



OnTARGET NGS Panel

Στοχεύοντας στην κλινικά
χρήσιμη πληροφορία



KARYO
MOLECULAR DIAGNOSTICS LABORATORY

OnTARGET NGS Panel

- Το On Target αναπτύχθηκε για παράλληλη και στοχευμένη αλληλούχιση γενετικών παραλλαγών σε περισσότερα από 30 καρκινικά γονίδια οδηγούς (συμπεριλαμβανομένων των πρόσφατα αναφερθέντων NTRK1-3, FGFR1-3), σε μία μόνο εξέταση.
- ▶ Επιτρέπει την ανίχνευση μεταλλάξεων (SNV / InDel), συντήξεων (Fusions) και γονιδιακών ενισχύσεων (CNV) από τον κύβο παραφίνης (FFPE) με όριο ανίχνευσης το 2%.
 - ▶ Η εκτίμηση της μικροδορυφορικής αστάθειας (MSI) γίνεται ταυτόχρονα, χωρίς την ανάγκη σύγκρισης με φυσιολογικό ιστό.

” Από την πολυπλοκότητα της μοριακής βιολογίας σε κλινικά χρήσιμα αποτελέσματα “



■ Αποτελέσματα Επικύρωσης

Η επικύρωση του ελέγχου έγινε με τη χρήση κλινικών δειγμάτων, εμπορικά διαθέσιμων πρότυπων αναφοράς, κυτταρικών σειρών και εσωτερικών δειγμάτων αναφοράς.

Η ακρίβεια και ειδικότητα του ελέγχου ανήλθε στο 100%, με όριο ανίχνευσης το 2%.

Η εκτίμηση της συχνότητας αλληλίου ήταν σε συμφωνία με το προκαθορισμένο αποτέλεσμα σε εμπορικά πρότυπα αναφοράς.

Πρότυπο Αναφοράς	Γονίδιο	Μετάλλαξη	Αποτέλεσμα	
			Προκαθαρισμένο Συχνότητα αλληλίου (%) ή Αριθμός Αντιγράφων	On Target Συχνότητα αλληλίου (%) ή Αριθμός Αντιγράφων
GW-OGTM003	EGFR	c.2573T>G:p.L858R	5.1%	5.08%
		c.2369C>T:p.T790M	5.1%	5.92%
		c.2235_2249del15:p.E746_A750del	5.1%	4.71%
		c.2155G>A:p.G719S	21.8%	24.88%
	PIK3CA	c.1633G>A:p.E545K	5.0%	5.46%
		c.3140A>G:p.H1047R	22.0%	21.04%
		c.35G>A:p.G12D	5.0%	5.69%
	KRAS	c.38G>A:p.G13D	5.0%	5.61%
		c.436G>A:p.A146T	5.0%	4.50%
		c.1799T>A:p.V600E	29.3%	27.63%
GW-OGTM001	EGFR	c.181C>A:p.Q61K	5.0%	5.86%
		c.2235_2249del15:p.E746_A750del	5.0%	4.88%
	PIK3CA	c.2308_2309ins9:p_V769_D770insASV	5.0%	5.95%
		c.1633G>A:p_E545K	5.0%	5.12%
	AKT1	c.49G>A:p_E17K	5.0%	7.89%
	MET	Ενίσχυση	3.5 αντίγραφα	3.4 αντίγραφα
	ERBB2	Ενίσχυση	7.0 αντίγραφα	7.2 αντίγραφα

Το OnTarget έχει σχεδιαστεί για εφαρμογή στην προσωποποιημένη ιατρική και επικεντρώνεται σε εγκεκριμένους και αναδυόμενους προβλεπτικούς βιοδείκτες για τους συμπαγείς όγκους.

Γονίδιο	SNV InDel	Fusion	CNV
AKT1	●		
ALK	●	●	
BRAF	●		
CTNNB1	●		
DDR2	●		
EGFR	●		
ERBB2	●		●
FGFR1	●	●	
FGFR2	●	●	
FGFR3	●	●	
FGFR4	●		
HRAS	●		
IDH1	●		
IDH2	●		
KEAP1	●		
KIT	●		
KRAS	●		
MAP2K1	●		
MET			●
MSH6	●		
NRAS	●		
NRG1		●	
NTRK1		●	
NTRK2		●	
NTRK3		●	
PDGFRA	●		
PIK3CA	●		
POLE	●		
PTEN	●		
RB1	●		
RET	●	●	
RICTOR			●
ROS1	●	●	
SMAD4	●		
STK11	●		
TP53	●		



■ Χαρακτηριστικά ■

Ευελιξία

Ανιχνεύει:
SNV/InDel/Fusion/CNV/MSI

Ακρίβεια

100% ακρίβεια με όριο ανίχνευσης στο 2% χάρη στη διόρθωση λαθών με τεχνολογία UID

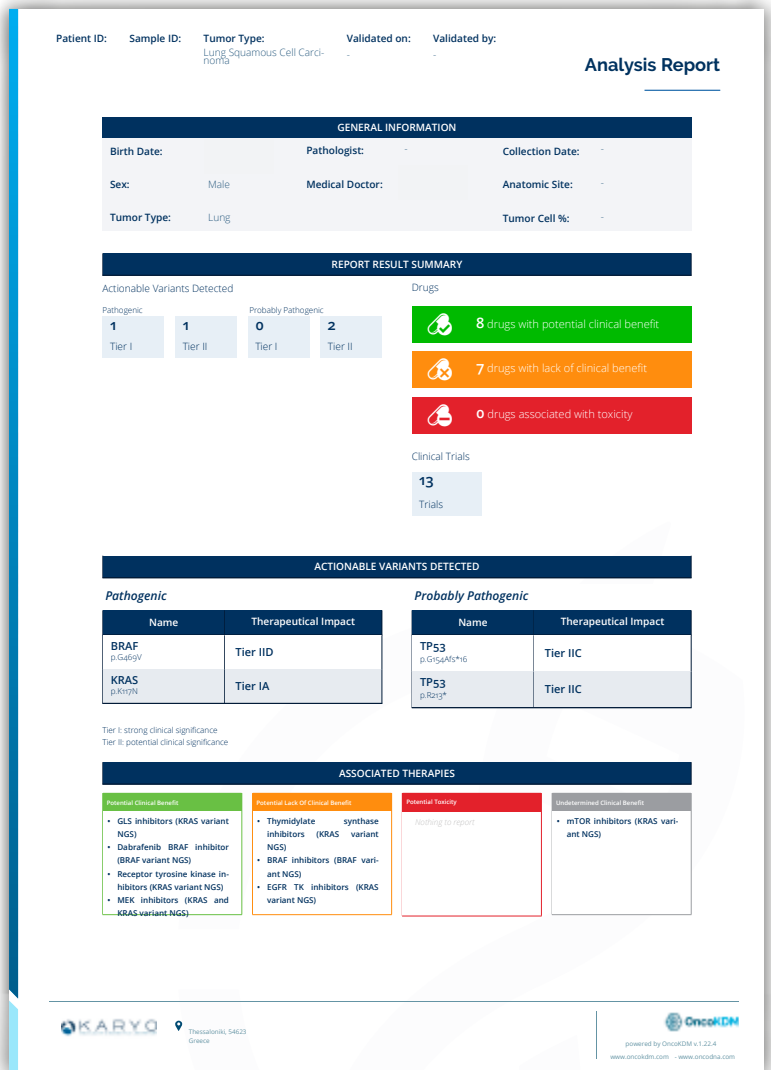
Χρησιμότητα

Επικέντρωση σε γονίδια που αφορούν σε εγκεκριμένες θεραπείες

Ένα από τα μεγαλύτερα προβλήματα που έχει να αντιμετωπίσει η προσωποποιημένη ιατρική είναι η μετατροπή των πολύπλοκων δεδομένων που προκύπτουν από την αλληλούχιση νέας γενιάς σε μία κατανοητή και κλινικά αξιοποιήσιμη αναφορά αποτελέσματος.

Τα αποτελέσματα του On Target, με τη χρήση των πιο προηγμένων εργαλείων βιοπληροφορικής, απευθύνονται με σαφή και περιεκτικό τρόπο σε ασθενείς και θεράποντες ιατρούς.

” Μετατρέποντας
τα εργαστηριακά
ευρήματα σε
κατανοητό
αποτέλεσμα “



Εξειδίκευση στην ογκολογία

- Επωφεληθείτε από την πολύχρονη εμπειρία στην ερμηνεία ογκολογικών δεδομένων.
- Κατηγοριοποίηση των γενετικών παραλλαγών ανάλογα με την κλινική τους σημασία (Επίπεδο I, II ή III).
- Εκτίμηση και των ενδοκυττάρων μονοπατιών.

Φαρμακογενωμική

- Αναφορά των εγκεκριμένων φαρμάκων σύμφωνα με τα γενετικά ευρήματα.

Καθοδηγούμενοι από τη γνώση

- Η βάση δεδομένων της OncoKDM εμπλουτίζεται συνεχώς με βελτιωμένους αλγόριθμους από εξειδικευμένους επιστήμονες. Έως σήμερα, περιλαμβάνει δεδομένα για περισσότερες από 1.000.000 γενετικές παραλλαγές, 750 σχετιζόμενα φαρμακευτικά σκευάσματα από περισσότερες από 5.000 επιστημονικές δημοσιεύσεις.

Αποτέλεσμα προσαρμοσμένο στις ανάγκες του ιατρού και του ασθενή

- Δυνατότητα παραμετροποίησης των πεδίων που εμφανίζονται στην αναφορά. Ο ιατρός μπορεί να επισκοπήσει το σύνολο της πληροφορίας στην ηλεκτρονική πλατφόρμα.

Ολοκληρωμένη θεώρηση μέσα από τη σύνθεση δεδομένων

- Δεδομένα NGS (SNV, InDel, CNV, LOH).
- Δεδομένα έκφρασης πρωτεϊνών και μεθυλίωσης (IHC).
- Ενσωμάτωση πληροφορίας από ανάλυση MSI και TMB.
- Συνεκτίμηση δεδομένων γονιδιακής μετάθεσης.

Ειδικά χαρακτηριστικά

- Ανοσοδιάγραμμα για την πρόβλεψη απάντησης στην ανοσοθεραπεία.
- Ένδειξη για τις γενετικές παραλλαγές που μπορούν να επιτύχουν όριο ανίχνευσης έως και 1% με ασφάλεια.

