

Příručka k soupravě *therascreen*[®] EGFR Pyro[®] Kit



Verze 1



Pro diagnostiku in vitro



971480



1061827CS



QIAGEN GmbH, QIAGEN Strasse 1, 40724 Hilden,

NĚMECKO

R3

MAT

1061827CS



Technologie QIAGEN pro zpracování a analýzu vzorků

Společnost QIAGEN je předním dodavatelem inovativních technologií pro zpracování a analýzu vzorků, které umožňují izolaci a detekci složek libovolného biologického vzorku. Naše vyspělé, vysoce kvalitní produkty a služby vám zajistí úspěšný průběh od odběru vzorku až po výsledek.

QIAGEN určuje standardy pro:

- purifikaci DNA, RNA a proteinů;
- rozborů nukleových kyselin a proteinů;
- výzkum microRNA a RNAi;
- automatizaci technologií pro přípravu vzorků a jejich rozborů.

Naším cílem je poskytovat co nejnovější technologie, které vám zaručí spolehlivé výsledky a dosažení významného pokroku. Více informací naleznete na stránkách www.qiagen.com.

Obsah

Účel použití	5
Shrnutí a vysvětlení	5
Princip postupu	6
Dodávané materiály	8
Obsah soupravy	8
Další potřebné materiály, které nejsou součástí soupravy	10
Upozornění a bezpečnostní opatření	11
Bezpečnostní informace	11
Obecná ustanovení	Fehler! Textmarke nicht definiert.
Skladování činidel a manipulace s nimi	13
Manipulace se vzorkem a jeho skladování	13
Postup	14
Izolace DNA	14
Protokoly	
■ 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24	15
■ 2: PCR s PCR činidly dodanými v soupravě <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	18
■ 3: Imobilizace PCR produktů na kuličky Streptavidin Sepharose High Performance	21
■ 4: Příprava vzorků před pyrosekvenanční analýzou na systému PyroMark Q24	23
■ 5: Spuštění systému PyroMark Q24	27
■ 6: Analýza běhu na systému PyroMark Q24	29
Interpretace výsledků	33
Interpretace výsledků a detekce mutací s nízkou úrovní výskytu	33
Návod na řešení potíží	38
Kontrola kvality	41
Omezení	41
Funkční vlastnosti	43
Mez slepého vzorku a mez detekce	43
Linearita	46
Přesnost	46
Diagnostické vyhodnocení	47

Odkazy	52
Symboly	53
Kontaktní údaje	53
Dodatek A: Nastavení pyrosekvenční analýzy <i>therascreen</i> EGFR Pyro	54
Příloha B: Vyprázdnění zásobníku a vaniček s odpadními tekutinami	58
Informace pro objednávky	60

Účel použití

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit je prostředek sloužící ke kvantitativní detekci mutací *in vitro* založené na metodě Pyrosequencing® v exonech 18, 19, 20 a 21 lidského genu EGFR v genomové DNA získané ze vzorků lidské tkáně.

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit je určena k poskytování informací klinickým lékařům při výběru pacientů s karcinomem, u nichž bude větší pravděpodobnost úspěšnosti léčby pomocí protilátek proti EGFR. Pro diagnostiku *in vitro*.

Určeno k použití pouze se systémem PyroMark® Q24. Systém PyroMark Q24 obsahuje:

- Přístroj PyroMark Q24 a přístroj PyroMark Q24 MDx.
- Vakuová stanice PyroMark Q24 a vakuová stanice PyroMark Q24 MDx.
- Software PyroMark Q24 (verze 2.0) a software PyroMark Q24 MDx (verze 2.0).

Tento výrobek je určen k použití pouze pro profesionální uživatele, jako jsou laboranti nebo lékaři vyškolení v postupech pro diagnostiku *in vitro*, molekulárně biologických metodách a obsluze systému PyroMark Q24.

Shrnutí a vysvětlení

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit slouží ke kvantitativnímu stanovení mutací v kodonech 719, 768, 790 a 858–861, jakož i delecí a komplexních mutací v exonu 19 lidského genu EGFR.

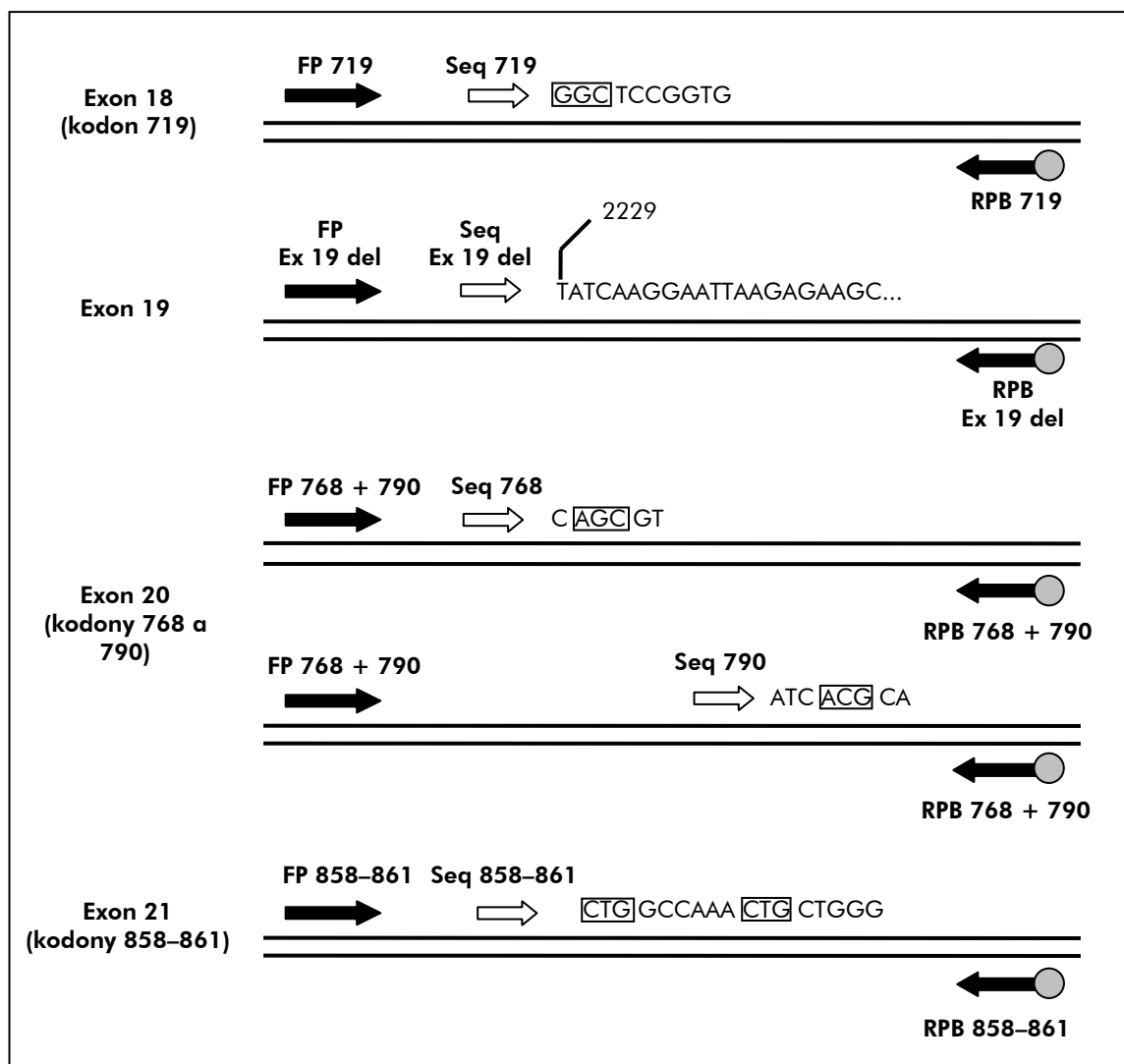
Souprava obsahuje čtyři analýzy PCR (obrázek 1) na detekci:

- mutací v kodonu 719 (exon 18),
- mutací v kodonech 768 a 790 (exon 20),
- mutací v kodonech 858 a 861 (exon 21),
- delecí a komplexních mutací v exonu 19.

Pomocí PCR se tyto čtyři oblasti odděleně amplifikují a definované oblasti se sekvenují. Amplikon zahrnující kodony 768 a 790 je rozložen do dvou sekvenačních reakcí. Sekvence v okolí daných poloh slouží jako normalizační a referenční píky pro kvantifikaci a stanovení kvality analýzy.

Všechny analýzy jsou sekvenovány v přímém směru.

Výrobek obsahuje pro každou analýzu směs PCR primerů a sekvenační primery. Primery jsou dodány v roztoku. Každá lahvička obsahuje 24 µl každého primeru nebo směsi primerů.



Obrázek 1. Zobrazení analýzy EGFR. Označená sekvence je analyzovaná sekvence u vzorku divokého typu. **FP**: přímé PCR primery; **RPB**: zpětné PCR primery (B označuje biotinylacii); **Seq**: sekvenační primery.

Princip postupu

Na schématu pracovního postupu je zobrazen průběh analýzy. Po PCR s primery vymezujícími exony 18, 19, 20 a 21 se amplikony imobilizují na kuličky Streptavidin Sepharose® High Performance. Připraví se jednořetězcová DNA a dojde k hybridizaci příslušných sekvenačních primerů a DNA. Vzorky se pak analyzují v systému PyroMark Q24 prostřednictvím souboru nastavení běhu a souboru běhu.

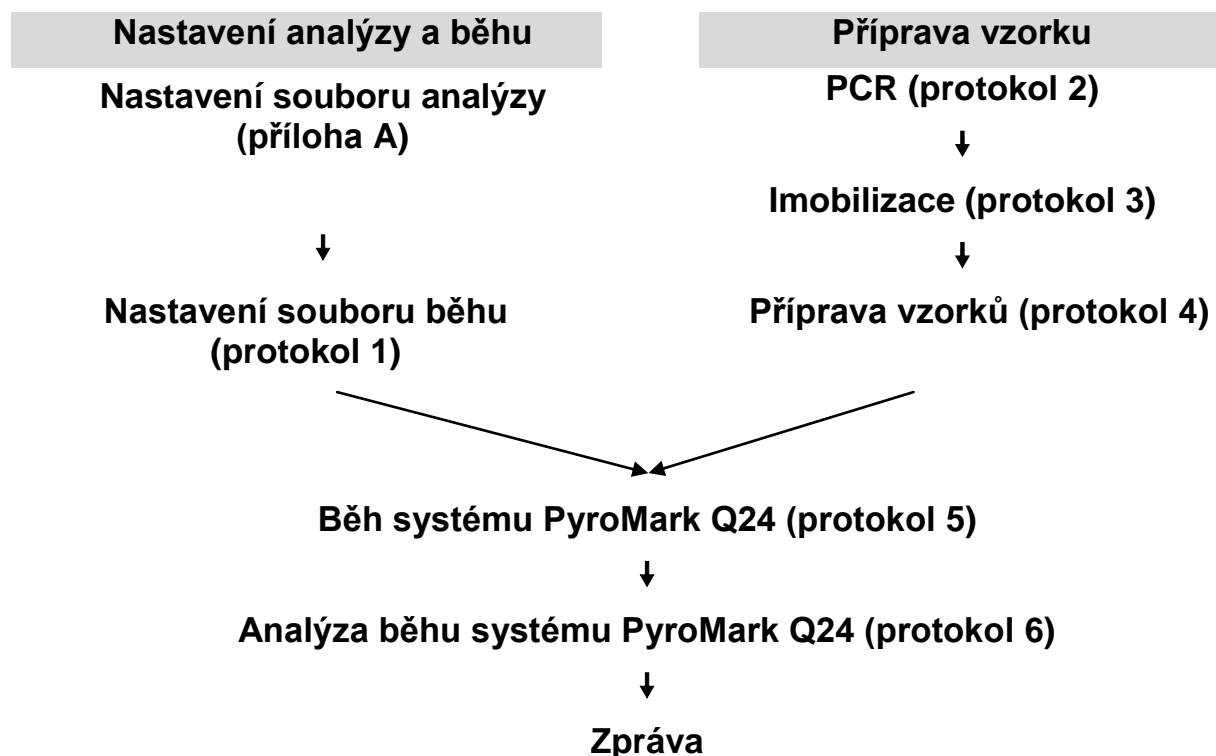
K analýze běhu je doporučeno použít modul EGFR Plug-in Report. Modul EGFR Plug-in Report lze obdržet e-mailem po objednání na adrese pyro.plugin@qiagen.com.

K analýze běhu však lze použít i analytický nástroj, který je součástí systému PyroMark Q24. Po ukončení běhu lze upravit analyzovanou sekvenci i pro

detekci různých delecí v exonu 19 a vzácných mutací v jiných exonech (viz „Protokol 6: Analýza běhu na systému PyroMark Q24“, strana 29).

Poznámka: Schéma pracovního postupu bylo ve srovnání s revizí R1 *příručky* *therascreen EGFR Pyro Kit* (viz „Protokol 4: Příprava vzorků před pyrosekvenační analýzou na systému PyroMark Q24“, stránka 23) mírně změněno.

Schéma pracovního postupu analýzy *therascreen EGFR Pyro*



Ovládací prvky

Součástí soupravy je nemetylovaná kontrolní DNA jako pozitivní kontrola pro PCR a sekvenační reakce. Tato kontrolní DNA má v oblastech sekvenovaných pomocí této soupravy genotypy divokého typu a je vyžadována k interpretaci adekvátních výsledků a identifikaci nízkoúrovňových mutací (viz „Interpretace výsledků“, strana 33). Zahrnuje vzorek s nemetylovanou kontrolní DNA pro každou analýzu ve všech běžích pyrosekvenování.

Navíc lze pro alespoň jednu analýzu zahrnout do nastavení PCR i negativní kontrolu (bez templátu DNA).


Dodávané materiály

Obsah soupravy

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit (krabice 1/2)

Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	(24)
Katalogové č.	971480
Počet reakcí	24
Seq primer EGFR 719	24 µl
Seq primer EGFR Ex 19 Del	24 µl
Seq primer EGFR 768	24 µl
Seq primer EGFR 790	24 µl
Seq primer EGFR 858–861	24 µl
PCR primer EGFR 719	24 µl
PCR primer EGFR Ex19 Del	24 µl
PCR primer EGFR 768+790	24 µl
PCR primer EGFR 858–861	24 µl
PCR master mix PyroMark, 2x	2 x 850 µl
Koncentrát CoralLoad [®] , 10x	1,2 ml
H ₂ O	5 x 1,9 ml
Nemethylovaná kontrolní DNA, 10 ng/µl	100 µl

Pufry a činidla *therascreen* (krabice 2/2)

Pufry a činidla <i>therascreen</i>		
Vazebný pufr PyroMark		2 x 10 ml
Hybridizační pufr PyroMark		2 x 10 ml
Denaturační roztok PyroMark*		2 x 250 ml
Promývací pufr PyroMark, 10x		2 x 25 ml
Směs enzymů		2 lahvičky
Směs substrátů		2 lahvičky
dATP α S		2 x 1180 μ l
dCTP		2 x 1180 μ l
dGTP		2 x 1180 μ l
dTTP		2 x 1180 μ l
Příručka		1

* Obsahuje hydroxid sodný.

Další potřebné materiály, které nejsou součástí soupravy

Při práci s chemikáliemi vždy používejte vhodný laboratorní pracovní oděv, jednorázově použitelné rukavice a ochranné brýle. Další informace si vyhledejte v bezpečnostních listech (SDS) příslušných materiálů, které obdržíte od dodavatele výrobku.

- Souprava na izolaci DNA (viz „Izolace DNA“, strana 14)
 - Pipety (nastavitelné)*
 - Sterilní špičky na pipety (s filtry pro nastavení PCR)
 - Stolní mikrocentrifuga*
 - Termocykler* a příslušné PCR zkumavky
 - Streptavidin Sepharose High Performance (GE Healthcare, kat. č. 17-5113-01; www.gelifesciences.com)
 - PyroMark Q24 (kat. č. 9001513 nebo 9001514)*[†]
 - PyroMark Q24 Software (kat. č. 9019063 nebo 9019062)[†]
 - Destičky PyroMark Q24 (kat. č. 979301)[†]
 - Kazeta PyroMark Q24 (kat. č. 979302)[†]
 - Vakuová stanice PyroMark Q24 (kat. č. 9001515 nebo 9001517)*[†]
 - Topný blok* s dosažitelnou teplotou 80 °C
 - PCR destičky se 24 jamkami nebo stripy
 - Víčka na stripy
 - Vysoce čištěná voda (Milli-Q[®] 18.2 MΩ x cm nebo ekvivalent).
- Poznámka:** Součástí dodávky je dostatečný objem vody pro PCR, imobilizaci DNA a k rozpuštění směsi enzymů a směsi substrátů. Další vysoce čištěná voda je nutná na ředění promývacího pufru PyroMark, 10x.
- Ethanol (70%)[‡]

* Zajistěte, aby byly přístroje zkontrolovány a nakalibrovány podle doporučení výrobce.

[†] Označení CE-IVD je v souladu se směrnicí Evropského parlamentu a Rady 98/79/ES. Všechny ostatní uvedené výrobky nemají označení CE-IVD podle směrnice Evropského parlamentu a Rady 98/79/ES.

[‡] Nepoužívejte denaturovaný alkohol, který obsahuje jiné látky, například metanol nebo metyletylketon.

Doporučené míchačky destiček

Míchačky destiček doporučené k použití se soupravou *therascreen* EGFR Pyro Kit jsou uvedeny v tabulce 1.

Tabulka 1. Míchačky destiček doporučené k použití se soupravou *therascreen* EGFR Pyro Kit

Výrobce	Výrobek	Katalogové číslo
Eppendorf	Thermomixer comfort (základní zařízení)	5355 000.011
	Termoblok pro MTP	5363 000.012
	Adaptační destička na PCR zkumavky 96 x 0,2ml ke vložení do bloků pro mikrotitrační destičky	5363 007.009
H+P Labortechnik GmbH	Variomag [®] Teleshake	51410 (115 V = 51410 U)
	Variomag [®] Monoshake	51110 (115 V = 51110 U)

Upozornění a bezpečnostní opatření

Jako in vitro diagnostikum

Bezpečnostní informace

Při práci s chemikáliemi vždy používejte vhodný laboratorní pracovní oděv, jednorázově použitelné rukavice a ochranné brýle. Bližší informace jsou uvedeny v bezpečnostních listech daných materiálů (SDS). Bezpečnostní listy jsou k dispozici také online v PDF formátu na stránkách www.qiagen.com/safety kde můžete najít, přečíst a vytisknout bezpečnostní listy všech souprav a součástí souprav společnosti QIAGEN.

Na komponenty soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit se vztahují následující bezpečnostní věty a bezpečnostní opatření.

PyroMark Denaturation Solution



Varování! Dráždí kůži. Způsobuje vážné podráždění očí. Může být korozivní pro kovy. Uniklý produkt absorbujte, aby se zabránilo materiálním škodám. Uchovávejte pouze v původním obalu. Používejte ochranné rukavice/ ochranný oděv/ ochranné brýle/ obličejový štít.

PyroMark Enzyme Mixture



Obsahuje: (R*,R*)-1,4-Dimercaptobutane-2,3-diol; acetic acid. Nebezpečí! Dráždí kůži. Způsobuje vážné poškození očí. PŘI ZASAŽENÍ OČÍ: Několik minut opatrně vyplachujte vodou. Vyměňte kontaktní čočky, jsou-li nasazeny a pokud je lze vyjmout snadno. Pokračujte ve vyplachování. PŘI expozici nebo podezření: Volejte TOXIKOLOGICKÉ STŘEDISKO nebo lékaře. Odložte kontaminované oblečení a před použitím je vyperte. Používejte ochranné rukavice/ ochranný oděv/ ochranné brýle/ obličejový štít.

PyroMark Substrate Mixture



Obsahuje: acetic acid. Varování! Dráždí kůži. Způsobuje vážné podráždění očí. Přetrvává-li podráždění očí: Vyhledejte lékařskou pomoc/ ošetření. Odložte kontaminované oblečení a před použitím je vyperte. Používejte ochranné rukavice/ ochranný oděv/ ochranné brýle/ obličejový štít.

Poznámka: Uživatel musí vždy věnovat pozornost následujícím okolnostem:

- Pro dosažení optimálních výsledků je nutné přísně dodržovat pokyny v návodu pro uživatele. Jiné ředění činidel než to, které je popsáno v této příručce, se nedoporučuje a může mít za následek zhoršení kvality provedení testu.
- Schéma pracovního postupu (viz „Protokol 4: Příprava vzorků před pyrosekvenční analýzou na systému PyroMark Q24“, strana 23) bylo ve srovnání s revizí R1 *příručky* *therascreen EGFR Pyro Kit* mírně změněno.
- Komponenty tohoto produktu stačí k provedení 24 reakcí v až 5 nezávislých bězích.
- Používejte sterilní špičky na pipety (s filtry pro nastavení PCR).

- Pozitivní materiály (vzorky, pozitivní kontroly a amplikony) se musí skladovat a extrahovat odděleně od všech ostatních činidel. Do reakční směsi je přidávejte v odděleném prostoru.
- Před zahájením analýzy důkladně rozmrazte všechny složky na pokojovou teplotu (15 až 25 °C).
- Po rozmrazení složky promíchejte (opakovaným pipetováním nahoru a dolů nebo na pulsní třepačce) a krátce odstředte.
- Na základě nezdařených výsledků nelze posuzovat stav mutací.

Skladování činidel a manipulace s nimi

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit se dodává ve dvou krabicích. Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit (krabice 1/2) se dodává v suchém ledu. PCR master mixy PyroMark, koncentrát CoralLoad, nemethylovaná kontrolní DNA a všechny primery musí být při dodání uloženy při teplotě –30 až –15 °C.

Krabice s pufrů a činidly *therascreen* (krabice 2/2) obsahuje pufrů, směs enzymů, směs substrátů, dATP α S, dCTP, dGTP a dTTP (činidla na Pyrosequencing[®] analýzu) a dodává se v chladícím obalu. Při dodání by měly být uvedené součásti uloženy při teplotě 2 až 8 °C. Z důvodu minimalizace ztráty aktivity se doporučuje uchovávat směs enzymů i substrátů v dodaných lahvičkách.

Rekonstituované směsi enzymů nebo substrátů jsou stabilní po dobu nejméně 10 dnů při teplotě 2 až 8 °C. Rekonstituované směsi enzymů nebo substrátů lze zamrazit a uložit v původních lahvičkách při teplotě –30 až –15 °C. Zmražená činidla by neměla prodělat opakované zmražení/rozmražení více než třikrát.

Poznámka: Nukleotidy se nesmí zamrazovat.

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit je stabilní až do doby použitelnosti soupravy, uchovává-li se za stanovených podmínek.

Manipulace se vzorkem a jeho skladování

Všechny vzorky jsou potenciálně infekční a podle toho se s nimi musí zacházet.

Materiál vzorků tvoří lidská DNA extrahovaná z krve nebo vzorků tkání fixovaných formalinem zalitých v parafinu (FFPE).

Nelze použít vzorky pacientů, kterým je podáván heparin. Nelze použít vzorky krve, které byly odebrány do zkumavek obsahujících antikoagulační činidlo heparin. Heparin ovlivňuje PCR.

Postup

Izolace DNA

Funkčnost systému pro extrakci lidské DNA ze vzorků tumorů fixovaných formalinem zalitých v parafinu byla stanovena pomocí souprav EZ1[®] DNA Tissue Kit a QIAamp[®] DNA FFPE Tissue Kit. U systému QIAamp DSP DNA Blood Mini Kit byla funkčnost stanovena u vzorků krve od zdravých dárců s přidavkem nádorových buněk.

Na purifikaci DNA z uvedených typů vzorků lidské tkáně k použití v soupravě *therascreen* EGFR Pyro Kit jsou doporučeny soupravy QIAGEN[®] uvedené v tabulce 2. Purifikaci DNA provádějte podle pokynů v příručkách k daným soupravám.

Tabulka 2. Doporučené soupravy na purifikaci DNA pro účely soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit

Materiál vzorku	Souprava na izolaci nukleových kyselin	Katalogové číslo (QIAGEN)
Tkáně zalité v parafinu	QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (50)	56404
	EZ1 DNA Tissue Kit (48)*	953034
Krev	QIAamp DSP DNA Blood Mini Kit [†]	61104

* Postupujte dle protokolu pro použití tkání zalitých v parafinu. Souprava EZ1 DNA Tissue Kit by se měla používat společně se stanicí EZ1 Advanced (kat. č. 9001410 nebo 9001411) a kartou EZ1 Advanced DNA Paraffin Section Card (kat. č. 9018298), se stanicí EZ1 Advanced XL (kat. č. 9001492) a kartou EZ1 Advanced XL DNA Paraffin Section Card (kat. č. 9018700) nebo se stanicí BioRobot[®] EZ1 (kat. č. 9000705; již není v nabídce) a kartou EZ1 DNA Paraffin Section Card (kat. č. 9015862).

[†] Označení CE-IVD je v souladu se směrnicí Evropského parlamentu a Rady 98/79/ES.

Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24

Důležitý bod před zahájením

- V případě potřeby lze získat celý rozsah výsledků ověřením meze vzorku divokého typu na normálním vzorku. Bližší informace naleznete v pokynech CLSI EP17-A „Protocol for determination of limits of detection and limits of quantitation; approved guideline“ (Protokol pro určení mezí detekce a mezí kvantifikace, schválené pokyny).

Úkony před zahájením

- Pokud nebyl nainstalován modul EGFR Plug-in Report, vytvořte nastavení analýzy (viz Příloha A, strana 54). To je třeba provést pouze jednou před prvním spuštěním pyrosekvenačních analýz *therascreen* EGFR Pyro. Pokud byl nainstalován modul EGFR Plug-in Report, jsou v prohlížeči zkratk software PyroMark Q24 ve složce „Example Files/PyroMark Setups/EGFR“ k dispozici předem definovaná nastavení analýz. Modul EGFR Plug-in Report lze obdržet e-mailem po objednání na adrese pyro.plugin@qiagen.com.

Postup


1. **Klikněte na tlačítko  na panelu nástrojů.**

Vytvořil se nový soubor běhu.

2. **Zadejte parametry běhu (viz část „Parametry běhu“ na straně 17).**
3. **Na destičce zadejte analýzy pro 5 různých sekvenačních reakcí k jamkám odpovídajícím daným testovaným vzorkům.**

Poznámka: Pro alespoň jednu analýzu lze zahrnout do každého nastavení PCR i negativní kontrolní vzorek (bez templátu DNA).

Poznámka: Zahrnuje vzorek s nemetylovanou kontrolní DNA pro každou analýzu ve všech běžích pyrosekvenování (viz „Ovládací prvky“, strana 11).

4. **Jakmile je běh nastaven a systém PyroMark Q24 připraven ke spuštění, vytiskněte si seznam požadovaných objemů směsi enzymů, směsi substrátů, nukleotidů a uspořádání destičky. Z nabídky „Tools“ (Nástroje) vyberte položku „Pre Run Information“ (Informace před spuštěním běhu) a po zobrazení zprávy klikněte na tlačítko .**
5. **Zavřete soubor běhu a pomocí Průzkumníku Windows® jej zkopírujte na jednotku USB dodanou se systémem.**

Poznámka: Vytisknutou zprávu s informacemi před spuštěním běhu lze použít jako šablonu při nanášení vzorků (viz „Protokol 3: Imobilizace PCR produktů na kuličky Streptavidin Sepharose High Performance“ na straně 21).

Spuštění analýzy destičky na systému PyroMark Q24 viz „Protokol 5: Spuštění systému PyroMark Q24“ na straně 27.

Parametry běhu

„Run name“ (Název běhu):	Název běhu je dán uložením souboru. Přejmenováním souboru dojde i ke změně názvu běhu.
„Instrument method“ (Metoda přístroje):	Vyberte metodu přístroje podle kazety, která se bude pro daný běh používat. Viz instrukce dodané s výrobky.
„Plate ID“ (ID destičky):	Nepovinné: Zadejte ID destičky PyroMark Q24.
„Bar code“ (Čárový kód):	Nepovinné: Zadejte číslo čárového kódu destičky. Pokud máte k počítači připojenu čtečku čárových kódů, kód přečtete čtečkou. Umístěte kazatel myši do textového pole „Barcode“ (Čárový kód) a kliknutím čárový kód sejměte.
„Kit and Reagent ID“ (ID soupravy a činidla):	Nepovinné: Zadejte číslo šarže soupravy <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit, která bude použita. Číslo šarže je uvedeno na štítku výrobku. Poznámka: Doporučuje se zadávat ID činidel i soupravy, aby bylo možné v případě potřeby vysledovat neočekávané problémy s činidly.
„Run note“ (Poznámky k běhu):	Nepovinné: Zadejte poznámku k obsahu nebo účelu běhu.

Přidání souborů analýz

Analýzu lze k jamce připojit některým z těchto způsobů:

- Klikněte na jamku pravým tlačítkem a z místní nabídky vyberte položku „Load Assay“ (Načíst analýzu).
- Vyberte analýzu v prohlížeči zkratk, klikněte na ni a přetáhněte na jamku.

Jamka se označí barevně podle zvolené načtené analýzy.

Zadání ID vzorků a poznámek

Chcete-li zadat ID vzorku nebo poznámku, vyberte buňku a zadejte text.

Chcete-li ID vzorku nebo poznámku upravit, vyberte buňku (stávající obsah se označí) nebo na buňku dvakrát klikněte.

Protokol 2: PCR s PCR činidly dodanými v soupravě *therascreen* EGFR Pyro Kit

Tento protokol popisuje 4 oddělené amplifikace oblastí PCR obsahujících kodon 719 (exon 18), kodony 768 a 790 (exon 20), kodony 858 až 861 (exon 21) nebo delece a komplexní mutace v exonu 19 pomocí pyro primerů *therascreen* EGFR.

Důležité body před zahájením

- HotStarTaq[®] DNA polymeráza v master mixu PyroMark vyžaduje aktivační krok **15 min při 95 °C**.
- Všechny reakční směsi připravujte před zahájením pyrosequenční analýzy v prostoru odděleném od prostoru určeného na purifikaci DNA, přidávání templátu DNA do PCR, analýzy PCR produktů nebo přípravy vzorků.
- Používejte jednorázové špičky obsahující hydrofobní filtry z důvodu minimalizace křížové kontaminace.

Úkony před zahájením

- Zkumavky s PCR primery před otevřením krátce odstředte, aby se obsah usadil na dně zkumavky.
- Upravte koncentraci DNA vzorku a kontroly dle potřeby na 0,4 – 2 ng/μl.

Postup

1. Všechny potřebné složky rozmrazte (viz tabulka 3).

Před použitím řádně promíchejte.

2. Pro každou sadu PCR primerů připravte reakční směs podle tabulky 3.

Reakční směs obvykle obsahuje všechny složky nutné pro provedení PCR kromě vzorku.

Reakční směs připravte v objemu vyšším než je nutné pro provedení celkového počtu PCR analýz.

Tabulka 3. Příprava reakční směsi pro každou směs PCR primerů

Složka	Objem na reakci (μl)
PCR master mix PyroMark, 2x	12,5
Koncentrát CoralLoad, 10x	2,5
PCR primer EGFR 719 nebo PCR primer EGFR Ex19 Del nebo PCR primer EGFR 768 a 790 nebo PCR primer EGFR 858–861	1,0
Voda (H ₂ O, součást dodávky)	4,0
Celkový objem	20,0

3. Reakční směs řádně promíchejte a naneste 20 μl do každé PCR zkumavky.

Není nutné mít PCR zkumavky uložené v ledu, neboť HotStarTaq DNA polymeráza je při laboratorní teplotě neaktivní.

4. Do jednotlivých PCR zkumavek přidejte 5 μl templátu DNA (2 – 10 ng genomové DNA) (viz tabulka 4) a důkladně promíchejte.

Poznámka: Pro alespoň jednu analýzu lze zahrnout do každého nastavení PCR i negativní kontrolní vzorek (bez templátu DNA).

Poznámka: Zahrnuje vzorek s nemetylovanou kontrolní DNA pro každou analýzu ve všech běžích pyrosekvenování (viz „Ovládací prvky“, strana 7).

Tabulka 4. Příprava PCR

Složka	Objem na reakci (μl)
Reakční směs	20
Vzorek DNA	5
Celkový objem	25

5. Termocykler naprogramujte podle pokynů výrobce na podmínky uvedené v tabulce 5.

Tabulka 5. Optimalizovaný protokol cyklování

			Poznámky
Iniciační aktivační krok:	15 minut	95 °C	Tento zahřívací krok slouží k aktivaci HotStarTaq DNA polymerázy.
Cyklování ve 3 krocích:			
Denaturace	20 sekund	95 °C	
Hybridizace	30 sekund	53 °C	
Prodlužování	20 sekund	72 °C	
Počet cyklů	42		
Konečné prodlužování:	5 minut	72 °C	

6. Uložte PCR zkumavky do termocykleru a spusťte cyklovací program.
7. Po ukončení amplifikace pokračujte částí „Protokol 3: Imobilizace PCR produktů na kuličky Streptavidin Sepharose High Performance“ na straně 21.

Protokol 3: Imobilizace PCR produktů na kuličky Streptavidin Sepharose High Performance

Tento protokol popisuje imobilizaci templátu DNA na kuličky Streptavidin Sepharose High Performance (GE Healthcare), která musí předcházet analýze na systému PyroMark Q24.

Úkony před zahájením

- Před zahájením imobilizace nechte všechna požadovaná činidla a roztoky temperovat na laboratorní teplotu (15 – 25 °C).

Postup

1. Jemně protřepejte lahvičku obsahující Streptavidin Sepharose High Performance, aby byl roztok homogenní.
2. Připravte master mix pro imobilizaci DNA podle tabulky 6. Připravte o 10 % vyšší objem, než je nutné pro provedení celkového množství reakcí.

Tabulka 6. Master mix pro imobilizaci DNA

Složka	Objem na vzorek (μl)
Streptavidin Sepharose High Performance	2
Vazebný pufr PyroMark	40
Voda (H ₂ O, součást dodávky)	28
Celkový objem	70

3. Naneste 70 μl master mixu do jamek na 24jamkové PCR destičce nebo stripu podle předem definovaného nastavení běhu (viz „Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24 “ na straně 15).
4. Do každé jamky obsahující master mix přidejte 10 μl biotinylovaného PCR produktu z protokolu 2 podle předem definovaného nastavení běhu (viz „Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24 “ na straně 15).

Poznámka: Po nanesení master mixu i PCR produktu by celkový objem v jamce měl být 80 μl.

5. PCR destičku (nebo strip) zavřete víčky.

Poznámka: Zkontrolujte, zda nemůže dojít k přetékání kapaliny mezi jamkami.

- 6. Míchejte PCR destičku při laboratorní teplotě (15 – 25 °C) po dobu 5 – 10 min při 1400 ot./min.**

Poznámka: Během tohoto kroku nachystejte vakuovou stanici PyroMark Q24 na přípravu vzorku podle návodu v *příručce pro uživatele systému PyroMark Q24*.

- 7. Pokračujte přímo částí „Protokol 4: Příprava vzorků před pyrosekvenční analýzou na systému PyroMark Q24 “ na straně 23.**

Poznámka: Sepharosové kuličky rychle sedimentují. Kuličky je nutné odebrat okamžitě po míchání.

Pokud od míchání destiček (nebo stripů) uplyne více než 1 minuta, zamíchejte je před odběrem kuliček znovu po dobu 1 minuty.

Protokol 4: Příprava vzorků před pyrosekvenační analýzou na systému PyroMark Q24

Tento protokol popisuje přípravu jednořetězcové DNA a připojení sekvenačních primerů k templátu před provedením pyrosekvenační analýzy na systému PyroMark Q24.

Důležité body před zahájením

- Zkumavky se sekvenačními primery před otevřením krátce odstředíte, aby se obsah usadil na dně zkumavky.
- S ohledem na to, kterou oblast chcete analyzovat (kodon 719 [exon 18], kodony 768 a 790 [exon 20], kodony 858–861 [exon 21] nebo exon 19), naneste 5 různých sekvenačních primerů podle stejného vzoru, který byl definován v nastavení běhu pro danou destičku (viz „Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24”, na straně 15).
- Schéma pracovního postupu bylo ve srovnání s revizí R1 *příručky* theascreen *EGFR Pyro Kit* (krok 18) mírně změněno. Dobu chlazení vzorků po jejich zahřátí na 80 °C nezkracujte.
- Pravidelně provádějte funkční test filtračních sond, jak je popsáno v *příručce pro uživatele systému PyroMark Q24*, a v případě potřeby filtrační sondy vyměňte.

Úkony před zahájením

- Jeden stojan na destičky PyroMark Q24 uložte na předehřátý topný blok na teplotu 80 °C jako přípravu na krok 17. Druhý stojan na destičky PyroMark Q24, který bude použit v kroku 18, ponechte v prostředí s laboratorní teplotou (15 – 25 °C).
- Promývací pufr PyroMark je dodáván v 10 x koncentrované formě. Před prvním použitím naředte 1 dávku pracovního roztoku: k 25 ml 10 x koncentrovaného promývacího pufru PyroMark přidejte 225 ml vysoce čištěné vody (konečný objem bude 250 ml).

Poznámka: Pracovní roztok promývacího pufru 1x PyroMark je stabilní při 2 – 8 °C až do vyznačené doby použitelnosti.

Postup

1. **Naředte dostatečné množství daného sekvenačního primeru, (Seq primer EGFR 719, Seq primer EGFR 768, Seq primer EGFR 790, Seq primer EGFR 858–861 a Seq primer EGFR Exon 19 Del) hybridizačním puftrem PyroMark podle tabulky 7.**

Roztok sekvenačních primerů připravte o objemu větším než je požadované množství pro sekvenování celkového počtu vzorků (počet vzorků + jedna dávka navíc).

Tabulka 7. Příklad ředění sekvenačních primerů

Složka	Objem na vzorek (μl)	Objem na 9 + 1 reakcí (μl)
Seq Primer EGFR 719 nebo Seq Primer EGFR Ex 19 Del nebo Seq Primer EGFR 768 nebo Seq Primer EGFR 790 nebo Seq Primer EGFR 858–861	0,8	8
Hybridizační pufr PyroMark	24,2	242
Celkový objem	25	250

2. Do každé jamky na destičce PyroMark Q24 naneste 25 μl naředěného sekvenačního primeru podle vzoru v nastavení běhu (viz „Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24“ na straně 15).

Poznámka: Jeden stojan na destičky PyroMark Q24 (součást dodávky vakuové stanice PyroMark Q24) uchovávejte při laboratorní teplotě (15 – 25 °C) a používejte jej jako pomůcku při přípravě a přenášení destičky.

3. Uložte PCR destičku (nebo stripy) z protokolu 3 a destičku PyroMark Q24 na pracovní stůlek (obrázek 2).

Poznámka: Zkontrolujte, zda má destička stejnou orientaci jako při nanášení vzorku.



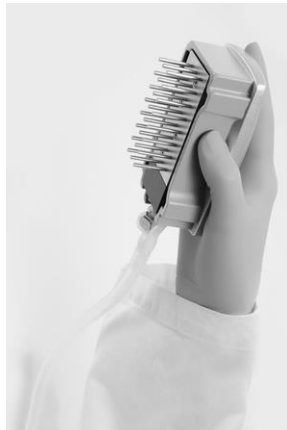
Obrázek 2. Uložení PCR destičky (nebo stripů) a destičky PyroMark Q24 do vakuové stanice.

4. Přepněte na přívod vakua a zaveďte vakuum do hlavice.
5. Opatrně spusťte filtrační sondy vakuové hlavice do PCR destičky (nebo stripů) a odeberte kuličky obsahující imobilizovaný templát. Sondy ponechte na místě po dobu 15 sekund. Při zvedání vakuové hlavice postupujte velmi opatrně.

Poznámka: Sepharosové kuličky rychle sedimentují. Kuličky je nutné odebrat okamžitě po míchání.

Pokud od míchání destiček (nebo stripů) uplyne více než 1 minuta, zamíchejte je před odběrem kuliček znovu po dobu 1 minuty.

6. Přeneste vakuovou hlavici do vaničky obsahující 40 ml 70% etanolu (obrázek 2). Proplachujte filtrační sondy po dobu 5 sekund.
7. Přeneste vakuovou hlavici do vaničky obsahující 40 ml denaturačního roztoku (obrázek 2). Proplachujte filtrační sondy po dobu 5 sekund.
8. Přeneste vakuovou hlavici do vaničky obsahující 50 ml promývacího pufru (obrázek 2). Proplachujte filtrační sondy po dobu 10 sekund.
9. Zvedněte vakuovou hlavici nahoru, naklopte ji svisle přes 90° a po dobu 5 sekund nechte tekutinu na filtračních sondách oschnout (obrázek 3).



Obrázek 3. Zobrazení vakuové hlavice naklopené svisle přes 90°.

10. Podržte vakuovou hlavici nad destičkou PyroMark Q24 a zavřete přívod vakua na hlavici (poloha Off).
11. Ponořte filtrační sondy do roztoku sekvenačních primerů a jemným třepáním hlavice do stran uvolněte kuličky do destičky PyroMark Q24.
Poznámka: Dbejte na to, aby nedošlo ke zničení povrchu destičky PyroMark Q24 poškrábáním filtračními sondami.
12. Přeneste vakuovou hlavici do vaničky obsahující vysoce čištěnou vodu (obrázek 2) a po dobu 10 sekund hlavici protřepávejte.
13. Promyjte filtrační sondy ponořením do vysoce čištěné vody (obrázek 2) a zavedením vakua. Opláchněte sondy 70 ml vysoce čištěné vody.

14. Zvedněte vakuovou hlavici nahoru, naklopte ji svisle přes 90° a po dobu 5 sekund nechte tekutinu na filtračních sondách oschnout (obrázek 3).
15. Zavřete přívod vakua na hlavici (poloha Off) a uložte vakuovou hlavici do zajištěné polohy (P).
16. Vypněte vakuovou pumpu.
Poznámka: Na konci pracovního dne je potřeba zlikvidovat odpadní a zbytkové roztoky a zkontrolovat vakuovou stanici PyroMark Q24, zdali není znečištěna prachem a potřísněna tekutinami (viz příloha B, straně 58).
17. Ohřejte destičku PyroMark Q24 se vzorky na 80 °C po dobu 2 minut s využitím předehřátého stojanu na destičky PyroMark Q24.
18. Odeberte destičku PyroMark Q24 z horkého stojanu, položte ji na druhý stojan PyroMark Q24 umístěný v prostředí s laboratorní teplotou (15 – 25 °C) a nechte vzorky vychladnout na laboratorní teplotu po dobu 10 – 15 minut.
19. Pokračujte částí „Protokol 5: Spuštění systému PyroMark Q24“ na straně 27.

Protokol 5: Spuštění systému PyroMark Q24

Tento protokol popisuje přípravu a nanesení činidel PyroMark Gold Q24 na kazetu PyroMark Q24 a zahájení a ukončení běhu systému PyroMark Q24. Podrobnější popis uvádějící nastavení běhu naleznete v *příručce pro uživatele systému PyroMark Q24*.

Důležitý bod před zahájením

- Ve zprávě „Pre Run Information“ (Informace před spuštěním běhu), která se nachází v nabídce „Tools“ (Nástroje) při nastavení běhu (viz „Protokol 1: Nastavení běhu na systému PyroMark Q24“ na straně 15), jsou uvedeny informace o objemu nukleotidů, enzymů, substrátů a pufrů nutných pro provedení daného běhu.

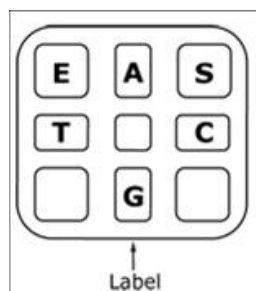
Úkony před zahájením

- Zapněte systém PyroMark Q24. Hlavní vypínač je umístěn na zadní straně přístroje.

Postup

- 1. Rozpusťte lyofilizovanou směs enzymů a směs substrátů vždy v 620 µl vody (H₂O, součást dodávky).**
- 2. Míchání proveďte mírným kroužením lahvičkou.**
Poznámka: Neprovádějte vířivé pohyby!
Poznámka: Aby bylo zajištěno úplné rozpuštění směsi, ponechte ji v prostředí s laboratorní teplotou (15 – 25 °C) po dobu 5 – 10 minut. Před započítáním plnění kazety PyroMark Q24 se přesvědčte, že roztok není zakalený. Pokud nemají být činidla bezprostředně použita, uložte lahvičky s činidly na led* nebo do ledničky.
- 3. Umožněte činidlům a kazetě PyroMark Q24 získat okolní teplotu (20 – 25 °C).**
- 4. Umístěte kazetu PyroMark Q24 tak, aby byla natočena štítkem k vám.**
- 5. Naneste na kazetu PyroMark Q24 příslušné objemy nukleotidů, směsi enzymů a směsi substrátů podle obrázku 4.**
Přesvědčte se, že se z pipety nepřenesly do kazety žádné vzduchové bubliny.

* Při práci s chemikáliemi vždy používejte vhodný laboratorní pracovní oděv, jednorázově použitelné rukavice a ochranné brýle. Další informace si vyhledejte v bezpečnostních listech (SDS) příslušných materiálů, které obdržíte od dodavatele výrobku.



Obrázek 4. Obrázek kazety PyroMark Q24 shora. Popisy odpovídají štítkům na lahvičkách s činidly. Přidejte směs enzymů (E), směs substrátů (S) a nukleotidy (A, T, C, G) podle údajů o objemech uvedených ve zprávě „Pre Run information“ (Informace před spuštěním běhu), která se nachází v nabídce „Tools“ (Nástroje) při nastavení běhu.

6. **Otevřete dvířka kazety a vložte kazetu naplněnou reagenty štítkem ven. Kazetu zcela zasuňte a zatlačte dolů.**
7. **Zkontrolujte, zda je vidět linka na přední straně kazety, a zavřete dvířka.**
8. **Otevřete rámeček na upevnění destičky a umístěte destičku na topný blok.**
9. **Zavřete rámeček na upevnění destičky a víko přístroje.**
10. **Do USB portu na přední straně přístroje zasuňte USB jednotku (obsahující soubor běhu).**
Poznámka: USB jednotku nechte zasunutou až do ukončení běhu.
11. **Z hlavní nabídky vyberte příkaz „Run“ (Spustit) pomocí tlačítek ▲ a ▼ na obrazovce a stiskněte tlačítko „OK“.**
12. **Pomocí tlačítek na obrazovce ▲ a ▼ vyberte soubor běhu.**
Poznámka: Chcete-li si prohlédnout obsah složky, vyberte danou složku a stiskněte tlačítko „Select“ (Vybrat). Chcete-li se vrátit zpět na předchozí zobrazení, stiskněte tlačítko „Back“ (Zpět).
13. **Máte-li vybraný požadovaný běh, stiskněte tlačítko „Select“ (Vybrat).**
14. **Jakmile se běh dokončí a přístroj potvrdí, že soubor běhu byl uložen na USB jednotku, stiskněte tlačítko „Close“ (Zavřít).**
15. **Vyjměte USB jednotku.**
16. **Otevřete víko přístroje.**
17. **Otevřete dvířka kazety a kazetu s reagenty nadzdvihněte a vytáhněte ven.**
18. **Zavřete dvířka.**
19. **Otevřete rámeček na upevnění destičky a odeberte destičku z topného bloku.**
20. **Zavřete rámeček na upevnění destičky a víko přístroje.**
21. **Destičku zlikvidujte a kazetu vyčistěte podle návodu k výrobku, který je součástí dodávky kazety.**
22. **Proveďte analýzu běhu, jak je popsáno v tématu „Protokol 6: Analýza běhu na systému PyroMark Q24“ na straně 29.**

Protokol 6: Analýza běhu na systému PyroMark Q24

Tento protokol popisuje analýzu mutací po dokončeném běhu EGFR pomocí softwaru PyroMark Q24.

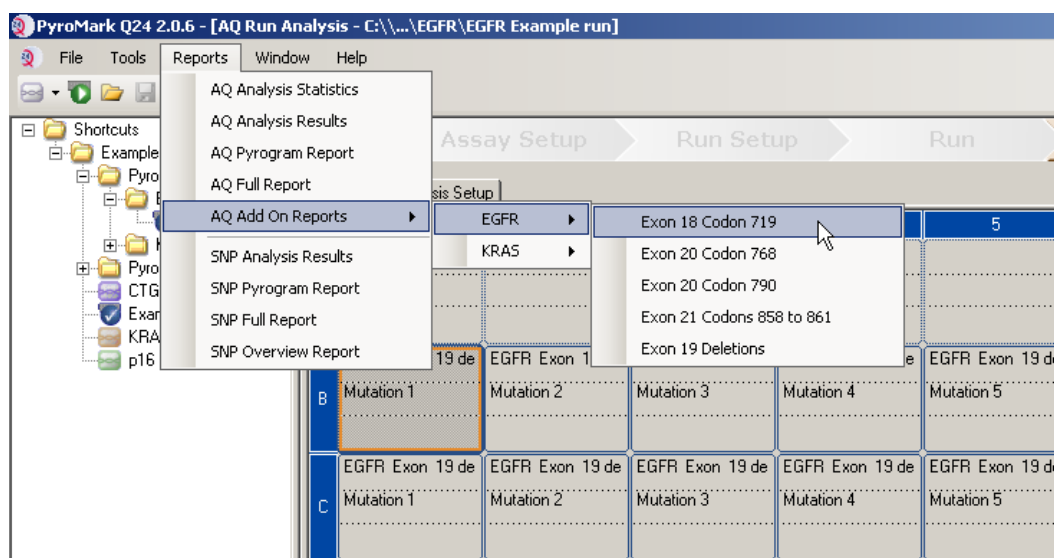
Postup

1. Zasuňte USB jednotku obsahující vytvořený soubor běhu do USB portu počítače.
2. Pomocí Průzkumníku Windows přesuňte soubor běhu z USB jednotky do požadovaného umístění v počítači.
3. Otevřete soubor běhu v režimu AQ softwaru PyroMark Q24 buď zvolením možnosti „Open“ (Otevřít) v nabídce „File“ (Soubor) nebo dvojitým kliknutím na soubor (☑) v prohlížeči zkratk.
4. Existují dvě metody analýzy běhu. Pokud používáte modul EGFR Plug-in Report, přejděte na krok 5. Pokud používáte AQ analýzu, která je součástí systému PyroMark Q24, přejděte na krok 6.

Poznámka: Důrazně doporučujeme používat k interpretaci výsledků modul EGFR Plug-in Report. Modul EGFR Plug-in Report lze obdržet e-mailem po objednání na adrese pyro.plugin@qiagen.com. V této zprávě je zajištěno, aby byly jednotlivé hodnoty LOD a různé analyzované sekvence použity k automatické detekci všech mutací a delecí, včetně identifikace dvaceti různých delecí a komplexních mutací v exonu 19.

5. Použití modulu EGFR Plug-in Report:

Vyberte z nabídky „Reports“ (Zprávy) položku „AQ Add On Reports/EGFR“ (Přidat AQ zprávu/EGFR) a „Exon 18 Codon 719“ (exon 18, kodon 719) nebo „Exon 19 Deletions“ (exon 19, delece) nebo „Exon 20 Codon 768“ (exon 20, kodon 768) nebo „Exon 20 Codon 790“ (exon 20, kodon 790) nebo „Exon 21 Codons 858 to 961“ (exon 21, kodony 858 až 961) (obrázek 5).



Obrázek 5. Obrazovka AQ Run Analysis (Běh AQ analýzy)

V jamkách automaticky proběhne analýza všech mutací, pro které je dána mez detekce (LOD) v tabulce 8. Výsledky se zobrazí v přehledné tabulce (obrázek 6) a následují i podrobné výsledky, které zahrnují například pyrogramy a kvalitu analýzy.

Summary

Well	Sample ID	Result	Frequency [% units]	Amino Acid Substitution	Info
A1	B104683	Mutation	34.0	del E746-A750	
A2	B105072	Wildtype			
A3	B116390	Mutation	26.6	delL747-P753insS	
A4	B116389	Wildtype			
A5	B116301	Potential low level mutation	3.2	delK745-E749	⚠
A6	B116392	Mutation	15.4	del E746-A750	
A7	WT control	Wildtype			
A8	NTC	Failed Analysis			⚠

⚠ See detailed results for further explanation.

NOTE: For further information about data evaluation please refer to the handbook.

Obrázek 6. Tabulka s přehledem výsledků.

6. Použití AQ analýzy:

Chcete-li provést analýzu běhu EGFR a získat přehled výsledků, klikněte na některé z tlačítek analýzy:



Analyzovat všechny jamky



Analyzovat vybranou jamku

Výsledky analýzy (četnost alel) a stanovení kvality se zobrazí nad pozicí proměnné v záznamu Pyrogram®. Bližší informace o analýze běhu najdete v příručce pro uživatele systému PyroMark Q24.

Chcete-li vytvořit zprávu, vyberte z nabídky „Reports“ (Zprávy) možnost „AQ Full Report“ (Celá zpráva AQ) nebo „AQ Analysis Results“ (Výsledky AQ analýzy).

Poznámka: Standardní položka „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence), definovaná v nastavení analýzy, postihuje nejběžnější mutace v kodonech 768, 790, 858, 858 a 861 a nejběžnější delecii v exonu 19 (viz příloha A, strana 54). Pokud vzorek obsahuje méně častou mutaci, je možné analyzovanou sekvenci změnit tak, aby byla také provedena analýza stavu mutace v dané pozici, jak je popsáno v příloze A.

Aktualizované četnosti mutací lidského genu EGFR jsou dostupné online na stránkách Sangerova ústavu www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic/.

Poznámka: Za spolehlivé doporučujeme považovat výsledky, kde jsou výšky jednotlivých píků nad 20 RLU pro analýzu kodonu 768 a nad 30 RLU pro zbylé čtyři analýzy. Hodnoty 20 nebo 30 RLU nastavte postupně v nastavení analýzy jako hodnotu „požadovaná výška píku pro uznání kvality výsledku“ (viz příručka pro uživatele systému PyroMark Q24 a Příloha A).

Poznámka: Chcete-li použít řádnou kvantifikaci kodonu 719 a kodonu 790, zadejte v nastavení analýzy výšky sloupců histogramu (viz příloha A, strana 54).

Poznámka: Zpráva s výsledky AQ analýzy by se měla použít jako dokumentace a interpretace kvantitativního vyhodnocení alel. Čísla uváděná v pyrogramu jsou zaokrouhlena a neudávají zcela přesnou kvantitativní hodnotu.

Poznámka: Pyrogram by měl být vždy porovnán s histogramem, který lze zobrazit kliknutím pravým tlačítkem myši v okně Pyrogram. Naměřené píky by měly výškově odpovídat sloupcům histogramu.

Opakování analýzy vzorků, u nichž nebyla detekována mutace při použití standardu „Sequence to analyze“ (Analyzovaná sekvence), nebo s hodnocením kvality „Check“ (Ověřit) nebo „Failed“ (Selhalo).

Analýzu všech vzorků, u kterých nebyla detekována mutace ve standardní analyzované sekvenci, a vzorků, u kterých bylo u hodnocení kvality uvedeno „Check“ (Ověřit) nebo „Failed“ (Selhalo), je důrazně doporučeno zopakovat. Hodnocení kvality „Check“ (Ověřit) nebo „Failed“ (Selhalo) může znamenat, že neočekávané referenční píky vyvolává mutace na jiné pozici.

Chcete-li zopakovat analýzu a zaměřit se na méně časté mutace, přejděte na „Analysis Setup“ (Nastavení analýzy) a změňte položku „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) z na některou z variant popsaných v Příloze A nebo na jiné vzácné či neočekávané mutace. Klikněte na tlačítko „Apply“ (Použít) a po zobrazení okna „Apply Analysis Setup“ (Použít nastavení analýzy), klikněte na možnost „To All“ (Na všechny).

Poznámka: Po změně analyzované sekvence se přesvědčte, zda je nastavena odpovídajícím způsobem prahová hodnota výšky samostatného píku a hodnota výšky sloupců histogramu (viz Příloha A, strana 54).

Poznámka: Pokud naměřené píky výškově neodpovídají sloupcům histogramu a tento jev nelze vysvětlit vzácnými nebo neočekávanými mutacemi, není podle výsledku možné posoudit stav mutací. Doporučuje se provést novou analýzu vzorku.

Interpretace výsledků

Interpretace výsledků a detekce mutací s nízkou úrovní výskytu

Je důrazně doporučeno, aby každý běh zahrnoval i kontrolní nemethylovanou DNA pro srovnání a jako kontrolu úrovní v pozadí. Naměřená frekvence kontrolního vzorku by měla být menší nebo rovna mezi slepého vzorku (LOB, limit of blank).

Všechny vzorky by měly být prozkoumány s ohledem na meze detekce (LOD viz tabulka 8) a interpretovány následujícím způsobem.

- Frekvence mutace < LOD: Divoký typ
- Frekvence mutace \geq LOD a \leq LOD + 3 % jednotek: Potenciální mutace s nízkou úrovní výskytu

Poznámka: Pokud tato situace nastane při používání modulu Plug-in Report (viz krok 5, „Protokol 6: Analýza běhu na systému PyroMark Q24“, strana 29) zobrazí se upozornění.

Vzorky s hlášenou potenciální mutací s nízkou úrovní výskytu by měly být považovány z hlediska této mutace za pozitivní pouze v případě, že bude potvrzena další duplicitní analýzou se vzorkem s nemethylovanou kontrolní DNA. Výsledek obou duplicitních analýz musí být \geq LOD a lišit se od kontrolního vzorku. V jiném případě by měl být vzorek posouzen jako divoký typ.

- Frekvence mutace > LOD + 3 % jednotek: Mutace

Pokud používáte modul EGFR Plug-in Report, je toto prováděno automaticky.

Poznámka: K interpretaci výsledků je doporučeno používat modul EGFR Plug-in Report. K podrobnějšímu prozkoumání vzorků s hlášenou potenciální mutací nízké úrovně doporučujeme provést další analýzu vzorku ručně v aplikačním softwaru (např. pro porovnání s frekvencí této mutace v kontrolním vzorku).

Poznámka: Naměřená frekvence nad LOB v kontrolním vzorku ukazuje na vyšší než obvyklou úroveň pozadí v těchto jednotlivých bězích, která by mohla mít vliv na kvantifikaci alel, a to zejména u nízkých mutačních úrovní. V tomto případě nejsou naměřené frekvence v rozsahu od LOD (tabulka 8) do LOD + 3 % jednotek základem pro posouzení stavu mutací. Je doporučeno provést novou analýzu vzorků s potenciální mutací s nízkou úrovní výskytu.

Poznámka: Rozhodnutí o léčbě pacientů s nádorovým onemocněním nelze zakládat výhradně na analýze stavu mutací genu EGFR.

Tabulka 8. LOB a LOD určené pro specifické mutace

Mutace	Substituce aminokyseliny	LOB (% jednotek)	LOD (% jednotek)	COSMIC ID* (V47)
Delece exonu 19				
2233del15	K745_E749del	0,6	1,6	26038
2235_2248>AATTC	E746_A750>IP	0,8	1,6	13550
2235_2252>AAT	E746_T751>I	1,1	2,8	13551
2235del15 [†]	E746_A750del	0,9	1,8	6223
2236del15 [†]	E746_A750del	0,2	1,2	6225
2237_2252>T	E746_T751>V	0,8	2,4	12386
2237_2255>T [†]	E746_S752>V	0,6	1,6	12384
2237del15 [†]	E746_T751>A	0,9	1,9	12678
2237del18	E746_S752>A	0,5	1,7	12367
2238_2248>GC	L747_A750>P	0,8	2,5	12422
2238_2252>GCA	L747_T751>Q	0,2	0,6	12419
2238del18	E746_S752>D	0,3	1,1	6220
2239_2248>C [†]	L747_A750>P	1,8	2,5	12382
2239_2251>C	L747_T751>P	0,6	1,7	12383
2239_2258>CA	L747_P753>Q	1,3	3,9	12387
2239del18 [†]	L747_S752del	0,6	1,5	6255
2239del9	L747_E749del	2,0	3,7	6218
2240del12	L747_T751>S	0,4	1,5	6210
2240del15 [†]	L747_T751del	0,9	1,9	12369
2240del18 [†]	L747_P753>S	0,9	1,9	12370

* Podle Katalogu somatických mutací při nádorových onemocněních (COSMIC, Catalogue of Somatic Mutations in Cancer) dostupného online na stránkách Sangerova ústavu www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic/.

[†] Hodnoty LOD byly pro tyto delece v exonu 19 stanoveny přidáním šesti standardních deviací měření slepého vzorku k hodnotě LOB.

Tabulka pokračuje na další straně.

Tabulka 8. Pokračování

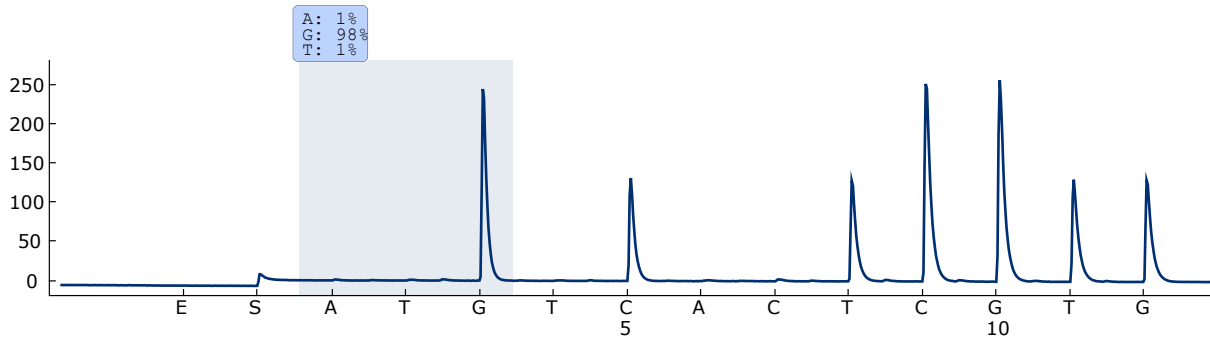
Mutace	Substituce aminokyseliny	LOB (% jednotek)	LOD (% jednotek)	COSMIC ID* (V47)
Exon 18, kodon 719 (GGC)				
AGC	G719S	0,9	1,5	6252
TGC	G719C	1,0	1,6	6253
GCC	G719A	4,7	9,1	6239
Exon 20, kodon 768 (AGC)				
ATC	S768I	2,6	5,0	6241
Exon 20, kodon 790 (ACG)				
ATG	T790M	7,0	10,7	6240
Exon 21, kodon 858 (CTG)				
CGG	L858R	0,6	2,6 (5,5) [‡]	6224
Exon 21, kodon 861 (CTG)				
CAG	L861Q	3,2	4,3	6213
CGG	L861R	1,9	4,2	12374

* Podle Katalogu somatických mutací při nádorových onemocněních (COSMIC, Catalogue of Somatic Mutations in Cancer) dostupného online na stránkách Sangerova ústavu www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic/.

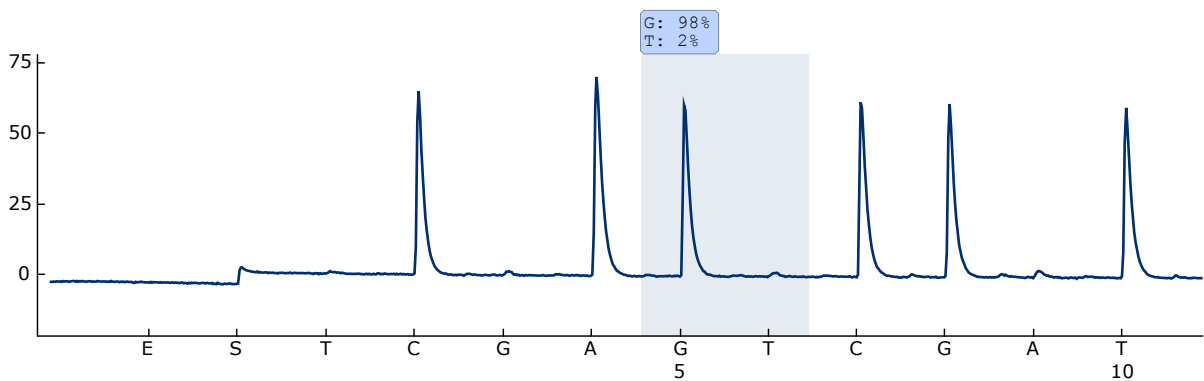
‡ Nejnižší úroveň mutace ve vzorku, která vede k naměření frekvence \geq LOD.

Reprezentativní snímky

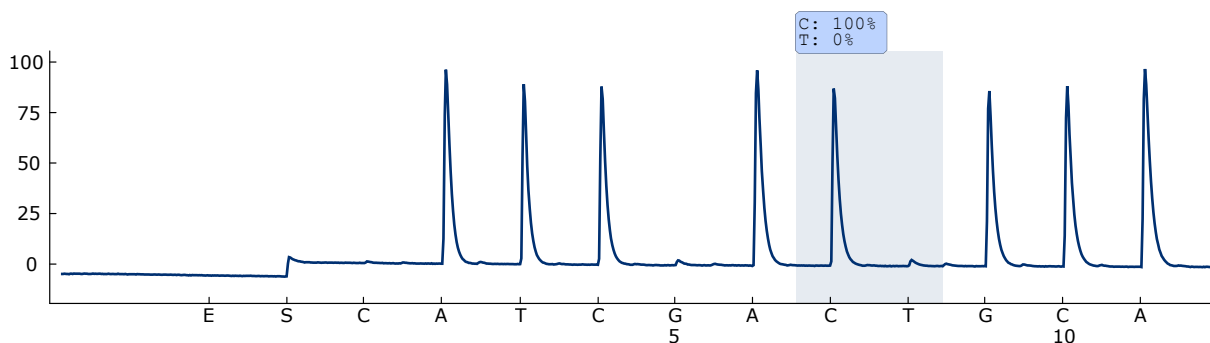
Na obrázcích 7 – 14 jsou uvedeny ukázkové výsledky pyrogramu.



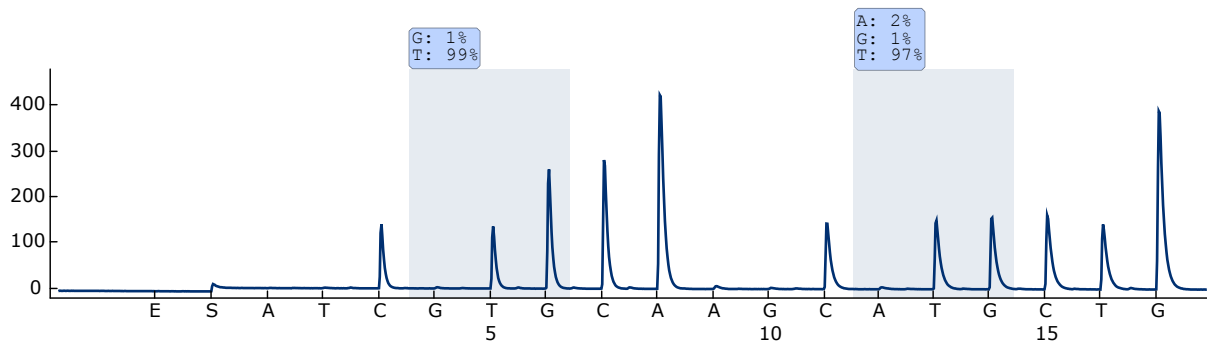
Obrázek 7. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s genotypem divokého typu v kodonu 719 s analyzovanou sekvencí DGCTCCGGTGC.



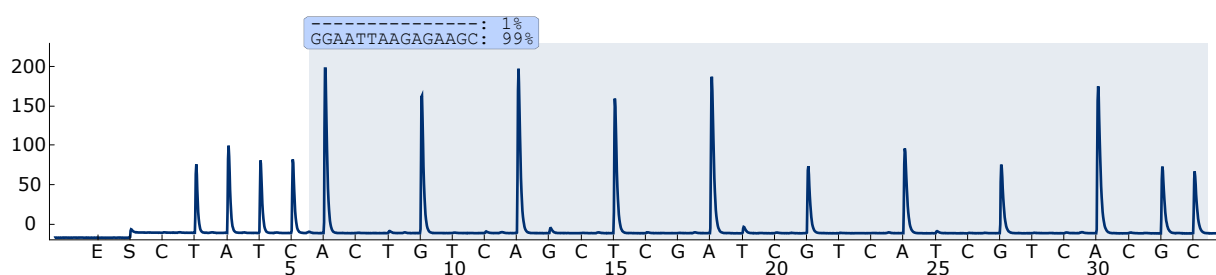
Obrázek 8. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s genotypem divokého typu v kodonu 768 s analyzovanou sekvencí CAKCGTG.



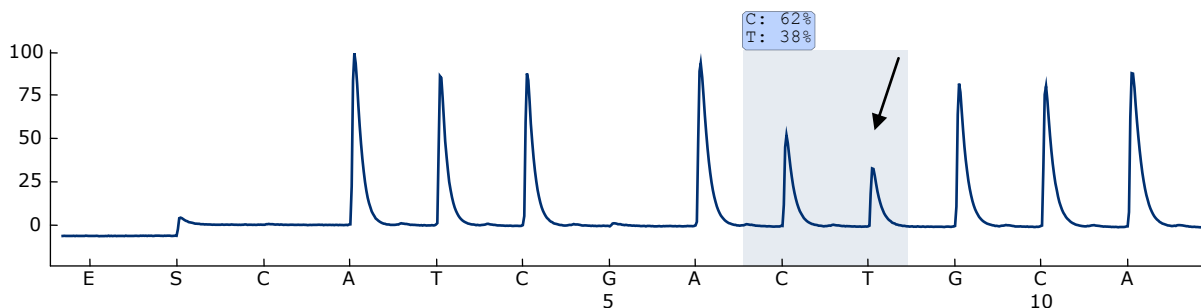
Obrázek 9. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s genotypem divokého typu v kodonu 790 s analyzovanou sekvencí ATCAYGCAAG.



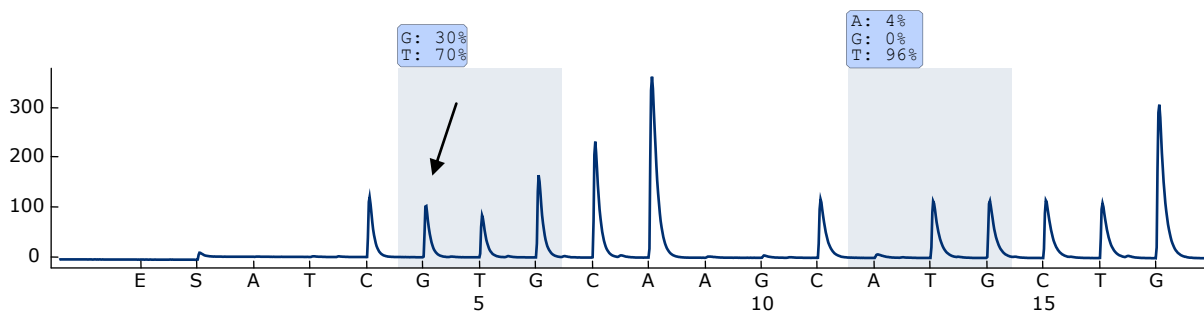
Obrázek 10. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s genotypem divokého typu v kodonech 858–861 s analyzovanou sekvencí CKGGCCAAACDGCTGGT.



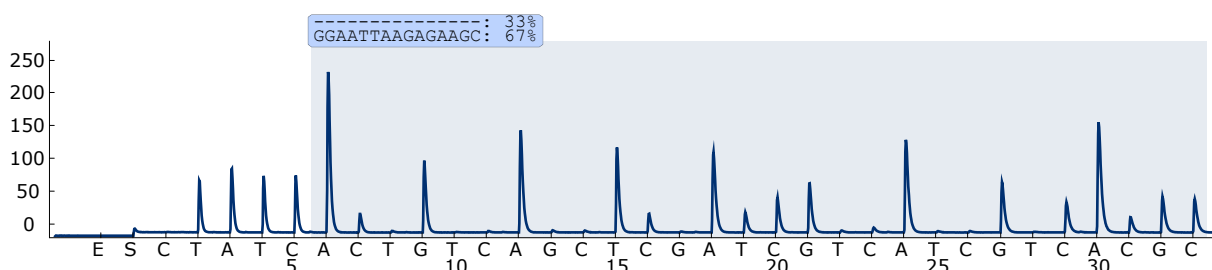
Obrázek 11. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s genotypem divokého typu v exonu 19.



Obrázek 12. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s mutací ACG → ATG v bázi 2 kodonu 790 (označeno šipkou).



Obrázek 13. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s mutací CTG → CGG v bázi 2 kodonu 858 (označeno šipkou).



Obrázek 14. Záznam pyrogramu získaný z analýzy vzorku s delecí 2235del15 v exonu 19.

Návod na řešení potíží

Uvedené návody mohou pomoci při řešení potíží, které mohou nastat při práci se systémem. Další informace můžete najít také mezi častými dotazy (FAQ) na stránkách našeho centra technické podpory:

www.qiagen.com/FAQ/FAQList.aspx. Vědečtí pracovníci, kteří pracují v technických službách společnosti QIAGEN, vám vždy ochotně odpoví na jakékoli dotazy týkající se informací či protokolů v této příručce nebo technologií přípravy vzorků či zpracování analýz (kontaktní informace najdete na zadní straně obálky nebo na stránkách www.qiagen.com).

Poznámka: Řešení všeobecných problémů s přístrojem jsou uvedena v *příručce pro uživatele systému PyroMark Q24*.

Komentáře a návrhy

Signály u kontroly bez templátu (negativní kontroly)

- | | |
|-------------------------------------|---|
| a) Vzájemné signály susedných jamek | Signál z jedné jamky je detekován v sousední jamce. Neumisťujte vzorky s vysokou intenzitou signálu vedle kontrolních jamek bez templátu. |
| b) Kontaminace PCR | Používejte sterilní pipetovací špičky s filtry. Materiál, jako jsou vzorky, kontroly a amplikony, uchovávejte a extrahujte odděleně od činidel PCR. |

Slabá nebo neočekávaná sekvence

- | | |
|-------------------------------|--|
| a) Nízká kvalita genomové DNA | Nízká kvalita genomové DNA může být příčinou selhání PCR. Provedte analýzu PCR vzorků elektroforézou (například na systému QIAxcel® nebo elektroforézou na agarózovém gelu). |
|-------------------------------|--|

Komentáře a návrhy

Výsledek „Check“ (Ověřit) nebo „Failed“ (Selhalo)

- a) Malá výška píku Příčinou nízkých píků mohou být chyby při přípravě PCR nebo vzorku před zahájením pyrosekvenování. Pravidelně provádějte funkční test filtračních sond, jak je popsáno v *příručce pro uživatele systému PyroMark Q24*, a v případě potřeby filtrační sondy vyměňte.
- V případě upozornění „Check“ (Ověřit) pečlivě porovnejte pyrogram s histogramem, který lze zobrazit kliknutím pravým tlačítkem myši v okně Pyrogram. Pokud naměřené píky odpovídají výškám sloupců histogramu, výsledek je platný. V jiném případě je doporučeno provést novou analýzu vzorku.
- b) Mutace není definována jako „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) V nastavení analýzy upravte analyzovanou sekvenci (viz Příloha A, strana 54) a analýzu běhu zopakujte.
- c) Neočekávaná vzácná mutace Hodnocení kvality „Check“ (Ověřit) nebo „Failed“ (Selhalo) může být vyvoláno neočekávaným uspořádáním píků. Tento jev může poukazovat na přítomnost neočekávané mutace, která není součástí analýzy podle poskytnuté „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence). Tyto vzorky by se měly analyzovat pomocí alternativní analyzované sekvence s ohledem na možnost přítomnosti neočekávaných mutací.
- d) Upozornění na odchylku výšky vysokého píku při přidání x Pyrogram by měl být pečlivě porovnán s histogramem, který lze zobrazit kliknutím pravým tlačítkem myši v okně Pyrogram. V případě, že naměřené píky výškově neodpovídají sloupcům histogramu a nelze tento jev vysvětlit vzácnými mutacemi, je doporučeno provést novou analýzu vzorku.

Komentáře a návrhy

- e) Upozornění „Uncertain/Failed due to high peak height deviation at dispensation: 8“ (Neurčitost/selhání z důvodu vysokých odchylek výšek píků při přidání nukleotidů: 8) se zobrazí při analýze kodonu 790. Šum pozadí při přidání nukleotidů T8 je pod očekávanou úrovní. Nastavte výšku sloupce histogramu na výchozí hodnotu (1,00; je možné pouze při použití analytického nástroje, který je součástí softwaru PyroMark Q24).
- f) Upozornění „Uncertain/Failed due to high peak height deviation at dispensation: 10“ (Neurčitost/selhání z důvodu vysokých odchylek výšek píků při přidání nukleotidů: 10) se zobrazí při analýze kodonů 858 až 861. Vysokoúrovňová mutace CTG>CGG v kodonu 858 (L858R) může mít za následek zvýšené pozadí při přidání nukleotidů G-10 a A-12 a frekvenci nad LOD při mutaci ATG>CAG v kodonu 861 (L861Q). V tomto případě je platná pouze ohlášená mutace L585R a upozornění i hodnocení kvality „Check“ (Ověřit) je možné ignorovat. **Poznámka:** Modul EGFR Plug-in Report ohlásí pouze jednu mutaci (např. mutaci s nejvyšší frekvencí).
- g) Upozornění „Uncertain due to high peak height deviation at dispensation: 23.“ (Neurčitost z důvodu vysokých odchylek výšek píků při přidání nukleotidů: 23) se zobrazí, pokud je ohlášena delece 2235del15. Toto upozornění může vyvolat vysokoúrovňová delece 2235del15. V tomto případě je platná pouze ohlášená mutace a upozornění i hodnocení kvality „Check“ (Ověřit) je možné ignorovat.

Komentáře a návrhy

Výrazné pozadí

- | | |
|---|--|
| a) Nesprávné skladování nukleotidů | Nukleotidy skladujte při teplotě 2 až 8 °C. Uchovávání při teplotách –15 až –25 °C může zvyšovat pozadí. |
| b) Krátká doba chlazení vzorků před pyrosekvenační analýzou | Vzorky uložte na držáku destiček PyroMark Q24 na 10 až 15 minut do prostoru s laboratorní teplotou. Dobu chlazení nezkracujte. |
| c) Kontaminace kazety | Kazetu pečlivě vyčistěte, jak je popsáno v návodu k výrobku. Uložte kazetu na místě chráněném před světlem a prachem. |

Pozitivní kontrola (kontrolní nemetylovaná DNA) nevykazuje signál.

- | | |
|---|---|
| a) Nedostatečné množství směsi enzymů nebo substrátů ve všech jamkách | Zkontrolujte, že jste správně naplnili kazetu PyroMark Q24 podle zadání ve zprávě „Pre Run Information“ (Informace před spuštěním běhu) v nabídce „Tools“ (Nástroje). |
| b) Činidla nebyla správně uskladněna nebo naředěna. | Připravte činidla <i>therascreen</i> podle pokynů v části „Protokol 5: Spuštění systému PyroMark Q24“ na straně 27. |
| c) Chyba při přípravě PCR nebo vzorku | Manipulační chyby při nastavení PCR, programování cykleru PCR nebo přípravě vzorku před zahájením pyrosekvenování mohou mít za následek ztrátu signálu. Pravidelně provádějte funkční test filtračních sond, jak je popsáno v <i>příručce pro uživatele systému PyroMark Q24</i> , a v případě potřeby filtrační sondy vyměňte. Zopakujte PCR a pyrosekvenační analýzu. |

Kontrola kvality

K zajištění stálé kvality produktu je v souladu s certifikovaným systémem ISO řízení jakosti výrobků společnosti QIAGEN každá výrobní šarže souprav *therascreen* EGFR Pyro Kit testována podle předem stanovených specifikací.

Omezení

Všechny získané diagnostické výsledky je nutno interpretovat společně s dalšími klinickými nebo laboratorními nálezy.

Každý uživatel je zodpovědný za platnost funkčnosti systémů u všech postupů používaných v dané laboratoři, které nejsou zahrnuty ve studiích funkčnosti výrobků QIAGEN.

Funkční vlastnosti

Mez slepého vzorku a mez detekce

Mez slepého vzorku (LOB, limit of blank) a mez detekce (LOD, limit of detection) byly stanoveny pro určitý počet mutací pomocí směsi plasmidů (tabulka 9). LOB a LOD byly stanoveny podle doporučení v pokynech Ústavu pro klinické a laboratorní standardy (CLSI, Clinical and Laboratory Standards Institute) EP17-A „Protocol for determination of limits of detection and limits of quantitation; approved guideline“ (Protokol pro určení mezí detekce a mezí kvantifikace, schválené pokyny). α - a β -chyby (falešně pozitivní a falešně negativní) byly dány jako 5 %. Hodnoty LOD byly pro určité vzácné delece v exonu 19 stanoveny přidáním šesti standardních deviací měření slepého vzorku k hodnotě LOB.

Hodnoty LOB představují frekvenci naměřenou u standardních vzorků divokého typu. Hodnoty LOD představují nejnižší signál (naměřenou frekvenci), který lze pro danou mutaci považovat za pozitivní.

Mutace CTG → CGG v kodonu 858

U mutace CTG → CGG v kodonu 858 mělo měření vzorků s nejnižšími úrovněmi mutací negaussovské rozdělení. LOD se proto stanovovalo jinou metodou na základě doporučení CLSI podle pokynu EP17-A. Nejnižší signál, který určuje přítomnost mutace (LOD) v těchto polohách, byl dán jako 2 % jednotek nad úroveň příslušné základní úrovně definované 95. percentilem ze slepých měření. Při analýze vzorku s úrovní mutace 5,5 % vykazovalo 95 % výsledků (n = 72) signál, který lze považovat za pozitivní (\geq LOD, tj. \geq 2,6 % jednotek).

Tabulka 9. LOB a LOD určené pro specifické mutace

Mutace	Substituce aminokyseliny	LOB (% jednotek)	LOD (% jednotek)	COSMIC ID* (V47)
Delece exonu 19				
2233del15	K745_E749del	0,6	1,6	26038
2235_2248>AATTC	E746_A750>IP	0,8	1,6	13550
2235_2252>AAT	E746_T751>I	1,1	2,8	13551
2235del15 [†]	E746_A750del	0,9	1,8	6223
2236del15 [†]	E746_A750del	0,2	1,2	6225
2237_2252>T	E746_T751>V	0,8	2,4	12386
2237_2255>T [†]	E746_S752>V	0,6	1,6	12384
2237del15 [†]	E746_T751>A	0,9	1,9	12678
2237del18	E746_S752>A	0,5	1,7	12367
2238_2248>GC	L747_A750>P	0,8	2,5	12422
2238_2252>GCA	L747_T751>Q	0,2	0,6	12419
2238del18	E746_S752>D	0,3	1,1	6220
2239_2248>C [†]	L747_A750>P	1,8	2,5	12382
2239_2251>C	L747_T751>P	0,6	1,7	12383
2239_2258>CA	L747_P753>Q	1,3	3,9	12387
2239del18 [†]	L747_S752del	0,6	1,5	6255
2239del9	L747_E749del	2,0	3,7	6218
2240del12	L747_T751>S	0,4	1,5	6210
2240del15 [†]	L747_T751del	0,9	1,9	12369
2240del18 [†]	L747_P753>S	0,9	1,9	12370

* Podle Katalogu somatických mutací při nádorových onemocněních (COSMIC, Catalogue of Somatic Mutations in Cancer) dostupného online na stránkách Sangerova ústavu www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic/.

[†] Hodnoty LOD byly pro tyto delece v exonu 19 stanoveny přidáním šesti standardních deviací měření slepého vzorku k hodnotě LOB.

Tabulka pokračuje na další straně.

Tabulka 9. Pokračování

Mutace	Substituce aminokyseliny	LOB (% jednotek)	LOD (% jednotek)	COSMIC ID* (V47)
Exon 18, kodon 719 (GGC)				
AGC	G719S	0,9	1,5	6252
TGC	G719C	1,0	1,6	6253
GCC	G719A	4,7	9,1	6239
Exon 20, kodon 768 (AGC)				
ATC	S768I	2,6	5,0	6241
Exon 20, kodon 790 (ACG)				
ATG	T790M	7,0	10,7	6240
Exon 21, kodon 858 (CTG)				
CGG	L858R	0,6	2,6 (5,5) [†]	6224
Exon 21, kodon 861 (CTG)				
CAG	L861Q	3,2	4,3	6213
CGG	L861R	1,9	4,2	12374

* Podle Katalogu somatických mutací při nádorových onemocněních (COSMIC, Catalogue of Somatic Mutations in Cancer) dostupného online na stránkách Sangerova ústavu www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic.

[†] Nejnižší úroveň mutace ve vzorku, která vede k naměření frekvence \geq LOD.

Poznámka: Tyto hodnoty vycházely z běhů, kde směsi plasmidů nesou divoký typ nebo kde byly příslušné mutované sekvence použity jako vzor při amplifikaci PCR.

Poznámka: Je doporučeno funkčnost metody potvrdit v laboratoři.

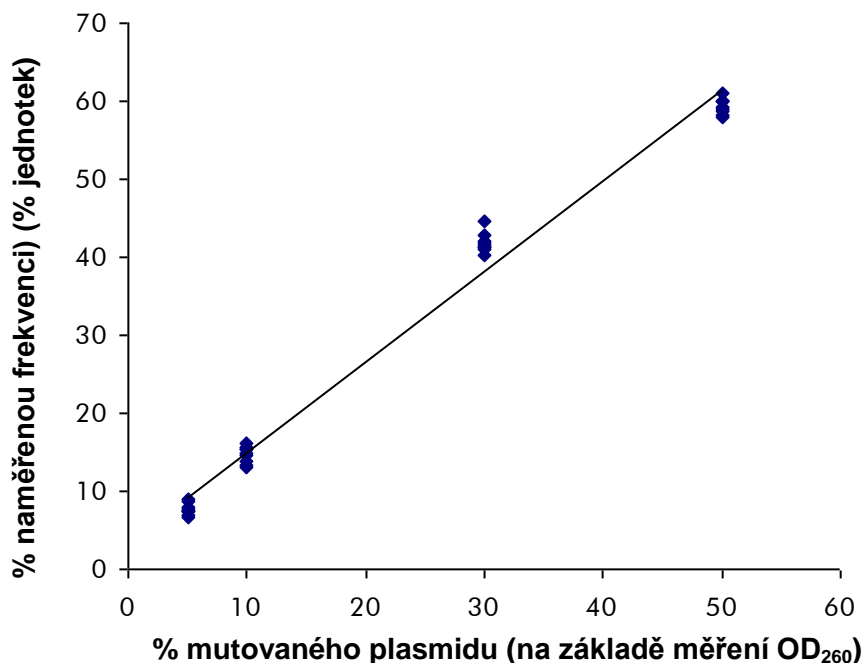
Linearita

Linearita byla stanovena použitím směsi plazmidů nesoucí divoký typ nebo mutované sekvence mutací GGC>AGC, kodon 719, ACG>ATG v kodonu 790, CTG>CGG v kodonu 858 a delecí 2235del15 a 2236del15 v exonu 19.

Plazmidy byly smíchány v poměrech tak, aby poskytly čtyři úrovně mutací (5, 10, 30 a 50 %). Každá směs byla analyzována třemi různými šaržemi soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit ve třech běžích pyrosekvenování, každý se třemi opakováními.

Výsledky (n = 9 pro každou úroveň výskytu mutací) byly analyzovány podle pokynu CLSI EP6-A “Evaluation of the linearity of quantitative measurement procedures: a statistical approach; approved guideline” (Hodnocení linearity kvantitativních měřících postupů: statistická metoda; schválené pokyny) pomocí softwaru Analyse-it® v2.21 a pro delecí 2235del15 v exonu 19 jsou zobrazeny na obrázku 15.

Výsledky byly lineární v rámci povolené nelinearity 5 % jednotek v testovaném rozmezí 5 až 50 % úrovní výskytu mutací. Podobné výsledky byly naměřeny i pro mutace GGC>AGC v kodonu 719, ACG>ATG v kodonu 790, CTG>CGG v kodonu 858 a delecí 2236del15 v exonu 19.



Obrázek 15. Linearita delecce 2235del15 v exonu 19.

Přesnost

Tyto údaje o přesnosti umožňují stanovení celkové variability analýz a byly získány třikrát opakovanými analýzami výše uvedených směsí plazmidů na třech různých úrovních.

Opakovatelnost (variabilita v rámci analýzy a mezi dávkami) byla vypočítána na základě dat sloužících ke stanovení linearity (tři běhy ve stejný den s různými šaržemi soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit). Střední přesnost (variabilita v rámci laboratoře) byla stanovena ve třech bězích v jedné laboratoři ve třech různých dnech s různými operátory, nástroji PyroMark Q24 a šaržemi soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit. Reprodukovatelnost (mezilaboratorní variabilita) byla vypočítána ze dvou běhů, jeden v interní a druhý v externí laboratoři, a při použití různých šarží soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit.

Odhady přesnosti jsou vyjádřeny jako směrodatná odchylka naměřených frekvencí mutace v % jednotkách (tabulka 10). Opakovatelnost, střední přesnost a reprodukovatelnost pro delecii 2235del15 v exonu 19 byla postupně 0,8 – 1,2; 0,7 – 2,9 a 0,7 – 1,8 % jednotek v měřeném rozsahu 5 až 50 % úrovně výskytu mutace. Podobné výsledky byly naměřeny i pro mutace GGC>AGC v kodonu 719, ACG>ATG v kodonu 790, CTG>CGG v kodonu 858 a delecii 2236del15 v exonu 19.

Tabulka 10. Přesnost u delecie 2235del15 v exonu 19*

% mutovaného plasmidu [†]	Opakovatelnost		Střední přesnost		Reprodukovatelnost	
	Průměr	SD	Průměr	SD	Průměr	SD
5	7,7	0,8	7,4	0,7	7,4	0,7
10	14,7	1,1	14,5	1,3	14,4	1,1
30	41,8	1,2	40,0	2,0	41,5	1,7
50	59,4	1,0	58,2	2,9	60,7	1,8

* Všechny hodnoty jsou dány jako % jednotky. SD: směrodatná odchylka (n = 9).

[†] Na základě měření OD₂₆₀.

Diagnostické vyhodnocení

Souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit byla hodnocena porovnáním se sekvenováním Sangerovou metodou a se soupravou *therascreen* EGFR RGQ Kit. DNA byla extrahována ze 100 vzorků tkáně nemalobuněčného plicního karcinomu NSCLC (Non-Small Cell Lung Cancer) fixovaných formalinem zalitých v parafinu (FFPE) a analyzovaných na mutace v kodonech 719, 768, 790 a 858 až 861 a delecii a komplexní mutace v exonu 19.

DNA byla izolována pomocí soupravy QIAamp DNA FFPE Tissue Kit. Analýzy byly provedeny soupravou *therascreen* EGFR Pyro Kit na systému PyroMark Q24 se soupravou *therascreen* EGFR RGQ Kit na přístroji Rotor Gene-Q 5plex HRM series II a sekvenování Sangerovou metodou bylo provedeno analyzátořem ABI®3130 Genetic Analyzer.

Ze 100 analyzovaných vzorků může být stav mutací všech kodonů a exonu 19 určen u 97 vzorků všemi třemi metodami. U dvou vzorků nebylo možné určit stav mutací kodonu 768 pyrosekvenováním a u jednoho vzorku selhaly na většině kodonů všechny tři metody, což ukazuje, že kvalita DNA byla na provedení amplifikace příliš nízká.

Mutace T790M způsobující rezistenci byla u jednoho vzorku detekována všemi třemi metodami, přičemž mutace L861Q byla u jednoho vzorku detekována pouze pyrosekvenováním. Delece třináct, dvanáct a šestnáct a komplexní mutace v exonu 19 byly v daném pořadí detekovány pyrosekvenováním, přístrojem Rotor-Gene Q a sekvenováním Sangerovou metodou. Tři z delecí exonu 19 detekovaných sekvenováním Sangerovou metodou nebylo možné reprodukovat současně pyrosekvenováním i analýzou přístrojem Rotor-Gene Q. Mutace L858R byla detekována u tří vzorků všemi třemi metodami, u dvou vzorků pyrosekvenováním a některou z dalších metod, u jednoho vzorku pouze pyrosekvenováním a u jednoho vzorku pouze analýzou přístrojem Rotor-Gene Q. Výsledky jsou uvedeny v tabulkách 11 až 14.

V kodonech 719 a 768 nebyly ve 100 vzorcích detekovány žádné mutace žádnou z těchto tří metod.

S výjimkou vzorků, které selhaly v jedné či více metodách, prokázaly souprava *therascreen* EGFR Pyro Kit a sekvenování Sangerovou metodou 100%, 98%, 99% a 97% shodu ve výsledcích u kodonů 790, 858, 861 a exonu 19 v uvedeném pořadí, přičemž soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit a *therascreen* EGFR RGQ Kit prokázaly 100%, 97%, 99% a 99% shodu ve výsledcích u kodonů 790, 858, 861 a exonu 19 v uvedeném pořadí (tabulky 11 až 14).

Tabulka 11. Výsledky analyzovaných vzorků tumorů NSCLC na kodonu 790

		Sekvenování Sangerovou metodou			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	1	0	1	2
	Divoký typ	0	98	0	98
	Neznámý	0	0	0	0
	Celkem	1	98	1	100
		Souprava <i>therascreen</i> EGFR RGQ Kit			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	1	0	1	2
	Divoký typ	0	98	0	98
	Neznámý	0	0	0	0
	Celkem	1	98	1	100

Tabulka 12. Výsledky analyzovaných vzorků tumorů NSCLC na kodonu 858

		Sekvenování Sangerovou metodou			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	4	2	0	6
	Divoký typ	0	93	0	93
	Neznámý	0	0	1	1
	Celkem	4	95	1	100
		Souprava <i>therascreen</i> EGFR RGQ Kit			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	4	2	0	6
	Divoký typ	1	92	0	93
	Neznámý	0	1	0	1
	Celkem	5	95	0	100

Tabulka 13. Výsledky analyzovaných vzorků tumorů NSCLC na kodonu 861

		Sekvenování Sangerovou metodou			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	0	1	0	1
	Divoký typ	0	98	0	98
	Neznámý	0	1	0	1
	Celkem	0	100	0	100
		Souprava <i>therascreen</i> EGFR RGQ Kit			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	0	1	0	1
	Divoký typ	0	98	0	98
	Neznámý	0	0	1	1
	Celkem	0	99	1	100

Tabulka 14. Výsledky analyzovaných vzorků tumorů NSCLC na exonu 19

		Sekvenování Sangerovou metodou			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	13	0	0	13
	Divoký typ	3	84	0	87
	Neznámý	0	0	0	0
	Celkem	16	84	0	100
		Souprava <i>therascreen</i> EGFR RGQ Kit			
		Mutant	Divoký typ	Neznámý	Celkem
Souprava <i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit	Mutant	12	1	0	13
	Divoký typ	0	86	1	87
	Neznámý	0	0	0	0
	Celkem	12	87	1	100















Poznámka: Ve všech bězích použitých k determinaci výkonnostních charakteristik signál převyšoval 20 RLU u analýzy kodonu 768 a 30 RLU u zbývajících čtyř analýz při běžné analýze 10 ng DNA izolované z tkání fixovaných formalinem zalitých v parafinu (FFPE). Pyrosekvenační data byla analyzována pomocí modulu EGFR Plug-in Report.

Odkazy

Společnost QIAGEN udržuje velkou aktuální online databázi vědeckých publikací využívajících produkty QIAGEN. Přehledné možnosti vyhledávání umožňují najít požadované články jednoduchým hledáním podle klíčových slov nebo určením aplikace, oblasti výzkumu, názvu atd.

Kompletní seznam odkazů na literaturu najdete v online referenční databázi QIAGEN na stránkách www.qiagen.com/RefDB/search.asp nebo se můžete obrátit na technické služby společnosti QIAGEN či místního dodavatele.

Symbols

 Σ <N>	Obsahuje činidla pro <N> testů
	Datum použitelnosti
	Diagnostický zdravotnický prostředek in vitro
	Katalogové číslo
	Číslo šarže
	Číslo materiálu
	Součásti
	Obsahuje
	Číslo
	Hydroxid sodný
	Mezinárodní číslo obchodní položky GTIN
	Teplotní omezení
	Výrobce
	Viz návod k použití

Kontaktní údaje

Technickou pomoc a další informace si vyhledejte v našem centru technické podpory na stránkách www.qiagen.com/Support nebo se obraťte telefonicky na některé z technických servisních oddělení společnosti QIAGEN nebo místního distributora (viz zadní strana obálky) nebo navštivte stránky www.qiagen.com.

Dodatek A: Nastavení pyrosekvenační analýzy *therascreen* EGFR Pyro

Pokud byl nainstalován modul EGFR Plugin Report, jsou v prohlížeči zkratk software PyroMark Q24 ve složce „Example Files/PyroMark Setups/EGFR“ k dispozici předem definovaná nastavení analýz pro kodony 719, 768, 790 a 858 až 861 a delece exonu 19. Následující kroky není nutné provádět. Modul EGFR Plug-in Report lze obdržet e-mailem po objednání na adrese pyro.plugin@qiagen.com.

Důrazně se doporučuje používat raději modul EGFR Plug-in Report než manuální analýzu. Komplexní mutace nelze do analyzované sekvence přidat ručně, je nutné je analyzovat pomocí modulu plug-in. Po instalaci modulu plug-in nebo po každé instalaci nového softwaru či jeho aktualizaci v počítači by mělo být správné fungování modulu plug-in ověřeno, jak je popsáno v příručce k modulu plug-in EGFR (EGFR Plug-In Quick Guide).

Pokud nemáte nainstalovaný modul EGFR Plug-in Report, je nutné před prvním spuštěním analýzy *therascreen* EGRF Pyro nastavit soubor analýzy ručně. Analýzu EGFR kodonu 719, kodonu 768, kodonu 790, kodonů 858–861 a delecí exonu 19 nastavte pomocí softwaru PyroMark Q24, jak je popsáno níže.

Postup

EGFR kodon 719

A1. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a vyberte možnost „New AQ Assay“ (Nová AQ analýza).

A2. Do pole „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) zadejte následující sekvenci.

DGCTCCGGTGC

Poznámka: Nejčastější mutace kodonu 719 se bude detekovat u nukleotidu 2155 prostřednictvím dané analyzované sekvence.

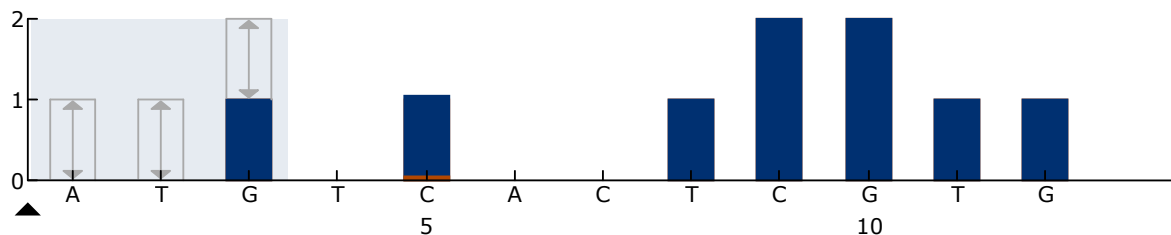
Po provedení analýzy mutací v nukleotidu 2156 lze analyzovanou sekvenci změnit. Chcete-li analyzovat přítomnost mutace u nukleotidu 2156, změňte analyzovanou sekvenci na následující:

GSCTCCGGTGC

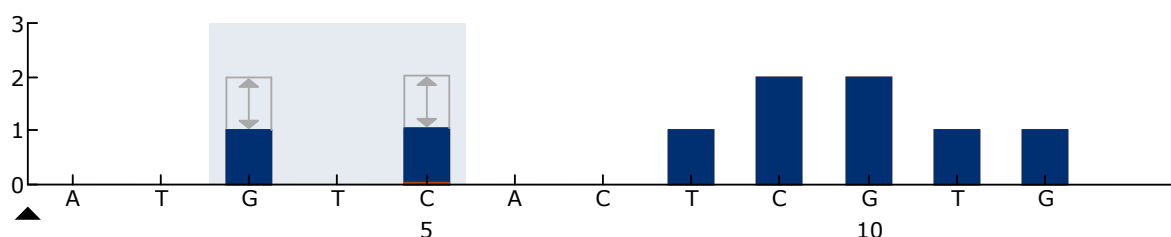
Poznámka: Zkontrolujte, zda je prahová hodnota výšky samostatného píku nastavena na 30 RLU. Dále se přesvědčte, zda jsou výšky sloupců histogramu nastaveny správně (viz pokyny níže).

A3. Ručně zadejte následující „Dispensation Order“ (Pořadí přidávání nukleotidů):


ATGTCACTCGTG




Obrázek 16. Histogram kodonu 719 (nukleotid 2155) s analyzovanou sekvencí *DGCTCCGGTGC*. Červeným obdélníkem na dolní straně sloupce u přidání nukleotidů C5 je znázorněno nastavení výšek sloupců histogramur.

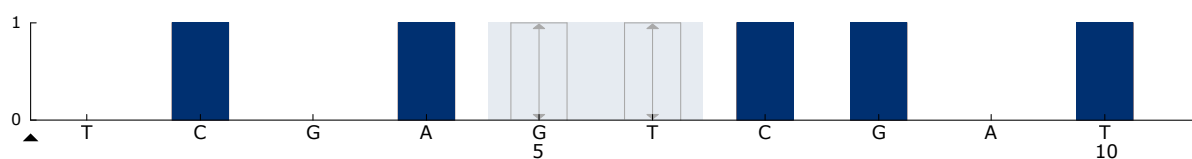


Obrázek 17. Histogram kodonu 719 (nukleotid 2156) s analyzovanou sekvencí *G SCTCCGGTGC*. Červeným obdélníkem na dolní straně sloupce u přidání nukleotidů C5 je znázorněno nastavení výšek sloupců histogramur.

- A4. Klikněte na kartu „Analysis Parameters“ (Parametry analýzy) a u položky „Peak Height Threshold – Required peak height for Passed quality:“ (Prahová hodnota výšky píku – požadovaná výška píku pro uznání kvality výsledku:) zvyšte hodnotu na 30.**
- A5. Přesuňte v histogramu ukazatel myši na horní konec sloupce u přidání nukleotidů C5 a klikněte při stisknutí klávese „Ctrl“. Objeví se malé okno se zobrazenou výchozí výškou sloupce histogramu (1,00). Zvyšte úroveň analyzované sekvence *DGCTCCGGTGC* na hodnotu 1,04 a analyzované sekvence *G SCTCCGGTGC* na hodnotu 2,04.**
- A6. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a uložte analýzu jako „EGFR kodon 719“.**

EGFR kodon 768

- A1. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a vyberte možnost „New AQ Assay“ (Nová AQ analýza).**
- A2. Do pole „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) zadejte následující sekvenci.
*CAKCGTG***
- A3. Ručně zadejte následující „Dispensation Order“ (Pořadí přidávání nukleotidů).
*TCGAGTCGAT***



Obrázek 18. Histogram kodonu 768 (nukleotid 2303) s analyzovanou sekvencí **CAKCGTG**.

A4. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a uložte analýzu jako „**EGFR kodon 768**“.

EGFR kodon 790

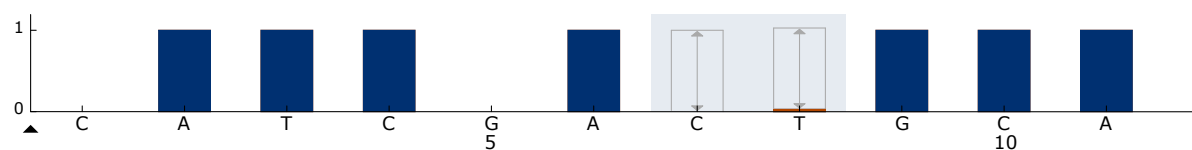
A1. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a vyberte možnost „New AQ Assay“ (Nová AQ analýza).

A2. Do pole „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) zadejte následující sekvenci:

ATCAYGCAG

A3. Ručně zadejte následující „Dispensation Order“ (Pořadí přidávání nukleotidů).


CATCGACTGCA



Obrázek 19. Histogram kodonu 790 (nukleotid 2369) s analyzovanou sekvencí **ATCAYGCAG**. Červeným obdélníkem na dolní straně sloupce u přidání nukleotidů T8 je znázorněno nastavení výšek sloupců histogramu.

A4. Klikněte na kartu „Analysis Parameters“ (Parametry analýzy) a u položky „Peak Height Threshold – Required peak height for Passed quality:“ (Prahová hodnota výšky píku – požadovaná výška píku pro uznání kvality výsledku:) zvyšte hodnotu na 30.

A5. Přesuňte v histogramu ukazatel myši na horní konec sloupce u přidání nukleotidů T8 a klikněte při stisknutí klávese „Ctrl“. Objeví se malé okno se zobrazenou výchozí výškou sloupce histogramu (1,00). Zvyšte úroveň na hodnotu 1,03.

A6. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a uložte analýzu jako „**EGFR kodon 790**“.

EGFR kodony 858–861

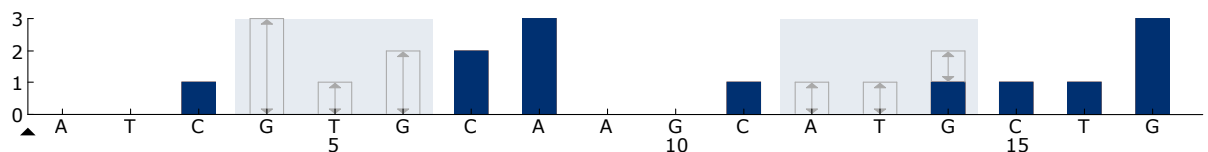
A1. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a vyberte možnost „New AQ Assay“ (Nová AQ analýza).

A2. Do pole „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) zadejte následující sekvenci:

CKGGCCAAACDGCTGGGT

A3. Ručně zadejte následující „Dispensation Order“ (Pořadí přidávání nukleotidů).

ATCGTGCAAGCATGCTG



Obrázek 20. Histogram kodonů 858–861 s analyzovanou sekvencí **CKGGCCAAACDGCTGGGT**.

A4. Klikněte na kartu „Analysis Parameters“ (Parametry analýzy) a u položky „Peak Height Threshold – Required peak height for Passed quality:“ (Prahová hodnota výšky píku – požadovaná výška píku pro uznání kvality výsledku:) zvyšte hodnotu na 30.

A5. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a uložte analýzu jako „EGFR codons 858–861“.

EGFR exon 19 del

A1. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a vyberte možnost „New AQ Assay“ (Nová AQ analýza).

A2. Do pole „Sequence to Analyze“ (Analyzovaná sekvence) zadejte následující sekvenci.

TATCAA[GGAATTAAGAGAAGC]AACATCTCCGAAAGCCAACAAGGA

Nejčastější delece v exonu 19 je 2235del15. Chcete-li provést analýzu dalších delecí, je nutné vždy změnit analyzovanou sekvenci podle definované delecce.

Použití sekvence divokého typu:

**TATCAAGGAATTAAGAGAAGCAACATCTCCGAAAGCCAACAAGGAA
ATCCTCGAT**

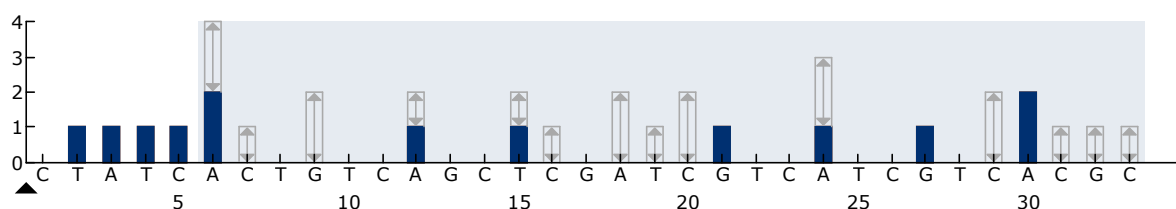
a na začátek a konec delecce vložte hranaté závorky.

U druhé nejčastější delecce v exonu 19 (2236del15) změňte analyzovanou sekvenci na:

TATCAAG[GAATTAAGAGAAGCA]ACATCTCCGAAAGCCAACAAGGA

A3. Ručně zadejte následující „Dispensation Order“ (Pořadí přidávání nukleotidů).

CTATCACTGTCAGCTCGATCGTCATCGTCAACGC




Obrázek 21. Histogram pro exon 19 del.

A4. Klikněte na kartu „Analysis Parameters“ (Parametry analýzy) a u položky „Peak Height Threshold – Required peak height for Passed quality:“ (Prahová hodnota výšky píku – požadovaná výška píku pro uznání kvality výsledku:) zvyšte hodnotu na 30.

A5. Na panelu nástrojů klikněte na tlačítko  a uložte analýzu jako „EGFR exon 19 del“.

Příloha B: Vyprázdnění zásobníku a vaniček s odpadními tekutinami

UPOZORNĚNÍ	Nebezpečné chemické látky
	<p>Denaturační roztok používaný ve vakuové stanici obsahuje hydroxid sodný, který dráždí oči a pokožku.</p> <p>Vždy používejte ochranné brýle, rukavice a laboratorní oděv.</p> <p>Zodpovědný orgán (například vedoucí laboratoře) musí přijmout nutná bezpečnostní opatření, která zajistí, že okolní pracoviště je bezpečné a pracovníci obsluhující přístroje nejsou vystaveni nebezpečným úrovním toxických látek (chemických či biologických) dle údajů v příslušných bezpečnostních listech (SDS) nebo dokumentech OSHA*, ACGIH† nebo COSHH‡.</p> <p>Odvětrání výparů a likvidace odpadních látek musí být v souladu s národními, státními a místními zdravotnickými a bezpečnostními předpisy.</p>

* OSHA: Occupational Safety and Health Administration (Úřad pro ochranu zdraví a bezpečnosti při práci) (USA)

† ACGIH: American Conference of Government Industrial Hygienists (Americká konference státních průmyslových hygieniků) (USA)

‡ COSHH: Control of Substances Hazardous to Health (Kontrola látek škodlivých zdraví)(Spojené království)

Při likvidaci laboratorního odpadu zajistěte dodržování státních a místních předpisů o ochraně životního prostředí.

Důležitý bod před zahájením

- Tento protokol vyžaduje použití vysoce čištěné vody (Milli-Q 18,2 MΩ x cm, www.millipore.com, nebo ekvivalent).

Postup

- B1. Zkontrolujte, že do vakuové hlavice není zavedeno vakuum. Ujistěte se, že přívod vakua je zavřený (Off) a vakuová pumpa je vypnutá.**
- B2. Zlikvidujte všechny roztoky, které zbyly ve vaničkách.**
- B3. Vypláchněte vaničky vysoce čištěnou vodou, v případě potřeby je vyměňte.**
- B4. Vyprázdněte zásobník s odpadními tekutinami.**
Poznámka: Víčko lze odejmout bez nutnosti odpojení hadiček.
- B5. Je-li nutné vakuovou stanici vyčistit (například kvůli prachu nebo potřísnění tekutinami), postupujte dle pokynů v příručce pro uživatele systému PyroMark Q24.**

Informace pro objednávky

Výrobek	Obsah	Kat. č.
<i>therascreen</i> EGFR Pyro Kit (24)	Pro 24 reakcí na systémech PyroMark Q24: Seq primery, PCR primery, nemetylovaná kontrolní DNA, PCR master mix PyroMark, koncentrát CoralLoad, vazebný pufr PyroMark, hybridizační pufr PyroMark, denaturační roztok PyroMark, promývací pufr PyroMark, směs enzymů, směs substrátů, nukleotidy dATP, dCTP, dGTP a dTTP a H ₂ O	971480
PyroMark Q24 MDx	Detekční platforma na sekvenačním základě pro paralelní pyrosekvenování 24 vzorků	9001513
PyroMark Q24	Detekční platforma na sekvenačním základě pro paralelní pyrosekvenování 24 vzorků	9001514
PyroMark Q24 MDx Vacuum Workstation*	Vakuová stanice (220 V) pro paralelní přípravu 24 vzorků jednořetězcové DNA z PCR produktu	9001517* 9001515†
PyroMark Q24 Vacuum Workstation	Vakuová stanice (220 V) pro paralelní přípravu 24 vzorků jednořetězcové DNA z PCR produktu	9001518
PyroMark Q24 MDx Software	Aplikační software	9019063
PyroMark Q24 Software	Software pro analýzu	9019062
Příslušenství		
PyroMark Q24 Plate (100)	24jamkové reakční destičky na sekvenování	979301
PyroMark Q24 Cartridge (3)	Kazety na přidávání nukleotidů a činidel	979302
PyroMark Vacuum Prep Filter Probe (100)	Opakovaně použitelné sondy s filtrem k vakuové stanici PyroMark Q96 a Q24	979010

* Pouze ve Spojeném království.

† Ostatní státy.

Výrobek	Obsah	Kat. č.
PyroMark Control Oligo	Kontroly pro ověření systému při instalaci	979303
PyroMark Q24 Validation Oligo	Kontroly pro ověření výkonu systému	979304
Související produkty		
QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (50)	Souprava na přípravu 50 vzorků DNA: 50 kolonek QIAamp MinElute [®] , proteináza K, pufr, sběrné zkumavky (2 ml)	56404
EZ1 DNA Tissue Kit (48)	Souprava pro přípravu 48 vzorků: kazety na činidla (tkáňová), jednorázové špičky s filtrem, jednorázové držáky špiček, zkumavky na odběr vzorků (2 ml), eluční zkumavky (1,5 ml), pufr G2, proteináza K	953034
QIAamp DSP DNA Blood Mini Kit	Souprava pro přípravu 50 vzorků: odstředovací kolonky QIAamp, pufr, činidla, zkumavky, přípojky na vakuum	61104

Aktuální licenční informace a právní doložky specifické pro produkty viz příslušný manuál soupravy QIAGEN nebo uživatelská příručka. Manuály souprav QIAGEN a uživatelské příručky jsou k dispozici na stránkách www.qiagen.com nebo si je lze vyžádat od technických služeb společnosti QIAGEN nebo místního distributora.

Tato stránka je úmyslně ponechána prázdná

Ochranné známky: QIAGEN®, QIAamp®, QIAxcel®, BioRobot®, CoralLoad®, EZ1®, HotStarTaq®, MinElute®, Pyro®, Pyrogram®, PyroMark®, Pyrosequencing®, *therascreen*® (QIAGEN Group); ABI™ (Life Technologies Corporation); Analyse-it® (Analyse-it Software, Ltd.); Milli-Q® (Millipore Corporation); Sepharose® (GE Healthcare); Variomag (Florida Scientific Services, Inc); Windows® (Microsoft Corporation).

Ujednání o omezené licenci

Používáním tohoto produktu vyjadřuje kterýkoliv kupující nebo uživatel soupravy *therascreen* EGFR Pyro Kit svůj souhlas s následujícími podmínkami:

1. Soupravu *therascreen* EGFR Pyro Kit lze používat pouze v souladu s pokyny uvedenými v *příručce k soupravě* *therascreen BRAF Pyro Kit* a pouze se součástmi, které souprava obsahuje. Společnost QIAGEN neposkytuje žádnou licenci svých duševních práv k používání nebo začlenění součástí, které obsaženy v této soupravě, společně s kterýmikoliv součástmi, které nejsou v této soupravě obsaženy, s výjimkou případů popsaných v *příručce k soupravě* *therascreen EGFR Pyro Kit* a dalších protokolech dostupných na stránkách www.qiagen.com.
2. Společnost QIAGEN neposkytuje jiné než výslovně uvedené licence a neposkytuje žádné záruky, že daná souprava či její užívání neporušuje práva třetích stran.
3. Tato souprava a její součásti jsou licencovány jen k jednorázovému použití a je zakázáno je znovu používat, renovovat nebo znovu prodávat.
4. Společnost QIAGEN výslovně odmítá jakékoli jiné licence, výslovné nebo předpokládané, než ty, které jsou zde výslovně uvedeny.
5. Kupující a uživatel soupravy se zavazuje, že nepodnikne a ani jiné osobě nedovolí podniknout jakékoliv kroky, které by mohly umožnit kterýkoliv čin zakázaný výše. Společnost QIAGEN může prosazovat zákazy tohoto ujednání o omezené licenci u kteréhokoliv soudu, a bude vyžadovat kompenzaci za veškeré náklady vynaložené na vyšetřování a soudní výlohy včetně poplatků za právní zástupce v případě jakéhokoliv soudního sporu s cílem prosadit toto ujednání o omezené licenci nebo kteréhokoliv ze svých práv k duševnímu vlastnictví v souvislosti se soupravou nebo jejími součástmi.

Aktualizované licenční podmínky viz www.qiagen.com.

© 2015 QIAGEN, všechna práva vyhrazena.

www.qiagen.com

Australia ■ Orders 1-800-243-800 ■ Fax 03-9840-9888 ■ Technical 1-800-243-066

Austria ■ Orders 0800-28-10-10 ■ Fax 0800-28-10-19 ■ Technical 0800-28-10-11

Belgium ■ Orders 0800-79612 ■ Fax 0800-79611 ■ Technical 0800-79556

Brazil ■ Orders 0800-557779 ■ Fax 55-11-5079-4001 ■ Technical 0800-557779

Canada ■ Orders 800-572-9613 ■ Fax 800-713-5951 ■ Technical 800-DNA-PREP (800-362-7737)

China ■ Orders 86-21-3865-3865 ■ Fax 86-21-3865-3965 ■ Technical 800-988-0325

Denmark ■ Orders 80-885945 ■ Fax 80-885944 ■ Technical 80-885942

Finland ■ Orders 0800-914416 ■ Fax 0800-914415 ■ Technical 0800-914413

France ■ Orders 01-60-920-926 ■ Fax 01-60-920-925 ■ Technical 01-60-920-930 ■ Offers 01-60-920-928

Germany ■ Orders 02103-29-12000 ■ Fax 02103-29-22000 ■ Technical 02103-29-12400

Hong Kong ■ Orders 800 933 965 ■ Fax 800 930 439 ■ Technical 800 930 425

Ireland ■ Orders 1800 555 049 ■ Fax 1800 555 048 ■ Technical 1800 555 061

Italy ■ Orders 800-789-544 ■ Fax 02-334304-826 ■ Technical 800-787980

Japan ■ Telephone 03-6890-7300 ■ Fax 03-5547-0818 ■ Technical 03-6890-7300

Korea (South) ■ Orders 080-000-7146 ■ Fax 02-2626-5703 ■ Technical 080-000-7145

Luxembourg ■ Orders 8002-2076 ■ Fax 8002-2073 ■ Technical 8002-2067

Mexico ■ Orders 01-800-7742-639 ■ Fax 01-800-1122-330 ■ Technical 01-800-7742-436

The Netherlands ■ Orders 0800-0229592 ■ Fax 0800-0229593 ■ Technical 0800-0229602

Norway ■ Orders 800-18859 ■ Fax 800-18817 ■ Technical 800-18712

Singapore ■ Orders 1800-742-4362 ■ Fax 65-6854-8184 ■ Technical 1800-742-4368

Spain ■ Orders 91-630-7050 ■ Fax 91-630-5145 ■ Technical 91-630-7050

Sweden ■ Orders 020-790282 ■ Fax 020-790582 ■ Technical 020-798328

Switzerland ■ Orders 055-254-22-11 ■ Fax 055-254-22-13 ■ Technical 055-254-22-12

UK ■ Orders 01293-422-911 ■ Fax 01293-422-922 ■ Technical 01293-422-999

USA ■ Orders 800-426-8157 ■ Fax 800-718-2056 ■ Technical 800-DNA-PREP (800-362-7737)

