

Neue Version für TS0500 ctDNA



Neue Version für TS0500 ctDNA

Illumina hat die Version des TS0500 ctDNA Assays von Version (v1) auf Version 2 (v2) aktualisiert. Diese Aktualisierung bietet zahlreiche Vorteile. Einer davon ist die verbesserte Sensitivität für die Detektion niedrig-frequenter somatischer Mutationen. Die neue Version hat denselben umfangreichen Inhalt von 523 Genen, die analysiert werden, und eine Panel-Größe von 1,94 Mb. Allerdings wurden die Chemie und der Arbeitsablauf so verbessert, dass eine höhere analytische Sensitivität erreicht wird.

Illumina hat die beiden Versionen verglichen und die Ergebnisse in ihrer [„Application Note“](#) veröffentlicht. Sie konnten eine erhöhte analytische Sensitivität für die Erkennung von Einzelnukleotidvarianten („single nucleotide variants“, SNVs) in v2 im Vergleich zu v1 feststellen: Während in v1 Varianten mit einer Varianten-Allelfrequenz („variant allele frequency“, VAF) von 0.5 % mit einer Sensitivität von 95 % bestimmt werden können, können mit der gleichen Sensitivität von 95 % Varianten mit einer VAF von 0.4 % bestimmt werden. Varianten mit einer niedrigeren Varianten-Allelfrequenz können also mit der gleichen Sensitivität in v2 bestimmt werden im Vergleich zu v1. Sogar Varianten mit einer VAF von 0.2 % können mit einer Sensitivität von 90 % mit v2 bestimmt werden. Zusätzlich ist auch die analytische Spezifität besser für SNVs: Sie erhöht sich von ≥ 95 % für v1 auf 99.995 % für v2. Für die Tumormutationslast („tumor mutational burden“, TMB) wurde eine hohe Übereinstimmung zwischen den beiden Versionen festgestellt. Version 2 bietet also denselben umfangreichen Inhalt wie Version 1, hat aber den Vorteil der verbesserten Sensitivität für die Erkennung von Varianten mit niedrigen Allelfrequenzen.



Möchten Sie mehr erfahren?

Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.

www.cegat.de/TS0500

Auch wir haben in unserem Labor die beiden Versionen getestet und verglichen. Unsere Ergebnisse sind ähnlich zu denen, die Illumina in ihrer „Application Note“ veröffentlicht hat. Die Sensitivität für die Erkennung von Einzelnukleotidvarianten nahm in v2 zu im Vergleich zu v1. Wenn man alle Varianten in den Vergleich miteinbezieht, inklusive der Einzelnukleotidvarianten, Insertionen und Deletionen (Indels) und Fusionen, dann erhöht sich die Sensitivität insgesamt von 87 % in v1 auf 87,5 % in v2 (siehe Abbildung 1).

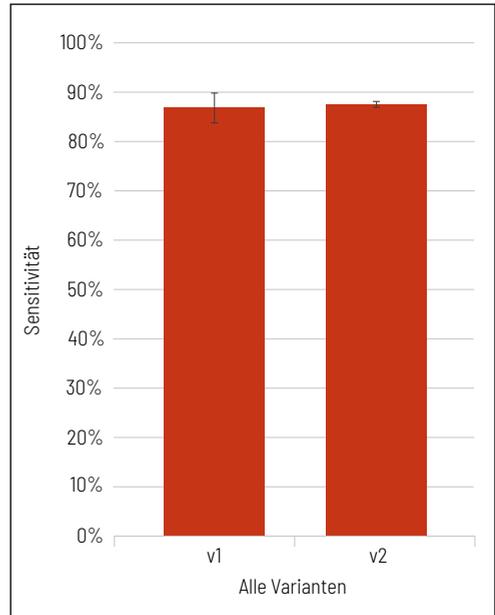


Abbildung 1 | Sensitivitäts-Vergleich. Die Sensitivität nimmt von v1 zu v2 leicht zu, wenn man alle Varianten vergleicht.



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