibt Aufschluss über das Versagen des DNA-Fehlpaarungsreparatur-Systems (DNA mismatch repair system).

Die Anwendungsbereiche von TSO500 sind vielfältig, mit besonderem Fokus auf:

- ✗ Stratifizierung von Patientinnen und Patienten für die beste Behandlungswahl
- ✗ Identifizierung von Patientinnen und Patienten, die für klinische Studien in Frage kommen
- ✗ Förderung der klinischen Forschung, insbesondere in der Immuntherapie



Möchten Sie mehr erfahren?

Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.

www.cebata.de/TSO500

Unser Produktportfolio für TSO500

	TSO500	TSO500 ctDNA
Spezies	Mensch	
Sequenzierpanel	TruSight™ Oncology 500	TruSight™ Oncology 500 ctDNA
Anzahl analysierter Gene	523	
Ausgangsmaterial	Frisch eingefrorenes Gewebe, FFPE-Gewebe, hochmolekulare DNA oder fragmentierte DNA (FFPE)	Vollblut (z. B. Streck®-Röhrchen), Plasma, andere Körperflüssigkeiten, isolierte Nukleinsäuren
Sequenzierplattform	Illumina	
Beinhaltete Leistungen	Projektbericht, FASTQ-, BAM-, VCF- und TSV-Dateien, TMB/MSI Bericht	





Über uns

CeGaT wurde 2009 in Tübingen, Deutschland, gegründet. Unsere Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sind spezialisiert auf Next Generation Sequencing (NGS). Neben der genetischen Diagnostik bieten wir eine Vielzahl von Sequenzierdienstleistungen für Fragestellungen aus der Forschung und der Pharmabranche an. Unser Serviceportfolio umfasst Sequenzierdienstleistungen, die sich auch für Mikrobiom-, Epigenom-, Immunologie- und translationale Onkologie-Projekte eignen.

Unser engagiertes Team arbeitet eng mit Ihnen zusammen, um die beste Strategie für Ihr Projekt zu entwickeln sowie dieses zu betreuen. Wir wählen mit Ihnen die am besten geeignete Vorbereitung der Library, die optimalen Bedingungen für die Sequenzierung sowie das Level der bioinformatischen Leistungen für Ihr Projekt aus.

Wir freuen uns, Ihnen unseren exzellenten Service anbieten zu können. Kontaktieren Sie uns noch heute, um mit der Planung Ihres nächsten Projekts zu beginnen.



Akkreditiert nach
DIN EN ISO/IEC 17025:2018



CLIA CERTIFIED ID: 99D2130225

CeGaT GmbH
Research & Pharma Solutions
Paul-Ehrlich-Str. 23
72076 Tübingen
Deutschland

Phone: +49707156544-333
Fax: +49 707156544-56
Email: rps@cegat.com
Web: www.cegat.de/rps