

NGS solide tumoren

Beschrijving van de test

Naam:	NGS solide tumoren
Synoniemen:	NGS, Ampliseq, Next generation Sequencing, DNA, AKT1, ALK, APC, AR, ARID1A, ATM, BAP1, BRAF, BRCA1, BRCA2, CCND1, CDH1, CDK4, CDK6, CDKN2A, CDKN2B, CTNNB1, DDR2, DICER1, DPYD, EGFR, ERBB2, ERBB3, ERBB4, ESR1, FBXW7, FGFR1, FGFR2, FGFR3, FGFR4, FOXL2, GATA3, GNA11, GNAQ, GNAS, H3F3A, H3F3B, HIST1H3B, HIST1H3C, HNF1A, HRAS, IDH1, IDH2, JAK1, JAK2, JAK3, KEAP1, KIT, KRAS, MAP2K1, MAP2K2, MDM2, MET, MTOR, MYC, MYCN, NF1, NRAS, NTRK1, NTRK2, NTRK3, PALB2, PDGFRA, PDGFRB, PIK3CA, PIK3R1, POLE, PTEN, RAF1, RB1, RET, RNF43, ROS1, SMAD4, SMARCA4, SMARCB1, SMO, STK11, TERT, TP53, UGT1A1
Intern codenummer:	5757 GIST panel, 5758 Hersenpanel, 5759 Borst panel, 5761 Long panel, 5762 Melanoom/atypisch pigmentcelletsel panel, 5763 Colon panel, 5755 Sarcoom panel, 5784 Maag panel, 5785 Ovarium panel, 5786 Endometrium panel, 5787 Pancreas panel, 5788 Prostaat panel, 5789 schildklier panel, 5796 Blaas panel, 5807 Vulva panel, 5809 Speekselklier panel, 5808 Nier panel, 5802 Integraal panel,
Frequentie:	2x per week
Uitvoerend labo:	Campus Rumbeke
Antwoordtijd (TAT):	10 dagen
Accreditatie:	AZ Delta is geaccrediteerd door BELAC onder certificaatnummer 382-MED.
Verantwoordelijk bioloog:	Barbara Depreter

Afname van het materiaal

Voorkeur materiaal:	staal voor moleculair onderzoek
Toegelaten materiaal:	paraffine ingebed weefsel
Commentaar:	Moleculaire testen kunnen op verschillende materialen uitgevoerd worden. Zie afnameprocedure.
Volume:	15 coupes van 10µm

Aanvraagformulier:	Aanvraagformulieren
Afnameinstructies:	Afname instructies
Bijaanvraag/stabiliteit:	7 dagen

Analyse

Analysemethode: CMD-PCR Rumbeke
Domein: Next Generation Sequencing
Bijkomende informatie: Sequencing wordt uitgevoerd op een Illumina MiSeq of NextSeq 500/550dx systeem met een amplicon-gebaseerde methode (Ampliseq for Illumina custom DNA panel) en is in staat genafwijkingen (puntmutaties en kleine indels) te detecteren met een gevoeligheid van 3% in een panel van 81 genen. Een minimaal tumor percentage van 10% en een minimale coverage van 300x zijn vereist voor een conclusief resultaat indien geen mutaties worden gevonden. High level amplificaties (copy number variations; fold change ≥ 5) worden opgespoord in een subset van 36 genen.

Voor sommige carcinomen wordt standaard gerapporteerd of ze microsatelliet stabiel (MSS) of instabiel (MSI) zijn. De data analyse gebeurt door middel van het mSINGS script zoals beschreven door Salipante et al (Clin Chem. 2014 Sep;60(9):1192-9) en is betrouwbaar bij stalen met een tumorcelpercentage van minstens 30% en een coverage die voldoet aan de vooropgestelde criteria.

Voor meer informatie mbt de gebruikte methode, data-analyse, een gedetailleerde lijst van de tumor-specifieke genpanels, gebruikte referentiesequenties: zie http://www.labo-roeselare.be/NL/I/Teksfiches_bijzondere_analyses.

Met deze techniek kan geen onderscheid gemaakt worden tussen verworven en aangeboren varianten.

Bio-informatische analyse en klinische interpretatie van de niet-standaard gerapporteerde genen is mogelijk op verzoek.

Laatst gewijzigd op

03-12-2025

Emmanuel De Laere