

Instructions d'utilisation

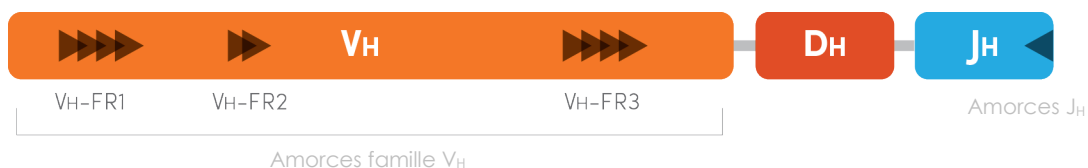


LymphoTrack® Dx IGH (FR1/FR2/FR3) Assays – MiSeq™

Destiné à l'identification et au suivi des réarrangements du gène des chaînes lourdes de l'immunoglobuline (IGH) des lymphocytes B à l'aide du séquençage de nouvelle génération (NGS) et du dispositif Illumina® MiSeq.

IVD Ce test est destiné au diagnostic *in vitro*.

Représentation schématique du locus des gènes IGH et des régions charpentes (framework, FR) ciblées :



Conditions de conservation : -85 °C à -65 °C

(Les ADN contrôles peuvent être séparés des kits de test et conservés entre 2 °C et 8 °C.)

| N° de référence | Produits | Quantité |
|---------------------|--|---|
| REF 91210009 | LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210039 | LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210089 | LymphoTrack Dx IGH FR2 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210099 | LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210109 | LymphoTrack Dx IGH FR3 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210119 | LymphoTrack Dx IGH FR3 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 réactions chacun |
| REF 91210129 | LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay Kit A – MiSeq | 8 index par région FR – 5 réactions chacun |
| REF 91210139 | LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay Panel – MiSeq | 24 index par région FR – 5 réactions chacun |

Table des matières

| | | |
|------------|---|-----------|
| 1. | UTILISATION PREVUE | 3 |
| 2. | RESUME ET EXPLICATION DU TEST | 3 |
| 2.1. | Contexte | 3 |
| 2.2. | Résumé | 4 |
| 3. | PRINCIPES DE LA PROCEDURE..... | 5 |
| 3.1. | Amplification en chaîne par polymérase (PCR) | 5 |
| 3.2. | Purification des amplicons | 5 |
| 3.3. | Quantification des amplicons | 5 |
| 3.4. | Séquençage de nouvelle génération (NGS)..... | 5 |
| 3.5. | Multiplexage des amplicons | 6 |
| 3.6. | Évaluation de l'hypermutation somatique (HMS) d'IGHV | 6 |
| 4. | REACTIFS..... | 7 |
| 4.1. | Composants | 7 |
| 4.2. | Mises en garde et précautions..... | 11 |
| 4.3. | Conservation et manipulation | 11 |
| 5. | INSTRUMENTS | 12 |
| 5.1. | Thermocycleur | 12 |
| 5.2. | Support magnétique | 12 |
| 5.3. | Instrument de PCR en temps réel | 12 |
| 5.4. | Instrument Illumina MiSeq Dx* | 12 |
| 6. | PRELEVEMENT ET PREPARATION DES ECHANTILLONS | 13 |
| 6.1. | Précautions | 13 |
| 6.2. | Substances interférentes | 13 |
| 6.3. | Conditions de prélèvement et manipulation | 13 |
| 6.4. | Conservation des échantillons | 13 |
| 7. | PROCEDURE DE TEST | 14 |
| 7.1. | Matériel fourni..... | 14 |
| 7.2. | Matériel nécessaire (mais non fourni) | 14 |
| 7.3. | Préparation des réactifs..... | 15 |
| 7.4. | Amplification..... | 15 |
| 7.5. | Purification avec AMPure XP | 16 |
| 7.6. | Quantification des amplicons | 18 |
| 7.7. | Groupement et quantification de la bibliothèque | 19 |
| 7.8. | Dilution de la bibliothèque poolée | 19 |
| 7.9. | Configuration de la qPCR pour la quantification de la bibliothèque | 19 |
| 7.10. | Préparation de la bibliothèque pour le séquençage MiSeq | 19 |
| 7.11. | Chargement de la Flow Cell MiSeq | 21 |
| 7.12. | Configuration de la feuille d'échantillons MiSeq | 21 |
| 7.13. | Démarrage de la réaction MiSeq | 22 |
| 8. | ANALYSE DES DONNEES..... | 22 |
| 9. | VALEURS ATTENDUES | 22 |
| 10. | LIMITES DE LA PROCEDURE..... | 23 |
| 11. | INTERPRETATION ET RAPPORTS | 23 |
| 12. | DONNEES DE L'ECHANTILLON..... | 27 |
| 13. | CARACTERISTIQUES DE PERFORMANCE | 28 |
| 14. | GUIDE DE DEPANNAGE..... | 30 |
| 15. | SUPPORT TECHNIQUE ET SERVICE CLIENT..... | 31 |
| 16. | BIBLIOGRAPHIE | 31 |
| 17. | SYMBOLES..... | 31 |
| 18. | INFORMATIONS LEGALES | 32 |
| 19. | LYMPHOTrack Dx IGH FR1/FR2/FR3 ASSAY – MiSeq : GUIDE ABRÉGÉ..... | 33 |
| 20. | ANNEXE A : CREATION D'UNE BIBLIOTHEQUE DE SEQUENÇAGE AVEC DES CIBLES NGS MULTIPLES | 34 |

1. Utilisation prévue

Utilisation prévue (LymphoTrack Dx *IGH* FR1 – Assay MiSeq)

Le test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 Assay pour le dispositif Illumina MiSeq est un produit de diagnostic *in vitro* destiné à la détermination de la distribution des fréquences des réarrangements du gène *IGH* reposant sur le séquençage de nouvelle génération (NGS), ainsi qu'à la détermination du degré d'hypermutation somatique des gènes réarrangés chez les patients suspectés d'être atteints d'une pathologie lymphoproliférative. Ce test facilite l'identification de syndromes lymphoprolifératifs et permet ainsi de déterminer le pronostic de la maladie.

Utilisation prévue (LymphoTrack Dx *IGH* FR1/2/3 Assays – MiSeq)

Le test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 Assay pour le dispositif Illumina MiSeq est un produit de diagnostic *in vitro* destiné à la détermination de la distribution des fréquences des réarrangements du gène *IGH* reposant sur le séquençage de nouvelle génération (NGS), ainsi qu'à la détermination du degré d'hypermutation somatique des gènes réarrangés chez les patients suspectés d'être atteints d'une pathologie lymphoproliférative. Ce test facilite l'identification de syndromes lymphoprolifératifs et permet ainsi de déterminer le pronostic de la maladie.

Ce test LymphoTrack Dx *IGH* FR2 Assay est un produit de diagnostic *in vitro* conçu pour le séquençage de nouvelle génération (NGS) avec le dispositif Illumina MiSeq. Il permet de déterminer la distribution des fréquences des réarrangements du gène *IGH* V_H - J_H chez des patients suspectés d'être atteints d'une pathologie lymphoproliférative. Ce test facilite l'identification de syndromes lymphoprolifératifs.

Le test LymphoTrack Dx *IGH* FR3 Assay est un produit de diagnostic *in vitro* conçu pour le séquençage de nouvelle génération (NGS) avec le dispositif Illumina MiSeq. Il permet de déterminer la distribution des fréquences des réarrangements du gène *IGH* V_H - J_H chez des patients suspectés d'être atteints d'une pathologie lymphoproliférative. Ce test facilite l'identification de syndromes lymphoprolifératifs.

Les données provenant des trois régions charpentes sont nécessaires afin de déterminer la preuve de clonalité pour un échantillon.

2. Résumé et explication du test

2.1. Contexte

Le locus du gène des chaînes lourdes des immunoglobulines (*IGH*) sur le chromosome 14 (14q32.3) comporte 46 à 52 segments de gène variables fonctionnels et 30 segments de gène variables non fonctionnels (V_H), 27 segments de gène de diversité fonctionnels (D_H) et 6 segments de gène de jonction (J_H) répartis sur 1 250 kilobases. Les segments de gène V_H contiennent trois régions charpentes (framework, FR) conservées et deux régions variables déterminant la complémentarité (CDR).

Les cellules lymphoïdes diffèrent des autres cellules somatiques de l'organisme ; au cours du développement, les gènes du récepteur antigénique des cellules lymphoïdes subissent des réarrangements somatiques.¹ Ainsi, au cours du développement des lymphocytes B, les gènes codant pour les molécules *IGH* sont assemblés à partir de plusieurs segments de gènes polymorphiques subissant des réarrangements et une sélection, entraînant la formation de combinaisons V_H - D_H - J_H de longueur et de séquence uniques. Dans la mesure où les leucémies et les lymphomes sont dus à la transformation maligne de cellules lymphoïdes individuelles, les cellules leucémiques ou lymphomateuses d'un individu partagent généralement un ou plusieurs réarrangements spécifiques des cellules, ou « clonaux », de gène du récepteur antigénique. Par conséquent, les tests détectant les réarrangements clonaux du gène *IGH* peuvent être utiles à l'étude des tumeurs malignes impliquant les lymphocytes B et T.

En outre, le statut d'hypermutation du gène des régions variables des chaînes lourdes de l'immunoglobuline (*IGHV*) apporte des informations importantes sur le pronostic pour les patients atteints de leucémie lymphoïde chronique (LLC) et de lymphome à petites cellules B (LPCB). La présence d'une hypermutation somatique (HMS) d'*IGHV* est définie comme une différence supérieure ou égale à 2 % par rapport à la séquence du gène V_H de la lignée germinale, alors qu'une différence inférieure à 2 % est considérée comme la preuve de l'absence d'une hypermutation somatique. Le statut d'hypermutation somatique pour le ou les clones est cliniquement significatif pour la LLC-B dans la mesure où on observe une nette différence dans la survie médiane des patients avec et sans hypermutation somatique. L'hypermutation de la région *IGHV* est un facteur fortement prédictif d'un bon pronostic, alors que l'absence de mutation correspond à un pronostic défavorable.²

À l'origine, les réarrangements clonaux ont été identifiés à l'aide des techniques de fragment de restriction et d'hybridation en Southern Blot (RF-SBH). Toutefois, ces tests se sont avérés fastidieux et laborieux, nécessitaient de grandes quantités d'ADN et n'étaient pas appropriés pour l'analyse de la plupart des locus moins diversifiés du récepteur antigénique.

Au cours des dernières décennies, l'utilisation des tests RF-SBH a été remplacée par les tests de clonalité par amplification en chaîne par polymérase (PCR) développés par Alexander Morley³, qui sont considérés comme la méthode de référence à l'heure actuelle. Ces tests PCR identifient la clonalité sur la base de la sur-représentation des réarrangements de gènes $V_H - D_H - J_H$ amplifiés (ou des produits $D_H - J_H$ incomplets) suite à leur séparation par électrophorèse sur gel ou capillaire. Bien qu'ils soient sensibles et adaptés à l'analyse de petites quantités d'ADN, ces tests ne permettent pas de différencier aisément les populations clonales et les réarrangements multiples qui pourraient être à l'origine d'un pic unique, et ils ne sont pas conçus pour identifier la séquence d'ADN $V_H - J_H$ spécifique, nécessaire au suivi des populations clonales dans les analyses ultérieures. Cette deuxième limitation peut être particulièrement importante, car une fois la séquence d'ADN unique spécifique du clone identifiée, la séquence peut être utilisée dans des tests ultérieurs pour suivre les populations clonales.

2.2. Résumé

Les tests LymphoTrack Dx *IGH* (FR1/FR2/FR3) Assays – MiSeq (vendus séparément et par lot) représentent une avancée considérable par rapport aux tests de clonalité existants ayant recours à l'analyse de fragment, dans la mesure où ils détectent efficacement la majorité des réarrangements du gène *IGH* à l'aide d'un unique mélange mère multiplexe et identifient simultanément la séquence d'ADN spécifique à chaque réarrangement de gène clonal. Ces tests comportent donc deux utilisations importantes et complémentaires : ils fournissent des informations essentielles sur l'existence de la clonalité et identifient les informations sur la séquence nécessaires au suivi de ces clones dans les échantillons ultérieurs. Le test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 fournit également des informations détaillées sur la séquence concernant le degré d'HMS.

Chaque mélange mère (master mix) multiplexe cible l'une des régions charpentes conservées (FR1, FR2 ou FR3) du gène *IGH*, au sein des régions V_H et J_H décrites dans les affections lymphoïdes malignes. Le ciblage des trois régions charpentes réduit considérablement le risque de ne pas pouvoir détecter l'existence de la clonalité, car les hypermutations somatiques aux sites de liaison des amorces des segments de gène V_H impliqués peuvent entraver l'amplification de l'ADN.⁴ **Les données provenant des trois régions charpentes sont nécessaires afin de déterminer la preuve de clonalité pour un échantillon.**

Les amorces incluses dans les mélanges mères (master mixes) sont conçues avec des adaptateurs Illumina. Cela permet d'effectuer une PCR à étape unique et le groupement d'amplicons de plusieurs échantillons et cibles différents (générés par d'autres tests LymphoTrack Dx pour l'instrument Illumina MiSeq, vendus séparément) sur une seule Flow Cell MiSeq, ce qui permet d'analyser jusqu'à 24 échantillons par cible en parallèle et en une seule série.

Le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq associé fournit une méthode d'analyse et une visualisation des données simples et rationnelles. En suivant les recommandations fournies à la section 11 : *Interprétation et rapports*, il est possible d'interpréter facilement les résultats de l'échantillon résumés par le logiciel et de déterminer la présence ou l'absence de clonalité et d'hypermutation somatique. **Toujours interpréter les résultats des tests de clonalité moléculaire dans le contexte de données cliniques, histologiques et immunophénotypiques.**

Les contrôles positifs et négatifs pour la clonalité sont inclus dans le kit. Un contrôle positif supplémentaire spécifique à l'hypermutation somatique est facultatif et peut être acheté séparément (REF 40880008).

Remarque : pour obtenir une explication plus détaillée du locus et de la stratégie de séquençage ciblé, reportez-vous à Miller J.E., 2013.⁵

3. Principes de la procédure

3.1. Amplification en chaîne par polymérase (PCR)

Les analyses par PCR sont utilisées en routine pour l'identification de populations clonales de lymphocytes B et T. Ces tests amplifient l'ADN entre les amorces qui ciblent les régions conservées V et J des gènes du récepteur antigénique. Ces amorces ciblent ces régions conservées et s'étendent de part et d'autre d'une zone marquée par des réarrangements génétiques programmés se produisant au cours de la maturation de tous les lymphocytes B et T. Différentes populations de lymphocytes B et T naissent de ces réarrangements génétiques.

Les gènes du récepteur antigénique qui subissent un réarrangement sont ceux des chaînes lourdes de l'immunoglobuline (*IGH*), des locus de chaînes légères (*IGK* et *IGL*) des lymphocytes B, ainsi que les locus des gènes des récepteurs des lymphocytes T (*TRA*, *TRB*, *TRG* et *TRD*). Chaque lymphocyte B et T possède un ou deux réarrangements V–J fonctionnels dont la longueur et la séquence sont uniques. Ainsi, quand l'ADN d'une population normale ou polyclonale est amplifié avec des amorces ADN qui flanquent la région V–J, des amplicons de séquence et de longueur uniques sont générés, lesquels reflètent la population hétérogène. Dans certains cas, en l'absence d'ADN de lymphocyte, aucun amplicon n'est généré. Dans les échantillons contenant des populations clonales d'*IGH*, un ou deux produits amplifiés (amplicons) majeurs, d'une longueur et d'une séquence identiques, sont détectés avec une fréquence significative, sur un fond polyclonal réduit.

3.2. Purification des amplicons

Les amplicons de PCR sont purifiés afin de retirer les amorces en excès, les nucléotides, les sels et les enzymes à l'aide de la technologie d'immobilisation réversible en phase solide (SPRI) au moyen de billes paramagnétiques pour la purification à haut débit d'amplicons de PCR. Grâce à un tampon optimisé, les produits de PCR supérieurs ou égaux à 100 paires de bases (pb) sont liés de manière sélective aux billes paramagnétiques, tandis que les contaminants tels que les amorces en excès, les dimères d'amorces, les sels et les dNTP non incorporés sont éliminés. Les amplicons peuvent alors être élués et séparés des billes paramagnétiques, ce qui permet d'obtenir un produit de PCR d'une pureté supérieure pour l'analyse et la quantification d'amplicons en aval.

3.3. Quantification des amplicons

Les amplicons purifiés sont quantifiés à l'aide des kits de quantification de bibliothèque KAPA™ pour les systèmes Illumina. Les amplicons de PCR purifiés et dilués, ainsi qu'un ensemble de six étalons d'ADN prédilués sont amplifiés à l'aide de méthodes quantitatives (qPCR) qui utilisent le mélange mère (master mix) et les amorces KAPA SYBR® FAST qPCR. Les amorces du kit KAPA ciblent les oligoséquences des adaptateurs de la Flow Cell Illumina P5 et P7.

Le score Ct moyen des étalons d'ADN prédilués est transcrit en \log_{10} afin de générer une courbe de référence qui peut être utilisée pour calculer la concentration (pM) des amplicons de PCR dérivés de l'échantillon d'ADN. Le calcul de la concentration d'amplicons de PCR permet une représentation égale des amplicons dans la bibliothèque commune finale qui est chargée dans le MiSeq pour le séquençage.

3.4. Séquençage de nouvelle génération (NGS)

Les méthodes de séquençage de Sanger sont les plus populaires parmi les technologies de séquençage des acides nucléiques de « première génération ». Les méthodes plus récentes, qui tirent grandement parti des approches de séquençage en parallèle, sont souvent appelées « NGS ». Ces technologies peuvent utiliser diverses stratégies combinées de préparation de la séquence modèle (template), de séquençage, d'imagerie et de bio-informatique pour l'alignement et l'assemblage du génome.

Les technologies NGS utilisées dans ce test reposent sur l'amplification de séquences génétiques utilisant une série d'amorces consensus, sens et antisens comprenant des adaptateurs et des marqueurs d'index. Les amplicons générés avec les mélanges mères (master mixes) LympoTrack Dx sont quantifiés, groupés et chargés dans une Flow Cell pour le séquençage avec la plateforme de séquençage Illumina MiSeq. Plus précisément, les produits amplifiés de la bibliothèque sont hybridés à des oligonucléotides sur une Flow Cell, puis amplifiés pour former des colonies clonales locales (amplification en pont ou bridge amplification). Quatre types de bases de terminateurs réversibles (bases RT) sont ajoutés et le brin d'ADN séquencé est étendu, nucléotide par nucléotide. Pour enregistrer l'incorporation de nucléotides, une caméra CCD réalise un cliché de la lumière émise lorsque chaque base RT est ajoutée, puis clivée pour permettre l'incorporation de la base suivante.

3.5. Multiplexage des amplicons

Ces tests sont conçus pour effectuer deux niveaux différents de multiplexage afin de permettre aux laboratoires de réduire les coûts et de gagner du temps. Le premier niveau de multiplexage provient des index multiples fournis avec les tests. Chacun de ces 24 index agit comme un code-barre unique qui permet aux amplicons d'échantillons individuels d'être regroupés après l'amplification par PCR afin de générer une bibliothèque de séquençage. Les séquences obtenues sont triées par un logiciel de bio-informatique qui identifie celles qui proviennent d'un échantillon en particulier.

Le second niveau de multiplexage provient de la capacité du logiciel fourni à trier les données de séquençage par index et par cible. Cela permet aux amplicons générés avec les amorces cibles (y compris ceux comportant le même index) d'être regroupés pour générer la bibliothèque, puis d'être séquencés sur une seule Flow Cell. Il est notamment possible de séquencer conjointement les produits de différents kits Invivoscribe LymphoTrack Dx Assay pour le dispositif MiSeq, tels que *IGHV* Leader, *IGH* FR1, *IGH* FR2, *IGH* FR3, *IGK*, *TRB* et *TRG*. **Lors du multiplexage des amplicons de différents gènes cibles, il est important d'utiliser la chimie de séquençage appropriée. Le nombre de cycles de séquençage doit être suffisant pour séquencer le plus grand amplicon au cours de l'analyse multiplexe.** Ainsi, lors du multiplexage d'une combinaison d'amplicons des régions *IGH* FR1, *IGH* FR2, *IGH* FR3, *IGK*, *TRB* et *TRG*, utilisez le kit de séquençage MiSeq v2 (500 cycles) jusqu'à 4 cibles ou v3 (600 cycles) jusqu'à 7 cibles. Lors du multiplexage conjoint de l'un ou l'autre de ces amplicons avec *IGHV* Leader, utilisez le kit de séquençage MiSeq v3 (600 cycles). Lors du multiplexage conjoint des amplicons des régions *IGH* FR3 et *TRG* uniquement, qui ont des tailles d'amplicon plus courtes, utilisez les kits de séquençage MiSeq v2 (300 ou 500 cycles) et réglez les paramètres de cycle dans la feuille d'échantillons. Pour plus d'instructions, veuillez vous reporter à Annexe A : Création d'une bibliothèque de séquençage avec des cibles NGS multiples (section 20).

Le nombre d'échantillons pouvant être multiplexés sur une seule Flow Cell dépend également de la Flow Cell utilisée. Les Flow Cells standard d'Illumina (MiSeq v3) peuvent générer 22 à 25 millions de lectures. Afin de déterminer le nombre de lectures par échantillon, divisez le nombre total de lectures de la Flow Cell par le nombre d'échantillons à multiplexer et le nombre de lectures par échantillon sera suffisant pour une interprétation valide. Pour plus d'informations, veuillez vous reporter à la section 11 : *Interprétation et rapports*. Illumina fabrique également d'autres Flow Cells qui utilisent une chimie de séquençage identique, mais génèrent des lectures moins nombreuses. En cas d'utilisation d'autres Flow Cells, il est nécessaire de prendre en compte le fait qu'un nombre de lectures total inférieur correspond à une profondeur inférieure par échantillon ou un nombre d'échantillons inférieur pouvant être analysés sur la Flow Cell afin d'atteindre la même profondeur par échantillon.

3.6. Évaluation de l'hypermutation somatique (HMS) d'*IGHV*

Pour évaluer le taux d'hypermutation somatique de la région *IGHV*, il est possible d'utiliser les mélanges mères (master mixes) LymphoTrack Dx *IGH* FR1. Toutefois, ils ciblent uniquement une portion des régions *IGHV*, car la séquence en amont du site de liaison des amorces n'est pas évaluée. Lors de l'analyse du statut d'hypermutation somatique des échantillons, le logiciel de bio-informatique fournit le taux de mutation basé sur le pourcentage de discordance avec les amplicons clonaux par rapport aux gènes de référence de la lignée germinale ; il prédit si la traduction en protéine s'effectue à l'intérieur ou à l'extérieur du cadre, si les mutations ou les réarrangements de gènes entraînent un codon stop prématuré et indique le pourcentage de couverture du gène V_H pour la région ciblée par le test.

4. Réactifs

4.1. Composants

Tableau 1. Kits disponibles











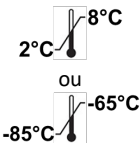



| N° de référence | Description | Nb de mélanges mères indexés | Nombre total de réactions |
|--|--|---|---------------------------|
|  91210009 | LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 séquençages chacun | 40 |
|  91210039 | LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 séquençages chacun | 120 |
|  91210089 | LymphoTrack Dx IGH FR2 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 séquençages chacun | 40 |
|  91210099 | LymphoTrack Dx IGH FR2 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 séquençages chacun | 120 |
|  91210109 | LymphoTrack Dx IGH FR3 Assay Kit A – MiSeq | 8 index – 5 séquençages chacun | 40 |
|  91210119 | LymphoTrack Dx IGH FR3 Assay Panel – MiSeq | 24 index – 5 séquençages chacun | 120 |
|  91210129 | LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay Kit A – MiSeq | (8+8+8) index – 5 séquençages chacun | 40+40+40 |
|  91210139 | LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay Panel – MiSeq | (24+24+24) index – 5 séquençages chacun | 120+120+120 |

Tableau 2. Composants du kit du test LymphoTrack Dx IGH FR1

| Réactif | Composants | Quantité unitaire | 91210009 Nb d'unités | 91210039 Nb d'unités | Température de conservation | Remarques |
|----------------------|---|-------------------|-------------------------|-------------------------|--|--|
| Mélanges mères† | IGH FR1 MiSeq 01 | 250 µl | 1 | 1 |  | S.O. (sans objet) |
| | IGH FR1 MiSeq 02 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 03 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 04 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 05 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 06 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 07 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 08 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 09 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 10 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 11 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 12 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 13 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 14 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 15 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 16 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 18 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 19 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 20 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 21 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 22 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 23 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 25 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR1 MiSeq 27 | | 0 | 1 | | |
| ADN contrôle positif | IGH POS (+)  40880009 | 45 µl | 1 | 3 |  | ADN IGH V1-46_03 / IGH J4_02 dilué dans l'ADN d'amygdale |
| ADN contrôle négatif | NGS NÉG (-)  40920018 | 45 µl | 1 | 3 | | ADN d'amygdale, la fréquence de séquence la plus élevée peut varier d'un lot à l'autre |




Remarque : aucun conservateur n'est utilisé dans la fabrication de ces kits.
†Remarque : les index 17, 24 et 26 ne sont pas utilisés dans ces kits.

Tableau 3.Composants du kit du test LymphoTrack Dx IGH FR2

| Réactifs | Composants | Quantité unitaire | 91210089 Nb d'unités | 91210099 Nb d'unités | Température de conservation | Remarques |
|----------------------|-------------------------------|-------------------|-------------------------|-------------------------|---|--|
| Mélanges mères† | IGH FR2 MiSeq 01 | 250 µl | 1 | 1 |  -85°C -65°C | S.O. (sans objet) |
| | IGH FR2 MiSeq 02 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 03 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 04 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 05 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 06 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 07 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 08 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 09 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 10 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 11 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 12 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 13 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 14 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 15 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 16 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 18 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 19 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 20 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 21 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 22 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 23 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 25 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR2 MiSeq 27 | | 0 | 1 | | |
| ADN contrôle positif | IGH POS (+) (REF 40880009) | 45 µl | 1 | 3 |  2°C -65°C ou | ADN IGH V1-46_03 / IGH J4_02 dilué dans l'ADN d'amygdale |
| ADN contrôle négatif | NGS NÉG (-) (REF 40920018) | 45 µl | 1 | 3 | | ADN d'amygdale, la fréquence de séquence la plus élevée peut varier d'un lot à l'autre |

Remarque : aucun conservateur n'est utilisé dans la fabrication de ces kits.
†Remarque : les index 17, 24 et 26 ne sont pas utilisés dans ces kits.

Tableau 4.Composants du kit du test LymphoTrack Dx IGH FR3

| Réactifs | Composants | Quantité unitaire | 91210109 Nb d'unités | 91210119 Nb d'unités | Température de conservation | Remarques |
|----------------------|-------------------------------|-------------------|-------------------------|-------------------------|---|--|
| Mélanges mères† | IGH FR3 MiSeq 01 | 250 µl | 1 | 1 |  -85°C -65°C | S.O. (sans objet) |
| | IGH FR3 MiSeq 02 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 03 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 04 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 05 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 06 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 07 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 08 | | 1 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 09 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 10 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 11 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 12 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 13 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 14 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 15 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 16 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 18 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 19 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 20 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 21 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 22 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 23 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 25 | | 0 | 1 | | |
| | IGH FR3 MiSeq 27 | | 0 | 1 | | |
| ADN contrôle positif | IGH POS (+) (REF 40880009) | 45 µl | 1 | 3 |  2°C 8°C | ADN IGH V1-46_03 / IGH J4_02 dilué dans l'ADN d'amygdale |
| ADN contrôle négatif | NGS NÉG (-) (REF 40920018) | 45 µl | 1 | 3 | ou  -85°C -65°C | ADN d'amygdale, la fréquence de séquence la plus élevée peut varier d'un lot à l'autre |

Remarque : aucun conservateur n'est utilisé dans la fabrication de ces kits.
†Remarque : les index 17, 24 et 26 ne sont pas utilisés dans ces kits.

Tableau 5.Composants du kit du test LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3

| Mélanges mères FR1 [‡] | Mélanges mères FR2 [‡] | Mélanges mères FR3 [‡] | Quantité unitaire | 91210129 Nb d'unités par FR | 91210139 Nb d'unités par FR |
|---------------------------------|--|---------------------------------|-------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| IGH FR1 MiSeq 01 | IGH FR2 MiSeq 01 | IGH FR3 MiSeq 01 | 250 µl | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 02 | IGH FR2 MiSeq 02 | IGH FR3 MiSeq 02 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 03 | IGH FR2 MiSeq 03 | IGH FR3 MiSeq 03 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 04 | IGH FR2 MiSeq 04 | IGH FR3 MiSeq 04 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 05 | IGH FR2 MiSeq 05 | IGH FR3 MiSeq 05 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 06 | IGH FR2 MiSeq 06 | IGH FR3 MiSeq 06 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 07 | IGH FR2 MiSeq 07 | IGH FR3 MiSeq 07 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 08 | IGH FR2 MiSeq 08 | IGH FR3 MiSeq 08 | | 1 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 09 | IGH FR2 MiSeq 09 | IGH FR3 MiSeq 09 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 10 | IGH FR2 MiSeq 10 | IGH FR3 MiSeq 10 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 11 | IGH FR2 MiSeq 11 | IGH FR3 MiSeq 11 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 12 | IGH FR2 MiSeq 12 | IGH FR3 MiSeq 12 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 13 | IGH FR2 MiSeq 13 | IGH FR3 MiSeq 13 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 14 | IGH FR2 MiSeq 14 | IGH FR3 MiSeq 14 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 15 | IGH FR2 MiSeq 15 | IGH FR3 MiSeq 15 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 16 | IGH FR2 MiSeq 16 | IGH FR3 MiSeq 16 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 18 | IGH FR2 MiSeq 18 | IGH FR3 MiSeq 18 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 19 | IGH FR2 MiSeq 19 | IGH FR3 MiSeq 19 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 20 | IGH FR2 MiSeq 20 | IGH FR3 MiSeq 20 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 21 | IGH FR2 MiSeq 21 | IGH FR3 MiSeq 21 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 22 | IGH FR2 MiSeq 22 | IGH FR3 MiSeq 22 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 23 | IGH FR2 MiSeq 23 | IGH FR3 MiSeq 23 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 25 | IGH FR2 MiSeq 25 | IGH FR3 MiSeq 25 | | 0 | 1 |
| IGH FR1 MiSeq 27 | IGH FR2 MiSeq 27 | IGH FR3 MiSeq 27 | | 0 | 1 |
| ADN contrôle* | Remarques | | Quantité unitaire | 91210129 Nb d'unités | 91210139 Nb d'unités |
| IGH POS (+) (REF 40880009) | ADN IGH V1-46_03 / IGH J4_02 dilué dans l'ADN d'amygdale | | 45 µl | 2 | 6 |
| NGS NÉG (-) (REF 40920018) | ADN d'amygdale, la fréquence de séquence la plus élevée peut varier d'un lot à l'autre | | 45 µl | 2 | 6 |

*Remarque : la température de conservation des mélanges mères (master mixes) est de -85°C à -65°C.

*Remarque : la température de conservation des contrôles est de 2°C à 8°C ou -85°C à -65°C.

Remarque : aucun conservateur n'est utilisé dans la fabrication de ces kits.

4.2. Mises en garde et précautions



Veillez lire attentivement les instructions d'utilisation avant de débiter la procédure de test et suivre attentivement chaque étape.

- **IVD** Ce produit est destiné au diagnostic in vitro.
- Le kit d'analyse forme un système qui doit être utilisé tel quel. Ne pas remplacer les réactifs par ceux d'un autre fabricant. Une dilution, une réduction des réactions d'amplification ou tout autre écart par rapport à ce protocole peut affecter la performance de ce test et/ou annuler toute sous-licence limitée accordée avec l'achat de ce kit.
- Les matériels sont stables jusqu'à la date de péremption figurant sur l'étiquette lorsqu'ils sont conservés et manipulés conformément aux instructions. Ne pas utiliser les kits au-delà de leur date de péremption.
- Le strict respect du protocole garantit une performance ainsi qu'une reproductibilité optimales. Veiller à utiliser les programmes de thermocycleur adéquats, les autres programmes pouvant donner des résultats imprécis/faussés, comme des faux positifs et des faux négatifs.
- Ne pas mélanger ou combiner les réactifs de kits comportant des numéros de lots différents.
- Éliminer les réactifs non utilisés et les déchets conformément à la réglementation en vigueur dans votre pays.
- Réaliser toutes les procédures de laboratoire avec un équipement de protection individuelle standard (gants, blouse et lunettes de protection). Suivre les bonnes pratiques de laboratoire et les précautions universelles lors de la manipulation des échantillons. Ne pas pipeter à la bouche. Ne pas manger, boire ou fumer dans le laboratoire. Se laver soigneusement les mains après manipulations des échantillons et des réactifs de test. Manipuler les échantillons dans des installations de confinement de sécurité biologique approuvées et ouvrir les récipients uniquement dans une enceinte de sécurité biologique certifiée.
- Utiliser de l'eau de qualité « biologie moléculaire » pour la préparation de l'échantillon d'ADN.
- En raison de la sensibilité analytique de ce test, prendre de très grandes précautions pour éviter la contamination des réactifs ou des mélanges d'amplification avec des échantillons, des contrôles ou des matériels amplifiés. Utiliser de nouvelles pointes de pipette à filtre entre les échantillons et entre chaque transfert de réactifs. Contrôler attentivement tous les réactifs pour détecter tout signe de contamination (p. ex., contrôles négatifs donnant des signaux positifs). Jeter les réactifs suspectés d'être contaminés.
- Afin de minimiser la contamination, porter des gants propres lors de la manipulation des échantillons et des réactifs et nettoyer fréquemment les plans de travail et les pipettes avant de réaliser la PCR.
- La progression du travail doit toujours se faire en sens unique entre des zones de travail séparées dans le laboratoire réalisant la PCR : commencer par la préparation des mélanges mères (master mixes), suivie de la préparation des échantillons, puis de l'amplification et terminer par la détection. L'autoclavage n'élimine pas l'ADN issu d'une contamination. N'introduire aucun ADN amplifié dans les zones réservées à la préparation des mélanges mères (master mixes) ou des échantillons.
- Réserver toutes les pipettes et les pointes de pipette, ainsi que tout le matériel utilisé dans une zone particulière à cette zone du laboratoire.
- Décontaminer les articles non jetables avec une solution contenant de l'eau de Javel à 10 % et les rincer à l'eau distillée à deux reprises avant de les replacer dans les zones où ils sont initialement utilisés.
- Utiliser du matériel plastique jetable et stérile dans la mesure du possible pour éviter une contamination.

4.3. Conservation et manipulation

- Si le kit de test n'est pas utilisé immédiatement, il doit être conservé entre **-85°C et -65°C**.
- La température de conservation optimale des ADN contrôles est de 2 à 8 °C, mais l'ADN peut également être conservé entre -85°C et -65°C.
- Tous les réactifs et les contrôles doivent être décongelés et agités ou mélangés soigneusement avant utilisation pour une remise en suspension complète.
- En raison de la concentration élevée en sel, les mélanges mères (master mixes) de PCR sont sensibles aux cycles de congélation/décongélation. Le nombre de cycles doit être limité à quatre maximum.

Pour toute question, veuillez contacter le personnel technique d'Invivoscribe. Nous vous aiderons volontiers à déterminer vos conditions de conservation optimales.

5. Instruments

Les instruments énumérés ci-après sont recommandés sur la base de méthodes utilisées pour valider le test.

5.1. Thermocycleur

- Utilisation ou fonction : amplification d'échantillons d'ADN
- Instrument suggéré : thermocycleur Veriti™ Dx ou équivalent
- Caractéristiques de performance et spécifications :
 - Plage de température minimale : 15°C à 96°C
 - Vitesse minimale de montée de la température : 0,8°C/s
- Suivre les procédures d'installation, d'utilisation, d'étalonnage et de maintenance du fabricant.
- Voir la section 7.4 : *Amplification* pour le programme du thermocycleur.

5.2. Support magnétique

- Utilisation ou fonction : purification des produits PCR
- Instrument suggéré :
 - Ambion® Magnetic Stand 96* (REF AM10027)
 - Agencourt SPRIPlate® 96 Ring Super Magnet Plate* (REF A32782) ou
 - Thermo Fisher Scientific DynaMag™-96 Side Skirted Magnet* (REF 12027) ou équivalent
- Caractéristiques de performance et spécifications :
 - Précipité de billes paramagnétiques
- Voir la section 7.5 : *Purification avec AMPure XP* pour les méthodes de purification des produits de PCR.

5.3. Instrument de PCR en temps réel

- Utilisation ou fonction : quantification des produits PCR
- Instrument suggéré : instrument de PCR en temps réel Applied Biosystems® 7500 Fast Dx ou équivalent
- Caractéristiques de performance et spécifications :
 - Détection des longueurs d'ondes vertes SYBR
- Suivre les procédures d'installation, d'utilisation, d'étalonnage et de maintenance du fabricant.
- Voir la section 7.6 : *Quantification des amplicons* pour le programme de PCR en temps réel.

5.4. Instrument Illumina MiSeq Dx*

- Utilisation ou fonction : séquençage de bibliothèque d'ADN normalisée
- Caractéristiques de performance et spécifications :
 - Compatible avec le kit de réactifs MiSeq v2*
 - Compatible avec le kit de réactifs MiSeq v3* en cas de multiplexage
- Suivre les procédures d'installation, d'utilisation, d'étalonnage et de maintenance du fabricant.
- Voir les sections 7.11 *Chargement de la Flow Cell MiSeq*, 7.12 *Configuration de la feuille d'échantillons MiSeq* et 7.13 *Démarrage de la réaction MiSeq*.

*Mise en garde : ces produits ne comportent pas le marquage CE.

6. Prélèvement et préparation des échantillons

6.1. Précautions

Les échantillons biologiques humains peuvent contenir des matériels potentiellement infectieux. Manipuler conformément au programme de contrôle des pathogènes transmissibles par le sang de votre établissement et/ou au Niveau 2 de sécurité biologique.

6.2. Substances interférentes

Les substances suivantes peuvent interférer avec la PCR :

- Chélateurs de cations divalents
- Pointes de pipette à faible rétention
- EDTA (non significatif à faible concentration)
- Héparine

6.3. Conditions de prélèvement et manipulation

- La quantité ajoutée minimale est de 50 ng d'ADN de haute qualité (5 µl d'échantillon d'ADN à la concentration minimale de 10 ng/µl).
- Ce test analyse l'ADN génomique extrait et purifié. L'ADN doit être quantifié au moyen d'une méthode spécifique à l'ADN double brin (ADNdb) et être dépourvu d'inhibiteurs de PCR.
- Remettre en suspension l'ADN dans une solution appropriée telle qu'un tampon TE dilué au 1/10 (1 mM Tris-HCl, 0,1 mM EDTA, pH 8,0, préparée dans de l'eau de qualité biologie moléculaire) ou dans de l'eau de qualité biologie moléculaire seule.

6.4. Conservation des échantillons

Conserver les échantillons à l'aide d'une méthode prévenant la dégradation de l'ADN.

7. Procédure de test

7.1. Matériel fourni

Voir le Tableau 2 – Tableau 5 pour le matériel fourni.

7.2. Matériel nécessaire (mais non fourni)

Tableau 6. Matériel nécessaire (mais non fourni)

| Réactif/Matériel | Réactifs nécessaires ou recommandés/fournisseurs | N° de référence | Remarques |
|---|---|--|--|
| ADN polymérase | Roche : <ul style="list-style-type: none"> ADN polymérase EagleTaq™ ou Invivoscribe : <ul style="list-style-type: none"> ADN Polymérase FalconTaq ou équivalent | 05206944190 ou 60970130 | 5 U/μl |
| Eau de qualité biologie moléculaire | S.O. (sans objet) | S.O. | Exempte de toute DNase/RNase |
| Pipettes étalonnées | S.O. | S.O. | Précision requise pour mesurer des volumes allant de 0,2 à 1 000 μl. |
| Plaques ou tubes PCR | S.O. | S.O. | Exempts de DNase/RNase/inhibiteur de PCR |
| Pointes de pipette à filtre | S.O. | S.O. | Stériles, exemptes de RNase/DNase/pyrogène |
| Tubes microcentrifuges | S.O. | S.O. | Stériles |
| Kit de purification de produits de PCR | Beckman Coulter, Inc : <ul style="list-style-type: none"> Agencourt AMPure XP | A63880 | S.O. |
| Purification de produits PCR | Thermo Fisher Scientific : <ul style="list-style-type: none"> Ambion Magnetic Stand 96 DynaMag-96 Side Skirted Magnet ou Beckman Coulter : <ul style="list-style-type: none"> Agencourt SPRI Plate 96, Ring Super Magnet Plate ou équivalent | AM10027 12027 ou A32782 | S.O. |
| Quantification des amplicons et de la bibliothèque | KAPA Biosystems : <ul style="list-style-type: none"> Kit de quantification de la bibliothèque KAPA – Illumina | KK4824 | S.O. |
| Analyse MiSeq | Illumina : <ul style="list-style-type: none"> Kit de réactifs MiSeq Reagent v2 500 cycles) ou v3 (600 cycles) lors du multiplexage Lors du séquençage d'IGH FR3 uniquement : kits de réactifs MiSeq v2 (300 cycles) ou v2 (500 cycles). | MS-102-2003 ou MS-102-3003 MS-102-2002 ou MS-102-2003 | Flow Cell standard |
| Logiciel MiSeq | <ul style="list-style-type: none"> Logiciel de commande MiSeq v2.6 ou logiciel plus récent Local Run Manager v2.0 ou logiciel plus récent | S.O. | S.O. |
| Tampon de dilution A | S.O. | S.O. | Préparer une solution de 10 mM de Tris-HCl, pH 8,0 + Tween 20 à 0,05 % |

7.3. Préparation des réactifs

Afin de garantir que les échantillons d'ADN ne contiennent pas d'inhibiteur de la PCR et qu'ils sont de qualité adéquate et en quantité suffisante pour générer des résultats fiables, les échantillons peuvent être analysés avec le mélange mère (master mix) Specimen Control Size Ladder d'Invivoscribe ([REF](#) 20960021 pour la détection par ABI ou [REF](#) 20960020 pour la détection sur gel). Le Specimen Control Size Ladder cible différents gènes et génère une série d'amplicons 100, 200, 300, 400 et 600 pb; la taille peut varier de +/- 5 points de base en raison des différences de norme de taille et/ou d'instrument. La vérification de l'intégrité de l'ADN est particulièrement importante pour les échantillons difficiles, *p.ex.*, le tissu fixé au formol et inclus dans la paraffine (FFIP).

Toujours utiliser les contrôles positifs et négatifs pour vérifier que l'analyse a été réalisée correctement.

Toujours utiliser un contrôle négatif sans ADN (no template control, NTC) pour rechercher une éventuelle contamination au cours du processus de préparation de la PCR.

- 7.3.1. Enfiler des gants et retirer les mélanges mères (master mixes) du congélateur. Laisser les tubes décongeler complètement, puis vortexer doucement pour mélanger et terminer par une centrifugation très brève.
- 7.3.2. Sous une hotte de confinement, pipeter 45 µl de chaque mélange mère (master mix) dans une plaque PCR propre (un puits pour chaque mélange mère (master mix) et un mélange mère (master mix) par échantillon).
 - Inclure deux contrôles dans chaque analyse (un positif et un négatif) ainsi qu'un NTC.
 - Pour le NTC, utiliser de l'eau de qualité biologie moléculaire comme modèle à la place de l'ADN.
- 7.3.3. Ajouter 0,2 µl d'ADN polymérase Taq (à 5 U/µl) dans chaque puits contenant les mélanges mères (master mixes) aliquotés.
- 7.3.4. Ajouter 5 µl d'échantillon d'ADN (à la concentration minimale de 10 ng/µl), d'ADN contrôle ou d'eau de qualité biologie moléculaire (NTC) respectivement dans chacun des puits individuels contenant les réactions de mélange mère (master mix).
 - Aspirer et expulser 5 à 10 fois avec la pipette pour mélanger.
 - Sceller la plaque et la placer dans le thermocycleur pour PCR.

Tableau 7. Mise au point de la réaction

| Réactif | Volume |
|-----------------------------|----------------|
| Mélange mère | 45 µl |
| ADN polymérase Taq | 0,2 µl |
| Échantillon ou ADN contrôle | 5 µl |
| Volume total | 50,2 µl |

7.4. Amplification

- 7.4.1. Amplifier les échantillons en utilisant le programme PCR du Tableau 8.

Lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez-vous reporter à l'Annexe A (section 20) pour d'autres conditions de thermocyclage de LymphoTrack Dx Assay – MiSeq.

Tableau 8. Programme PCR

| Étape | Température | Durée | Cycle |
|-------|-------------|-------------|-------|
| 1 | 95°C | 7 minutes | 1 |
| 2 | 95°C | 45 secondes | 29x |
| 3 | 60°C | 45 secondes | |
| 4 | 72°C | 90 secondes | |
| 5 | 72°C | 10 minutes | 1 |
| 6 | 15°C | ∞ | 1 |

Remarque : définissez la température du couvercle sur 105 °C et le volume de réaction sur 50 µl.

- 7.4.2. Retirer la plaque d'amplification du thermocycleur. Si les étapes suivantes ne sont pas immédiatement effectuées, conserver les produits de PCR amplifiés à 4 °C pendant 1 jour.

7.5. Purification avec AMPure XP

La purification des produits de PCR à partir des échantillons, des contrôles positifs et négatifs et des contrôles sans ADN a été réalisée au cours de la validation du test à l'aide du système de purification de produits de PCR Agencourt AMPure XP.

Préparation :

- 7.5.1. Retirer le réactif AMPure XP de son lieu de conservation et le laisser atteindre la température ambiante avant utilisation. Agiter doucement le flacon Agencourt AMPure XP pour remettre en suspension toutes les particules magnétiques ayant pu se déposer.

Lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez-vous reporter à l'Annexe A (section 20 pour les volumes de réactif AMPure XP utilisés dans d'autres produits de PCR LymphoTrack Dx Assay – MiSeq).

- 7.5.2. Transférer le volume approprié de réactif Agencourt AMPure XP nécessaire à la plaque dans un nouveau tube de 2 ml afin de minimiser le risque de contamination par les pointes de pipette.
- Le volume de réactif Agencourt AMPure XP est égal à $n \times 50 \mu\text{l}$ (n représente le nombre d'échantillons à purifier).
- 7.5.3. Préparer une solution extemporanée (0,5 ml pour chaque échantillon à purifier) d'éthanol à 80 % en utilisant de l'eau stérile.

Liaison des amplicons aux particules magnétiques :

- 7.5.4. Ajouter 50 μl de réactif Agencourt AMPure XP, aliquoté et à **température ambiante**, à chaque échantillon à purifier.
- Mélanger en aspirant et en expulsant 10 fois avec la pipette.
 - La couleur doit être homogène après le mélange.
 - Incuber 10 minutes à température ambiante.
- 7.5.5. Placer les échantillons mélangés sur un support magnétique DynaMag-96 Side Skirted ou Ambion Magnetic Stand-96 et incuber à température ambiante pendant 5 minutes afin de séparer les particules magnétiques de la solution.
- Conserver la plaque sur le support magnétique en permanence au cours de cette procédure, jusqu'à l'étape ci-dessous 7.5.10.
- 7.5.6. À l'aide d'une pipette P200 (ou d'une pipette multicanaux équivalente) réglée sur 95 μl , aspirer le surnageant clarifié et le jeter.
- Utiliser une pipette P10 (ou une pipette multicanaux équivalente) réglée sur 10 μl afin de retirer l'éventuel excès de surnageant.
 - Éviter de retirer les particules magnétiques.

Lavage :

- 7.5.7. Tout en conservant la plaque sur le support magnétique, ajouter 200 μl d'éthanol à 80 % à chaque échantillon. Incuber pendant 30 secondes à température ambiante.
- À l'aide d'une pipette P200 (ou d'une pipette multicanaux équivalente) réglée sur 195 μl , aspirer l'éthanol et le jeter.
 - Utiliser une pipette P10 (ou une pipette multicanaux) réglée sur 10 μl afin de retirer l'éventuel excès d'éthanol.
 - Éviter de retirer les particules magnétiques.
- 7.5.8. Répéter l'étape pour obtenir deux lavages au total 7.5.7.
- 7.5.9. Avec la plaque toujours sur le support magnétique, laisser les particules magnétiques sécher à l'air libre pendant 5 minutes.

Élution :

- 7.5.10. Retirer la plaque du support magnétique. Ajouter 25 µl d'un tampon contenant 10 mM Tris-HCl, pH 8,0.
- Mélanger en pipettant jusqu'à ce que la solution soit homogène.
 - Vérifier que toutes les particules magnétiques sont présentes dans la solution.
- 7.5.11. Incuber 2 minutes à température ambiante.
- 7.5.12. Placer la plaque sur le support magnétique pendant 5 minutes ou jusqu'à la clarification du surnageant.
- 7.5.13. Transférer 22 µl d'éluat dans une nouvelle plaque. Sceller avec des bouchons en bande. Étiqueter la plaque et centrifuger brièvement afin de garantir que le surnageant soit bien déposé au fond du puits. Conserver à -20 °C ou passer à l'étape suivante.

L'image du gel des Figures 1 à 3 illustre l'efficacité d'une purification type (en montrant les amplicons avant et après purification) à l'aide des mélanges mères (master mixes) *IGH* FR1, *IGH* FR2 et *IGH* FR3 MiSeq respectivement.

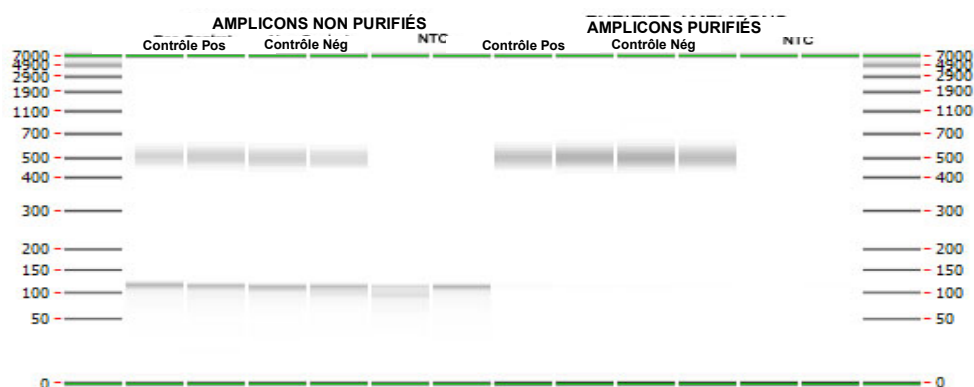


Figure 1 : Exemple de résultat d'une purification des amplicons des mélanges mères (master mixes) **LymphoTrack Dx *IGH* FR1 MiSeq**. L'image a été générée en analysant les produits non purifiés et purifiés avec le LabChip GX.

Figure 2 : Exemple de résultat d'une purification des amplicons des mélanges mères (master mixes) **LymphoTrack Dx *IGH* FR2 MiSeq**. L'image a été générée en analysant les produits non purifiés et purifiés avec le LabChip GX.

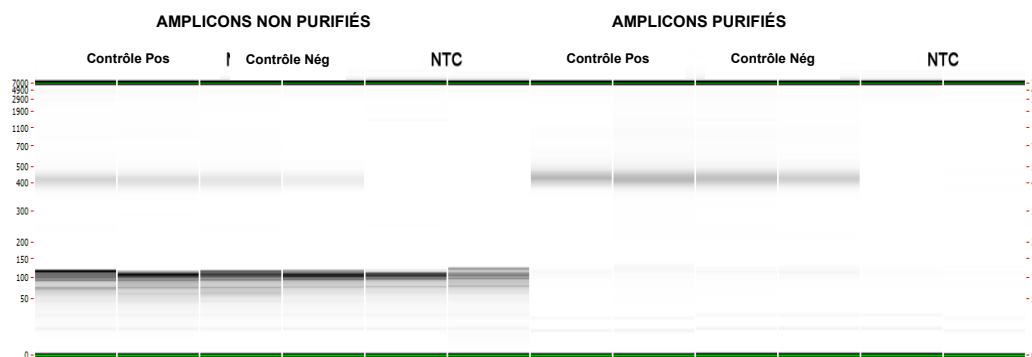
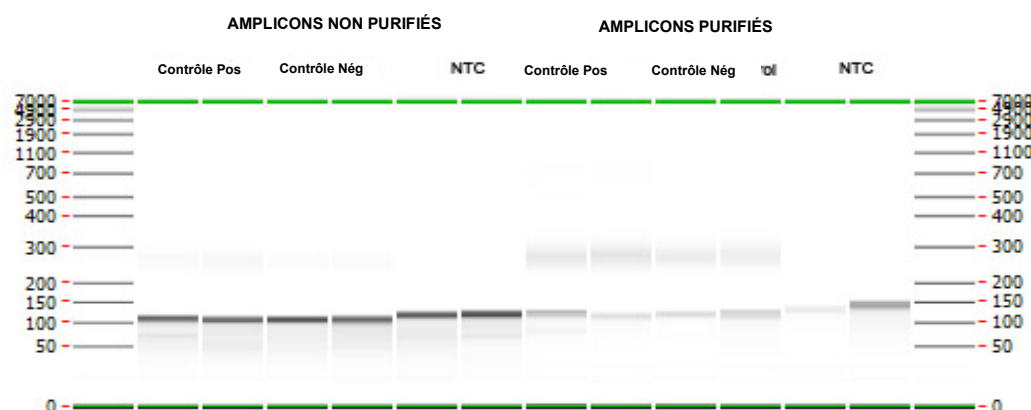


Figure 3 : Exemple de résultat d'une purification des amplicons des mélanges mères (master mixes) **LymphoTrack Dx *IGH* FR3 MiSeq**. L'image a été générée en analysant les produits non purifiés et purifiés avec le LabChip GX.



7.6. Quantification des amplicons

Les étapes suivantes ont été effectuées lors de la validation du test pour quantifier les amplicons de PCR purifiés générés à partir des échantillons, des contrôles positifs et négatifs, ainsi que des contrôles sans ADN, à l'aide du kit de quantification de la bibliothèque KAPA (KAPA Biosystems).

7.6.1. Dilution des amplicons

Le tampon de dilution A ci-dessous fait référence à : 10 mM Tris-HCl, pH 8,0 + Tween 20 à 0,05 %

(finale : 1/4 000) :

Étape A : 2 µl d'éluat d'amplicon purifié + 198 µl de tampon de dilution A.
Bien mélanger en aspirant et en expulsant 10 fois avec la pipette.

Étape B : 5 µl provenant de l'étape A + 195 µl de tampon de dilution A.
Bien mélanger en aspirant et en expulsant 10 fois avec la pipette.

7.6.2. Préparer une réaction qPCR pour la quantification des amplicons d'après le Tableau 9 pour chaque réaction (se reporter aux instructions du kit de quantification de la bibliothèque KAPA pour plus d'informations) :

Tableau 9. Configuration de la qPCR

| Réactif | Volume |
|--|----------------|
| Eau de qualité PCR | 3,6 µl |
| Mélange mère (master mix) KAPA SYBR FAST qPCR avec prémélange d'amorce | 12,0 µl |
| ROX | 0,4 µl |
| Amplicons dilués ou étalon (1-6) | 4,0 µl |
| Volume total | 20,0 µl |

7.6.3. Se reporter au Tableau 10 pour le programme du thermocycleur pour la qPCR.

Tableau 10. Programme qPCR

| Étape | Température | Durée | Cycle |
|-------|-------------|---|-------|
| 1 | 95 °C | 5 minutes | 1 |
| 2 | 95 °C | 30 secondes | 35 x |
| | 60 °C | 45 secondes (lecture de la plaque) | |

7.6.4. Utiliser les données du test qPCR pour vérifier la contamination en calculant les valeurs ΔC_t entre les contrôles (positifs et négatifs) et le NTC, en utilisant l'équation suivante :

$$\Delta C_t = C_t (\text{NTC}) - C_t (\text{contrôle})$$

Si $\Delta C_t \geq 4,0$ pour les deux contrôles, passer à l'étape suivante. Si $\Delta C_t < 4,0$ pour chaque contrôle, voir la section 14 : *Guide de dépannage* pour plus d'instructions.

Lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez-vous reporter à l'Annexe A (section 20) pour la valeur ΔC_t admissible pour d'autres produits de PCR LymphoTrack Dx Assay – MiSeq.

7.6.5. Utiliser les données d'exécution de la qPCR pour déterminer la concentration d'amplicon de chaque échantillon en utilisant l'équation suivante :

$$\text{Concentration d'amplicon non dilué (nM)} = \frac{452 \times \text{conc. moy. (pM) calculée par qPCR}}{A} \times 4$$

La valeur 452 représente la longueur moyenne du fragment (pb) de l'étalon d'ADN KAPA Illumina.

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test **IGH FR1** Assay est de 450 pb (**A = 450**).

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test **IGH FR2** Assay est de 390 pb (**A = 390**).

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test **IGH FR3** Assay est de 260 pb (**A = 260**).

La longueur de la séquence inclut des nucléotides supplémentaires nécessaires au séquençage.

Remarque : lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez vous reporter à l'Annexe A (section 20) pour la longueur moyenne du fragment des amplicons générés pour d'autres produits LymphoTrack Dx Assay – MiSeq

7.7. Groupement et quantification de la bibliothèque

La quantité d'ADN de la bibliothèque chargée dans la Flow Cell MiSeq est essentielle pour générer des clusters d'une densité optimale sur la Flow Cell et obtenir des données de haute qualité lors du séquençage. **La quantification de la bibliothèque par qPCR est vivement recommandée.**

Il est conseillé de créer un pool distinct pour chaque test LymphoTrack Dx Assay et la cible correspondante (*IGH* FR1, FR2 ou FR3). Après quantification finale de la bibliothèque poolée tel que décrit à la section 7.9, les tests LymphoTrack Dx Assays peuvent être séquencés individuellement en suivant les instructions fournies à la section 7.10, ou bien ils peuvent être multiplexés conformément aux instructions fournies à l'Annexe A.

- 7.7.1. Sur la base de la concentration d'amplicon calculée à partir des résultats de qPCR, ajouter une quantité égale d'amplicons (à l'exception de NTC, qui peut être exclu),
- *p. ex.*, ajouter 4 nM de chaque amplicon dans un volume total de 10 µl en utilisant le tampon de dilution A comme diluant.
 - Pour les échantillons dont la concentration est < 4 nM, ajouter la quantité maximale d'échantillon possible (10 µl) et ne pas ajouter de tampon de dilution A à cet échantillon.
- 7.7.2. Vortexer doucement pour mélanger, puis centrifuger brièvement.

7.8. Dilution de la bibliothèque poolée

(finale : 1/1 000) :

Étape A : 2 µl de la bibliothèque poolée + 198 µl de tampon de dilution A.
Bien mélanger en aspirant et en expulsant 10 fois avec la pipette.

Étape B : 20 µl provenant de l'étape A + 180 µl de tampon de dilution A.
Bien mélanger en aspirant et en expulsant 10 fois avec la pipette.

7.9. Configuration de la qPCR pour la quantification de la bibliothèque

Voir le Tableau 9 pour la configuration de la qPCR et le Tableau 10 pour le programme du thermocycleur.

- 7.9.1. Détermination de la concentration de la bibliothèque poolée d'après les résultats de qPCR.

$$\text{Concentration d'amplicon non dilué (nM)} = \frac{452 \times \text{conc. moy. (pM) calculée par qPCR}}{A}$$

La valeur 452 représente la longueur moyenne du fragment (pb) de l'étalon d'ADN KAPA Illumina.

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test *IGH* FR1 Assay est de 450 pb (**A = 450**).

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test *IGH* FR2 Assay est de 390 pb (**A = 390**).

La longueur moyenne du fragment des amplicons générés à l'aide du test *IGH* FR3 Assay est de 260 pb (**A = 260**).

La longueur de la séquence inclut des nucléotides supplémentaires nécessaires au séquençage.

Remarque : lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez vous reporter à l'Annexe A (section 20) pour la longueur moyenne du fragment des amplicons générés pour d'autres produits LymphoTrack Dx Assay – MiSeq

7.10. Préparation de la bibliothèque pour le séquençage MiSeq

À la fin de cette section, la concentration de la bibliothèque d'ADN doit être de **12 pM pour le kit de réactifs MiSeq v2** et de **20 pM pour le kit de réactifs MiSeq v3** lors du multiplexage. Pour multiplexer les amplicons provenant de différents tests LymphoTrack Dx pour le dispositif MiSeq dans une seule bibliothèque, veuillez vous reporter à l'Annexe A.

- 7.10.1. Déterminer la concentration de la bibliothèque à préparer d'après la concentration de la bibliothèque poolée à partir des résultats de qPCR et diluer si nécessaire :
- Si la concentration de la bibliothèque est supérieure à 4 nM, diluer la bibliothèque à 4 nM dans un volume final de 10 µl à l'aide du tampon de dilution A.

- Si la concentration de la bibliothèque est inférieure à 4 nM, utiliser 10 µl de la bibliothèque directement pour l'étape suivante.

7.10.2. Suivre les instructions suivantes pour dénaturer la bibliothèque d'ADN.

- Préparer une solution extemporanée de NaOH 0,2 N. Une solution extemporanée est essentielle pour dénaturer totalement l'échantillon d'ADN et pour la génération de clusters optimaux avec MiSeq.
- Ajouter 10 µl de NaOH 0,2 N à la bibliothèque diluée (10 µl) préparée à l'étape précédente.

Tableau 11. Dénaturation des bibliothèques

| Réactif | Volume |
|---------------------|--------------|
| Bibliothèque diluée | 10 µl |
| NaOH 0,2 N | 10 µl |
| Volume total | 20 µl |

7.10.3. Vortexer brièvement pour mélanger la solution, puis centrifuger brièvement pour garantir que toute la solution s'est déposée au fond du tube. Incuber pendant 5 minutes à température ambiante pour dénaturer la bibliothèque d'ADNdb en ADN simple brin (ADNsb).

7.10.4. Ajouter 980 µl de tampon HT1 préalablement refroidi (fourni dans les kits de réactif MiSeq) au tube contenant la bibliothèque d'ADN dénaturée :

Tableau 12. Ajout du tampon HT1

| Réactif | Volume |
|------------------------|-----------------|
| Bibliothèque dénaturée | 20 µl |
| Tampon HT1 | 980 µl |
| Volume total | 1 000 µl |

7.10.5. Vortexer brièvement pour mélanger, puis centrifuger brièvement la solution d'ADN de la bibliothèque diluée et dénaturée.

7.10.6. Placer la bibliothèque diluée et dénaturée dans de la glace jusqu'à la prochaine étape.

7.10.7. Retirer la banque d'ADNsb diluée de la glace et utiliser les instructions suivantes pour diluer davantage la bibliothèque en préparation pour le chargement sur le MiSeq.

Lors du multiplexage de plusieurs cibles, veuillez vous reporter à l'Annexe A (section 20 : *Annexe A : Création d'une bibliothèque de séquençage avec des cibles NGS multiples*) pour la concentration du chargement et le kit de réactifs MiSeq.

Pour le logiciel de commande MiSeq (MCS v2.6 ou logiciel plus récent) :

La concentration de la bibliothèque d'ADN est de 12 pM pour le kit de réactifs MiSeq v2.

La concentration de la bibliothèque d'ADN est de 20 pM pour le kit de réactifs MiSeq v3 lors du multiplexage.

- Si la concentration de la banque d'ADNsb diluée est de 40 pM (la concentration initiale était de 4 nM), diluer jusqu'à la concentration du chargement de MiSeq désirée en utilisant les exemples suivants :

Tableau 13. Préparation de la bibliothèque pour le chargement dans MiSeq

| Concentrations finales | 12 pM | 20 pM |
|-----------------------------------|---------|--------|
| Bibliothèque dénaturée | 300 µl | 500 µl |
| Tampon HT1 | 700 µl | 500 µl |
| Concentration finale en NaOH (mM) | 0,60 mM | 1,0 mM |

- Si la concentration de la banque d'ADNsb diluée est inférieure à 40 pM (la concentration initiale était inférieure à 4 nM), diluer l'ADN dénaturé de manière appropriée à la concentration de chargement de MiSeq désirée (p. ex. 12 pM). **Veillez à ce que la concentration finale en NaOH ne dépasse pas 1,0 mM.**

7.10.8. Mélanger par inversion 5 fois les tubes contenant les solutions finales de bibliothèques, puis centrifuger brièvement.

7.10.9. Placer les préparations finales de bibliothèques dans de la glace jusqu'au moment de leur chargement dans la cartouche de réactifs MiSeq.

7.11. Chargement de la Flow Cell MiSeq

Charger 600 µl de la préparation finale de bibliothèque dans la cartouche de réactifs MiSeq.

7.12. Configuration de la feuille d'échantillons MiSeq

Veuillez-vous référer à la dernière documentation Illumina pour la création d'une feuille d'échantillons. Téléchargez la feuille d'échantillon sur l'instrument MiSeq. Si vous utilisez un logiciel associé à Illumina (par exemple Local Run Manager [LRM]), sélectionnez *TruSeq Nano DNA (ADN TruSeq Nano)* pour le Library Prep Kit (kit de préparation de la banque) et *TruSeq DNA Single Indexes Set A B (Index uniques d'ADN TruSeq [A,B])* pour l'Index Kit (kit d'index).

Caractères dans le nom de l'échantillon :

- Créez un nom et un identifiant uniques à chaque échantillon lorsque vous les nommez. En cas d'analyse d'échantillons en double, il est possible d'utiliser un nom similaire (c.-à-d., Échantillon1a et Échantillon1b).
- Si des noms uniques ne sont pas attribués aux échantillons analysés ensemble dans la même Flow Cell, un seul échantillon est analysé par le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq au cours du processus.
- Utilisez uniquement des caractères alphanumériques et des traits d'union (A-Z, a-z, 0-9, ., -, _) lors de la configuration de la feuille d'échantillons.

Nom de l'échantillon lors du multiplexage :

Chaque index ne peut être répertorié qu'une seule fois dans la feuille d'échantillons. Par conséquent, toute information de suivi nécessaire pour les échantillons séquencés avec de multiples cibles en utilisant le même index doit figurer dans un seul champ Sample ID (ID de l'échantillon) (qui est intégré dans le nom du fichier FASTQ).

Gardez une trace de tous les échantillons et de toutes les cibles d'une analyse MiSeq qui sont séquencés à l'aide du même index. Attribuer un identifiant unique à ce lot d'échantillons/de cibles à faire figurer dans le champ Sample ID (ID de l'échantillon) de la feuille d'échantillons. Lors de l'attribution du nom, garder à l'esprit que ce **champ ne peut pas contenir plus de 40 caractères**.



Le champ *Sample Name* (Nom de l'échantillon) de la *feuille d'échantillons* est incorporé par défaut dans le nom du fichier FASTQ au lieu de *Sample ID* (ID d'échantillon) lorsque des informations sont entrées dans ce champ. Veuillez laisser ce champ vide ou copier les informations qui ont été entrées pour *Sample ID* (ID d'échantillon). Si d'autres informations sont entrées dans le champ *Sample Name* (Nom de l'échantillon), assurez-vous qu'il contient un identifiant unique et qu'il est conforme aux recommandations ci-dessus pour le suivi des échantillons.

Important !

Les séquences des adaptateurs ne sont pas reconnues par le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq.

- ☒ Si vous utilisez un logiciel associé à Illumina (tel que Local Run Manager [LRM]), **adapter trimming (élimination des adaptateurs) doit être sélectionné lors de la création de la feuille d'échantillons**.

Tableau 14. Indices utilisés avec les mélanges mères des LymphoTrack Dx Assays

| Index du mélange mère de PCR LymphoTrack Dx Assay – MiSeq | Séquence d'index | TruSeq DNA Single Indexes Set A B (Index uniques d'ADN TruSeq [A,B]) (LRM « Index Kit » [kit d'index]) |
|--|---------------------|--|
| id01 | ATCACG | AR001 |
| id02 | CGATGT | AR002 |
| id03 | TTAGGC | AR003 |
| id04 | TGACCA | AR004 |
| id05 | ACAGTG | AR005 |
| id06 | GCCAAT | AR006 |
| id07 | CAGATC | AR007 |
| id08 | ACTTGA | AR008 |
| id09 | GATCAG | AR009 |
| id10 | TAGCTT | AR010 |
| id11 | GGCTAC | AR011 |
| id12 | CTTGTA | AR012 |
| id13 | AGTCAA | AR013 |
| id14 | AGTTCC | AR014 |
| id15 | ATGTCA | AR015 |
| id16 | CCGTCC | AR016 |

Tableau 14. Indices utilisés avec les mélanges mères des LymphoTrack Dx Assays

| Index du mélange mère de PCR LymphoTrack Dx Assay – MiSeq | Séquence d'index | TruSeq DNA Single Indexes Set A B (Index uniques d'ADN TruSeq [A,B]) (LRM « Index Kit » [kit d'index]) |
|--|---------------------|--|
| id18 | GTCCGC | AR018 |
| id19 | GTGAAA | AR019 |
| id20 | GTGGCC | AR020 |
| id21 | GTTTCG | AR021 |
| id22 | CGTACG | AR022 |
| id23 | GAGTGG | AR023 |
| id25 | ACTGAT | AR025 |
| id27 | ATTCCT | AR027 |

7.13. Démarrage de la réaction MiSeq

Démarrer la réaction MiSeq en suivant les instructions du logiciel de commande MiSeq sur l'instrument MiSeq. Les durées d'analyse approximatives du MiSeq sont indiquées dans le tableau suivant.

Tableau 15. Durées de réaction MiSeq

| Kit de réactif MiSeq | Longueur de lecture | Version MCS | Durée de réaction MiSeq totale |
|----------------------|-----------------------------|------------------------------|--------------------------------|
| v2 | 2 x 151 pb (FR3 uniquement) | v2.6 ou logiciel plus récent | ~ 24 heures |
| | 2 x 251 pb | v2.6 ou logiciel plus récent | ~ 39 heures |
| v3 | 2 x 301 pb | v2.6 ou logiciel plus récent | ~ 56 heures |

Remarque : l'utilisation d'un kit avec un nombre de cycles inférieur ne permettra pas de générer les longueurs de lecture requises pour ce test.

8. Analyse des données

Les tests LymphoTrack Dx *IGH* (FR1/FR2/FR3) Assays – MiSeq sont destinés à produire des données de séquençage qui peuvent être analysées à l'aide de la suite logicielle LymphoTrack Dx Software – MiSeq fournie sur le CD inclus (REF 95000009), qui est inclus avec la commande du test. Ce CD comprend les instructions détaillées pour l'installation et pour la suite logicielle.

9. Valeurs attendues

Les calculs effectués par le logiciel sont arrondis au dixième le plus proche afin de déterminer le résultat du test.

- % de lectures le plus important du contrôle positif *IGH* $\geq 2,5$ %
- % de lectures le plus important du contrôle négatif NGS $< 1,0$ %
- % de lectures le plus important du contrôle positif pour *IGH* SHM (REF 40880008, peut être acheté séparément) $\geq 2,5$ %
- Validité de l'analyse MiSeq
 - % Q30 > 80 % pour v2 (2 x 151)
 - % Q30 > 75 % pour v2 (2 x 251)
 - % Q30 > 70 % pour v3 (2 x 301)

***Remarque :** Le Q30 de toutes les validations analytiques remplit les critères ci-dessus de la spécification Q30 Illumina MiSeq. Cependant, le score Q30 peut varier en fonction de la qualité de l'échantillon. Si le Q30 est inférieur à la spécification Q30 Illumina, vérifier la valeur Q30 de l'index dans le rapport LymphoTrack Dx après l'analyse des données par le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq. Si le score Q30 d'un index dans le rapport LymphoTrack Dx ne correspond pas à la spécification Illumina, considérer cet index comme non valide.

La chimie MiSeq v2 a été validée pour ce test à cible unique. La chimie MiSeq v3 a été validée pour l'analyse multiplexe.

10. Limites de la procédure

- Ces tests n'identifient pas 100 % des populations cellulaires clonales.
- Une variance plus élevée à la limite de détection (LD) analytique ou à proximité est intrinsèque à la plupart des technologies, notamment au séquençage de nouvelle génération. Des tests de suivi sont suggérés lorsqu'un résultat est proche de la LD analytique du test.
- Les analyses PCR sont sujettes à des interférences dues à la dégradation de l'ADN ou à l'inhibition de l'amplification par PCR par l'héparine ou d'autres agents qui peuvent être présents dans l'échantillon analysé.
- Toujours interpréter les résultats des tests de clonalité moléculaire dans le contexte de données cliniques, histologiques et immunophénotypiques.
- Le test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 Assay – MiSeq ne cible qu'une portion de la région *IGHV*, car la séquence en amont du site de liaison des amorces n'est pas évaluée. Le test LymphoTrack Dx *IGHV* Leader Somatic Hypermutation Assay pour le dispositif Illumina MiSeq (REF 91210059 ou REF 91210069) peut être acheté séparément si un séquençage *IGHV* complet est requis.

11. Interprétation et rapports

Le rapport *Merged Read Summary* (Résumé de lecture fusionné) peut être utilisé pour identifier les séquences de lecture fusionnées les plus importantes et leurs fréquences avant la détermination de la clonalité à l'aide des critères figurant ci-dessous. Consulter la section Analyse des données pour plus d'informations sur le rapport *Merged Read Summary* (Résumé de lecture fusionné). Certains processus clonaux peuvent entraîner la détection de deux clones ou plus. Ceci peut inclure une population dominante avec une population sous-clonale réduite ou la présence de syndromes lymphoprolifératifs multiples. Il est particulièrement important d'interpréter ces causes dans leur contexte clinique.

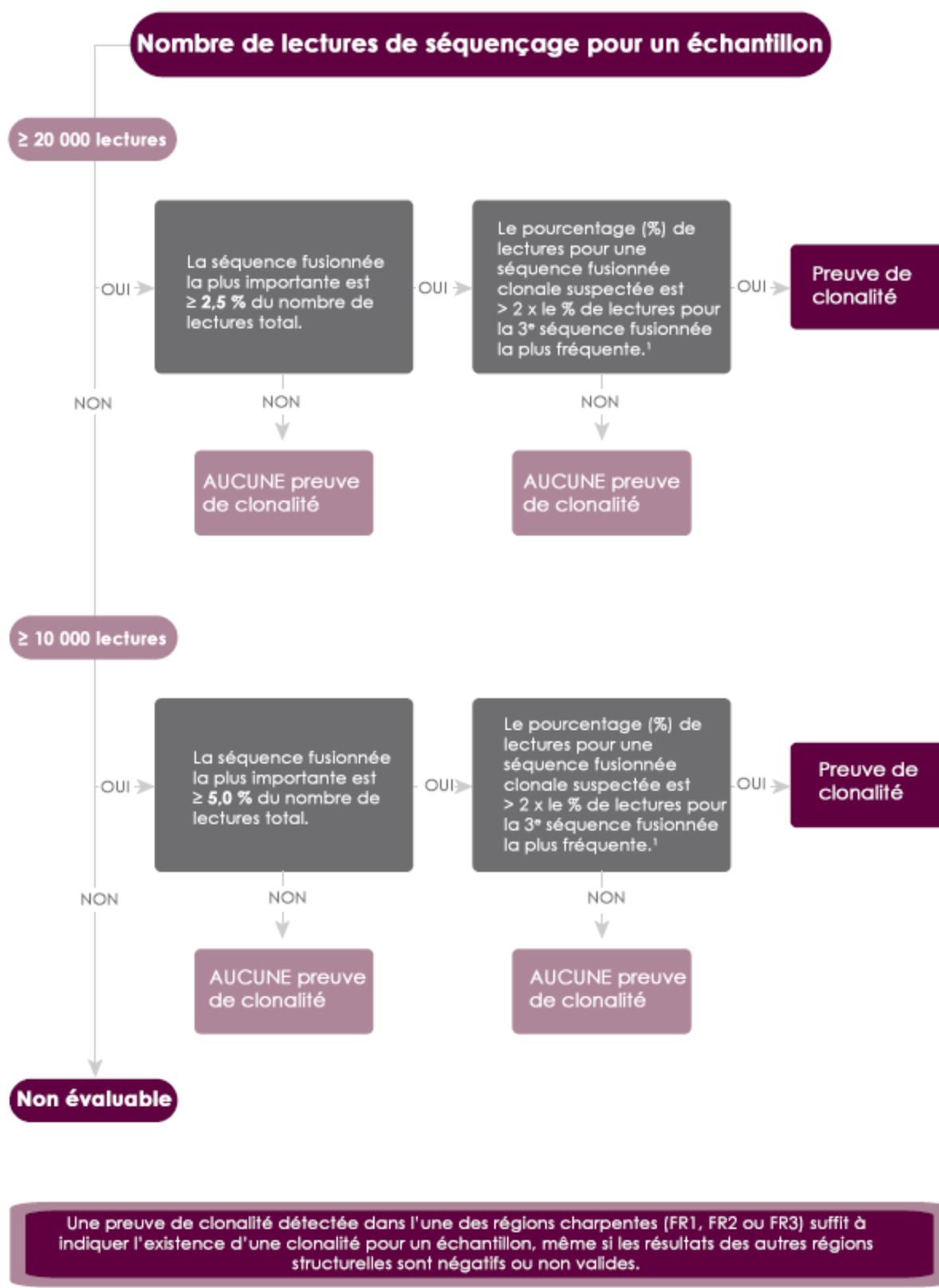
*Soyez prudent dans l'interprétation si « none » (aucune) est présent pour le gène V, D et/ou J dans les lectures clonales suspectées. La valeur « none » (aucune) est attribuée lorsque l'alignement est mauvais et n'atteint pas le seuil de qualité minimum.

Évaluer les données provenant des trois régions charpentes afin de déterminer la preuve de clonalité pour un échantillon.
Une preuve de clonalité détectée dans l'une des régions charpentes (FR1, FR2, ou FR3) suffit à indiquer l'existence d'une clonalité pour un échantillon, même si les résultats des autres régions charpentes sont négatifs ou non valides.

Tableau 16. Critères d'interprétation

| Critère 1 | Critère 2 | Critère 3 | Résultat |
|--|--|---|-------------------------------------|
| Le nombre total de lectures pour chaque échantillon est ≥ 20 000 . | La séquence fusionnée la plus importante est ≥ 2,5 % du nombre de lectures total. | Le pourcentage (%) de lectures pour une séquence fusionnée clonale suspectée est > 2x le % de lectures pour la 3^e séquence fusionnée la plus fréquente. ¹ | PREUVE DE CLONALITÉ DÉTECTÉE |
| | | Le pourcentage (%) de lectures pour une séquence fusionnée clonale suspectée est ≤ 2x le % de lectures pour la 3^e séquence fusionnée la plus fréquente. ¹ | Aucune preuve de clonalité détectée |
| Le nombre total de lectures pour chaque échantillon est ≥ 10 000 et < 20 000 . | La séquence fusionnée la plus importante est ≥ 5,0 % du nombre de lectures total. | Le pourcentage (%) de lectures pour une séquence fusionnée clonale suspectée est > 2x le % de lectures pour la 3^e séquence fusionnée la plus fréquente. ¹ | PREUVE DE CLONALITÉ DÉTECTÉE |
| | | Le pourcentage (%) de lectures pour une séquence fusionnée clonale suspectée est ≤ 2x le % de lectures pour la 3^e séquence fusionnée la plus fréquente. ¹ | Aucune preuve de clonalité détectée |
| Le nombre total de lectures pour chaque échantillon est < 10 000 . | S.O. (sans objet) | S.O. (sans objet) | Non évaluable |

¹Les calculs effectués par le logiciel sont arrondis au dixième le plus proche à des fins de comparaison.



¹ Les calculs effectués par le logiciel sont arrondis au dixième le plus proche à des fins de comparaison.

Figure 4 : Interprétation des données d'après les critères du Tableau 16.

Une fois la clonalité déterminée, les échantillons peuvent être évalués à l'aide du test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 Assay – MiSeq pour rechercher une hypermutation somatique (HMS) si nécessaire. Les critères d'interprétation de l'HMS répertoriés ci-après constituent des suggestions fondées sur la littérature actuelle pour l'utilisation de l'analyse des séquences de gènes de l'immunoglobuline dans le pronostic de la LLC.⁶

Pour l'interprétation de l'HMS, les deux séquences fusionnées les plus importantes peuvent être évaluées pour rechercher une clonalité à l'aide de l'interprétation de clonalité indiquée dans la section précédente. Chaque séquence fusionnée avec preuve de clonalité peut être évaluée à l'aide des critères d'HMS répertoriés ci-après (voir le schéma correspondant à la Figure 5). Si le statut HMS est de 2 % ou avoisine ce seuil, analyser l'échantillon avec le test LymphoTrack Dx *IGHV* Leader Somatic Hypermutation Assay – MiSeq qui cible la séquence complète du gène *IGHV*.

Tableau 17. Critères suggérés pour l'interprétation de l'HMS

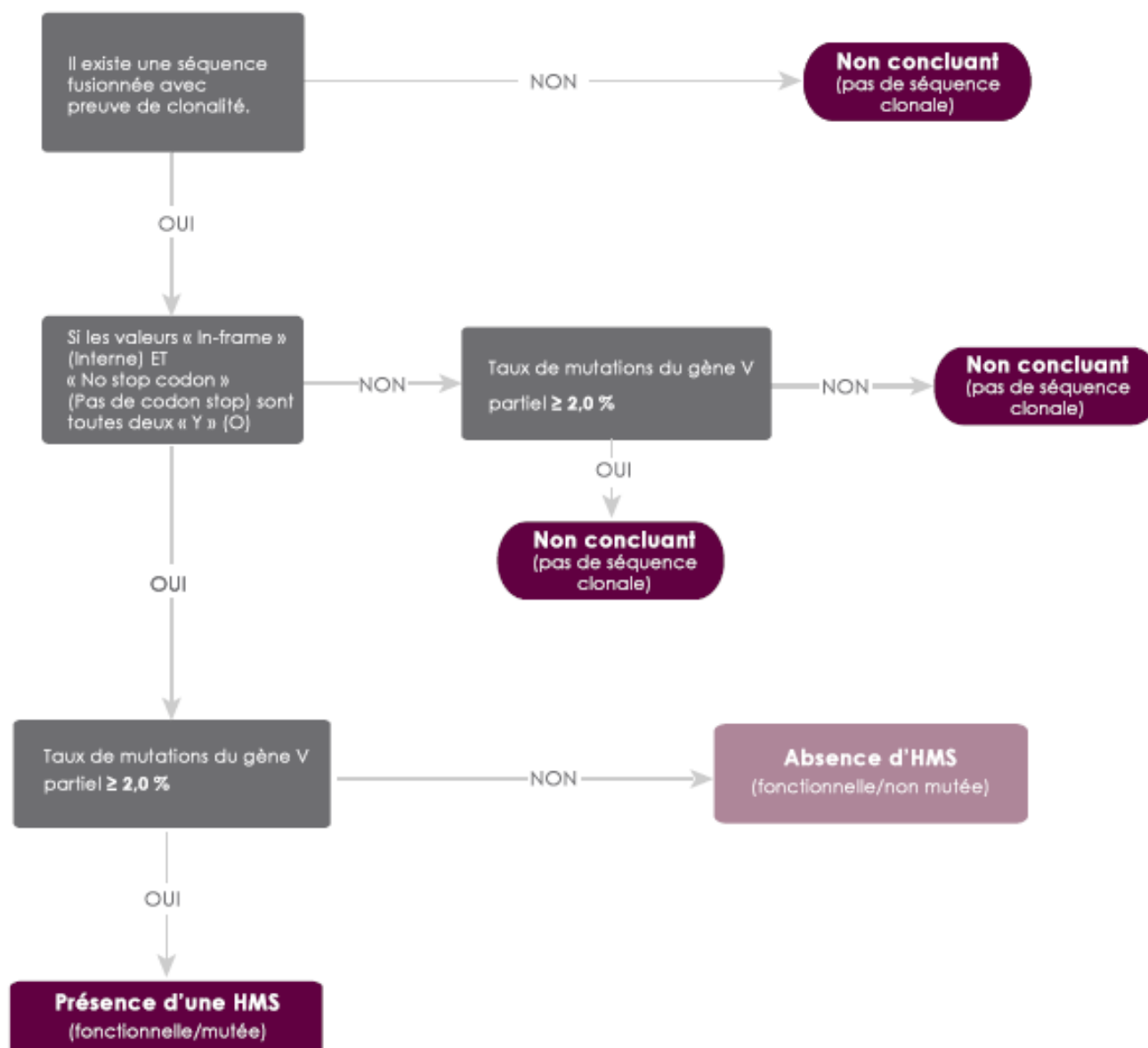
| Critère 1 | Critère 2 | Critère 3 | Résultat |
|---|---|---|---|
| Il existe une séquence fusionnée avec preuve de clonalité. | Si les valeurs « In-frame » (Interne) ET « No stop codon » (Pas de codon stop) sont toutes deux « Y » (O) | Taux de mutation en gène V partiel $\geq 2,0$ % | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) |
| | | Taux de mutation en gène V partiel $< 2,0$ % | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) |
| | Si la valeur « In-frame » (Interne) OU « No stop codon » (Pas de codon stop) (voire les deux valeurs) est (sont) « N ». | Taux de mutation en gène V partiel $\geq 2,0$ % | Non concluant (non fonctionnelle/mutée) |
| | | Taux de mutation en gène V partiel $< 2,0$ % | Non concluant (non fonctionnelle/non mutée) |
| Il n'existe pas de séquence fusionnée avec preuve de clonalité. | S.O. (sans objet) | S.O. (sans objet) | Non concluant (pas de séquence clonale) |

S'il existe deux séquences fusionnées pour un échantillon qui montrent toutes deux une clonalité, évaluer chacune à l'aide du Tableau ci-dessous afin de déterminer le résultat final de l'interprétation de l'HMS pour cet échantillon.

Tableau 18. Critères suggérés pour l'interprétation de l'HMS : doubles réarrangements

| Critère 1 | Séquence clonale A | Séquence clonale B | Résultat |
|------------------------|--|---|---------------------------|
| Doubles réarrangements | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) | PRÉSENCE D'UNE HMS |
| | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) | Non concluant |
| | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) | Non concluant (non fonctionnelle/mutée) | PRÉSENCE D'UNE HMS |
| | PRÉSENCE D'UNE HMS (fonctionnelle/mutée) | Non concluant (non fonctionnelle/non mutée) | PRÉSENCE D'UNE HMS |
| | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) | Absence d'HMS |
| | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) | Non concluant (non fonctionnelle/mutée) | Non concluant |
| | Absence d'HMS (fonctionnelle/non mutée) | Non concluant (non fonctionnelle/non mutée) | Absence d'HMS |
| | Toute Non concluant | Toute Non concluant | Non concluant |

Critères suggérés pour l'interprétation de l'HMS



Remarque : s'il existe deux séquences fusionnées pour un échantillon qui montrent toutes deux une preuve de clonalité, évaluer chacune à l'aide du Tableau 17 afin de déterminer le résultat final de l'interprétation de l'HMS pour cet échantillon.

Figure 5: Interprétation suggérée de l'hypermutation somatique (HMS) en fonction des critères définis au Tableau 18.

12. Données de l'échantillon

LymphoTrack Dx Report for assay IGH_FR1

Sample name: FR1_positive_S23_L001_001_combined

Total Read Count: 460347

IndexQ30: 92.15

Caution: Do not edit fields and save.

Top 10 Merged Read Summary

| Rank | Sequence | Length | Merge count | V-gene | J-gene | % total reads | Cumulative % | Mutation rate to partial V-gene (%) | In-frame (Y/N) | No Stop codon (Y/N) | V-coverage | CDR3 Seq |
|------|-----------------------------|--------|-------------|-------------|----------|---------------|--------------|-------------------------------------|----------------|---------------------|------------|-----------------------------|
| 1 | CATCTGGATACAC ⁺ | 295 | 31266 | IGHV1-46_03 | IGHJ4_02 | 6.79 | 6.79 | 0.00 | Y | Y | 100.00 | not found |
| 2 | GTCTCTGGATTCA ⁺ | 216 | 138 | IGHV3-48_03 | IGHJ4_02 | 0.03 | 6.82 | 0.00 | n/a | N | 35.24 | GCGACAGACCCG ⁺ |
| 3 | GCCTCTGGATTCA ⁺ | 272 | 136 | IGHV3-74_01 | IGHJ4_02 | 0.03 | 6.85 | 1.32 | Y | Y | 99.56 | not found |
| 4 | GCCCTCTGGATTCA ⁺ | 231 | 130 | IGHV3-23_04 | IGHJ5_02 | 0.03 | 6.88 | 1.32 | n/a | N | 40.97 | ATCTGCAAAATGAA ⁺ |
| 5 | GCCTCTGGATTCA ⁺ | 272 | 130 | IGHV3-48_01 | IGHJ4_02 | 0.03 | 6.91 | 0.44 | Y | Y | 98.68 | not found |
| 6 | GCGTCTGGATTCA ⁺ | 266 | 128 | IGHV3-33_01 | none | 0.03 | 6.94 | 0.00 | n/a | N | 99.12 | not found |
| 7 | GCGTCTGGATTCA ⁺ | 272 | 128 | IGHV3-33_01 | IGHJ4_02 | 0.03 | 6.96 | 0.00 | Y | Y | 100.00 | not found |
| 8 | GCCTCTGGATTCA ⁺ | 293 | 124 | IGHV3-21_02 | IGHJ6_02 | 0.03 | 6.99 | 0.00 | Y | Y | 98.24 | not found |
| 9 | GCCTCTGGATTCA ⁺ | 272 | 124 | IGHV3-74_03 | IGHJ4_02 | 0.03 | 7.02 | 3.08 | Y | Y | 98.68 | not found |
| 10 | GCCTCTGGATTCA ⁺ | 281 | 124 | IGHV3-23_04 | IGHJ6_02 | 0.03 | 7.04 | 0.00 | Y | Y | 99.56 | GCGAAAGGCCAA ⁺ |

Figure 6 : Ce tableau, généré via le LymphoTrack Dx Software – MiSeq, montre les 10 premières lectures du résumé de lecture fusionnées avec les 500 premières lectures ; une lecture est fusionnée avec une autre si seulement 1 ou 2 pb les différencient l'une de l'autre. Les séquences ont été générées avec le test **LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay – MiSeq** et analysées avec la suite logicielle LymphoTrack Dx Software – MiSeq (REF 95000009).

LymphoTrack Dx Report for assay IGH_FR2

Sample name: FR2_positive_S22_L001_001_combined

Total Read Count: 94189

IndexQ30: 94.08

Caution: Do not edit fields and save.

Top 10 Merged Read Summary

| Rank | Sequence | Length | Merge count | V-gene | J-gene | % total reads | Cumulative % | Mutation rate to partial V-gene (%) | In-frame (Y/N) | No Stop codon (Y/N) | V-coverage | CDR3 Seq |
|------|---------------------------|--------|-------------|-------------|----------|---------------|--------------|-------------------------------------|----------------|---------------------|------------|----------------------------|
| 1 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 216 | 65 | IGHV5-51_03 | IGHJ4_02 | 0.07 | 0.07 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGGTCTCGG ⁺ |
| 2 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 225 | 65 | IGHV5-a_03 | IGHJ4_02 | 0.07 | 0.14 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGACAGGGT ⁺ |
| 3 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 225 | 64 | IGHV5-51_01 | IGHJ4_02 | 0.07 | 0.21 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGACGGGGA ⁺ |
| 4 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 234 | 59 | IGHV5-a_03 | IGHJ6_02 | 0.06 | 0.27 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGACCCGGTTT ⁺ |
| 5 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 231 | 58 | IGHV5-51_01 | IGHJ5_02 | 0.06 | 0.33 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGACGCTCAT ⁺ |
| 6 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 222 | 57 | IGHV5-a_03 | IGHJ5_02 | 0.06 | 0.39 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGAGGGGCT ⁺ |
| 7 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 222 | 56 | IGHV5-a_03 | IGHJ5_02 | 0.06 | 0.45 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGAACGGTA ⁺ |
| 8 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 228 | 55 | IGHV5-51_01 | IGHJ2_01 | 0.06 | 0.51 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGACGGAATA ⁺ |
| 9 | CGGGAAAGGCCT ⁺ | 240 | 54 | IGHV5-51_01 | IGHJ5_02 | 0.06 | 0.57 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGACTAGGG ⁺ |
| 10 | AGGGAAGGGACT ⁺ | 198 | 54 | IGHV4-61_08 | IGHJ6_01 | 0.06 | 0.62 | N/A | Y | Y | 97.08 | not found |

Figure 7 : Ce tableau, généré via le LymphoTrack Dx Software – MiSeq, montre les 10 premières lectures du résumé de lecture fusionnées avec les 500 premières lectures ; une lecture est fusionnée avec une autre si seulement 1 ou 2 pb les différencient l'une de l'autre. Les séquences ont été générées avec le test **LymphoTrack Dx IGH FR2 Assay – MiSeq** et analysées avec la suite logicielle LymphoTrack Dx Software – MiSeq (REF 95000009).

LymphoTrack Dx Report for assay IGH_FR3

Sample name: FR3_positive_S23_L001_001_combined

Total Read Count: 467001

IndexQ30: 95.62

Caution: Do not edit fields and save.

Top 10 Merged Read Summary

| Rank | Sequence | Length | Merge count | V-gene | J-gene | % total reads | Cumulative % | Mutation rate to partial V-gene (%) | In-frame (Y/N) | No Stop codon (Y/N) | V. coverage | CDR3 Seq |
|------|---------------|--------|-------------|-------------|----------|---------------|--------------|-------------------------------------|----------------|---------------------|-------------|---------------|
| 1 | TCTGAGGACACGC | 104 | 60764 | IGHV1-46_03 | IGHJ4_02 | 13.01 | 13.01 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCTAGAGATCTCA |
| 2 | ACACGGCCGTGTA | 97 | 1632 | IGHV3-72_01 | IGHJ4_02 | 0.35 | 13.36 | N/A | Y | Y | 71.79 | GCTAGAGATCTCA |
| 3 | ACACGGCCGTTTA | 76 | 462 | IGHV4-59_10 | IGHJ3_02 | 0.10 | 13.46 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCGAGATCGTTCT |
| 4 | GTGGACACAGCC | 95 | 343 | IGHV2-70_12 | IGHJ3_02 | 0.07 | 13.53 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACACAGACTAG |
| 5 | GTGGACACAGCC | 77 | 338 | IGHV2-26_01 | IGHJ3_02 | 0.07 | 13.61 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACGGATTTCCT |
| 6 | ACACGGCTGTGTA | 82 | 256 | IGHV4-39_02 | IGHJ4_02 | 0.05 | 13.66 | N/A | Y | Y | 96.55 | GCGAGAGAACTAA |
| 7 | GTGGACACAGCC | 80 | 255 | IGHV2-70_11 | IGHJ4_02 | 0.05 | 13.72 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACGGATGACCC |
| 8 | GTGGACACAGCC | 77 | 252 | IGHV2-70_12 | IGHJ4_02 | 0.05 | 13.77 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACACAGACTGC |
| 9 | GTGGACACAGCC | 80 | 246 | IGHV2-70_12 | IGHJ4_02 | 0.05 | 13.82 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACACAGACGGC |
| 10 | GTGGACACAGCC | 86 | 237 | IGHV2-26_01 | IGHJ3_02 | 0.05 | 13.87 | N/A | Y | Y | 100.00 | GCACGGATGGTCC |

Figure 8 : Ce tableau, généré via le LymphoTrack Dx Software – MiSeq, montre les 10 premières lectures du résumé de lecture fusionnées avec les 500 premières lectures ; une lecture est fusionnée avec une autre si seulement 1 ou 2 pb les différencient l’une de l’autre. Les séquences ont été générées avec le test **LymphoTrack Dx IGH FR3 Assay – MiSeq** et analysées avec la suite logicielle LymphoTrack Dx Software – MiSeq (REF 95000009).

13. Caractéristiques de performance

Le test LymphoTrack Dx *IGK* FR1 Assay – MiSeq et le test d’électrophorèse capillaire traditionnel (IdentiClone® *IGH* Gene Clonality Assay (Tubes A+B+C) – ABI detection, REF 91010061) ont été comparés et la concordance (ou pourcentage de concordance globale), le pourcentage de concordance positive (PPA) et le pourcentage de concordance négative (NPA) ont été les suivants : 92 % (60/65 cas), 93 % et 89 %, respectivement.

Tableau 19. Comparaison entre le test LymphoTrack Dx *IGH* Assay – MiSeq et le test IdentiClone *IGH* Gene Clonality Assay – ABI

| | | IdentiClone <i>IGH</i> Gene Clonality Assay - ABI | |
|---|------------|---|------------|
| | | Clonal | Non clonal |
| LymphoTrack Dx <i>IGH</i> FR1 Assay – MiSeq | Clonal | 52 | 1 |
| | Non clonal | 4 | 8 |

La performance analytique du test LymphoTrack Dx *IGH* FR1 – MiSeq a été évaluée en analysant l’ajout d’ADN de lignée de cellules clonales à différentes dilutions dans l’ADN d’amygdale. La limite de détection (LD) était observée avec la dilution de l’ADN à 5 %. Les % de lecture les plus élevés dans l’ADN d’amygdale étaient < 0,1 %. La régression linéaire R² était > 0,97 pour une plage de dilution de l’ADN comprise entre 0 et 10 %. Le coefficient de variation (CV en %) pour 8 analyses effectuées par 2 opérateurs avec 2 lots de réactif et 2 instruments était inférieur à 20 % lors de l’analyse des dilutions de l’ADN à 5 % et 10 %.

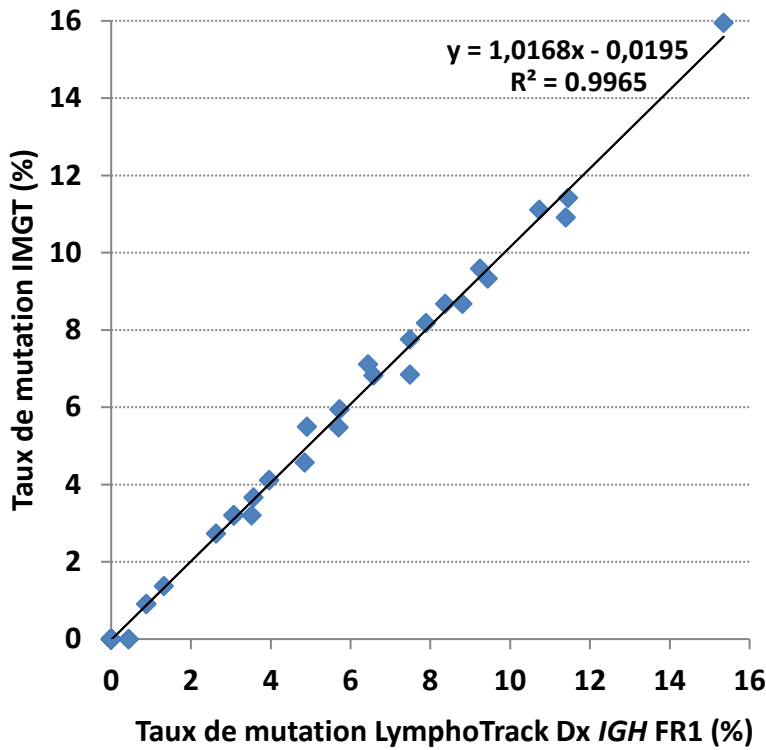


Figure 9 : Comparaison du taux d’hypermutation somatique (HMS) pour 51 échantillons de LLC déterminés par le test LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay – MiSeq et analysés avec le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq ou par analyse IMG T.

Tableau 20. Comparaison de la méthode d’analyse de l’hypermutation somatique (HMS) entre le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq et la méthode contrôle (IMG T).

| | | IMG T | |
|---------------------------------|----------|-------|----------|
| | | Muté | Non muté |
| LymphoTrack Dx Software - MiSeq | Muté | 26 | 0 |
| | Non muté | 0 | 25 |

L’exécution du test LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay – MiSeq a amélioré l’identification d’événements clonaux par rapport à l’exécution du test LymphoTrack Dx IGH FR1 Assay – MiSeq seul. Le test LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay – MiSeq et le test d’électrophorèse capillaire traditionnel (IdentiClone IGH Gene Clonality Assay (Tubes A+B+C) – ABI detection, [REF](#) 91010061) ont été comparés et la concordance (ou pourcentage de concordance globale), le pourcentage de concordance positive (PPA) et le pourcentage de concordance négative (NPA) ont été les suivants : 95 % (42/44 cas), 96 % et 95 %, respectivement.

Tableau 21. Comparaison entre le test LymphoTrack Dx IGH FR1/FR2/FR3 Assay – MiSeq et IdentiClone IGH Gene Clonality Assay – ABI (méthode contrôle)

| | | IdentiClone IGH Gene Clonality Assay - ABI | |
|--|------------|--|------------|
| | | Clonal | Non clonal |
| LymphoTrack Dx IGH FR1/2/3 Assay – MiSeq | Clonal | 24 | 1 |
| | Non clonal | 1 | 18 |

14. Guide de dépannage

Tableau 22. Guide de dépannage

| Survenue pendant | Erreur | Action |
|--|---|---|
| Préparation de l'échantillon et du réactif | La quantité d'ADN est inférieure à 50 ng par une méthode basée sur l'ADNdb | Ne pas analyser l'échantillon |
| Préparation de l'échantillon et du réactif | L'intégrité de l'ADN de l'échantillon est faible | Analyser l'échantillon à l'aide du Specimen Control Size Ladder d'Invivoscribe (REF 20960021 pour la détection par ABI ou 20960020 pour la détection sur gel) |
| Quantification des amplicons à l'aide du kit de quantification de la bibliothèque KAPA | $\Delta Ct < 4,0$ $\Delta Ct = Ct (NTC) - Ct (contrôle)$ | Vérifier la courbe de référence en qPCR. Rechercher une éventuelle contamination et répéter la qPCR KAPA pour tous les échantillons et les contrôles. Si $\Delta Ct < 4,0$ de nouveau, recommencer la PCR et la qPCR pour tous les échantillons et les contrôles. |
| Création de la bibliothèque par quantification des amplicons et groupement | La concentration des amplicons est inférieure à 1 nM | Vérifier la courbe de référence en qPCR et répéter la PCR si inférieure à 1 nM |
| Configuration de l'analyse du MiSeq | Feuille d'échantillons non trouvée | Se reporter au dépannage Illumina ou appeler le support technique Illumina au +1-800-809-4566 |
| | Format de la feuille d'échantillons incorrect | |
| | Échec lors de la vérification du système fluidique | |
| | Espace disque faible | |
| | Flacon à déchets vide | |
| | Réseau déconnecté | |
| | Échec RFID | |
| Analyse MiSeq | % Q30 < 80 % pour v2 (2 x 151)* % Q30 < 75 % pour v2 (2 x 251)* % Q30 < 70 % pour v3 (2 x 301)* | Appeler le support technique Invivoscribe au +1-858-224-6600 |
| Installation du CD | Le logiciel LymphoTrack Dx n'est pas installé correctement | Appeler le support technique Invivoscribe au +1-858-224-6600 |
| Analyse des données | L'exécution du logiciel LymphoTrack Dx est interrompue | Appeler le support technique Invivoscribe au +1-858-224-6600 |
| Analyse des données | Aucune séquence clonale n'est détectée pour le contrôle positif | Appeler le support technique Invivoscribe au +1-858-224-6600 |
| Contrôle négatif sans ADN (NTC) | Le NTC montre l'amplification après la PCR | Répéter le test |

* Le Q30 de toutes les validations analytiques remplit les critères ci-dessus de la spécification Q30 Illumina MiSeq. Cependant, le score Q30 peut varier en fonction de la qualité de l'échantillon. Si le Q30 est inférieur à la spécification Q30 Illumina, vérifier la valeur Q30 de l'index dans le rapport LymphoTrack Dx après l'analyse des données par le logiciel LymphoTrack Dx Software – MiSeq. Si le score Q30 d'un index dans le rapport LymphoTrack Dx ne correspond pas plus à la spécification Illumina, considérer cet index comme non valide.

15. Support technique et service client

Nous vous remercions d'avoir acheté les tests LymphoTrack Dx IGH (FR1/FR2/FR3) Assays – MiSeq. Nous vous sommes reconnaissants de votre fidélité. Nous sommes à votre disposition pour vous aider à comprendre ces tests, et notre support technique est disponible du lundi au vendredi pour vous permettre de réaliser les tests efficacement dans votre laboratoire.

Coordonnées



Invivoscribe, Inc

10222 Barnes Canyon Road | Building 1 | San Diego | California 92121-2711 | États-Unis

Téléphone: +1 858 224-6600 | Fax: +1 858 224-6601 | Heures d'ouverture: 7 h – 17 h heure du Pacifique

Service technique: support@invivoscribe.com | Service client: sales@invivoscribe.com | Site internet: www.invivoscribe.com

16. Bibliographie

1. Tonegawa, S. (1983). Somatic Generation of Antibody Diversity. *Nature* 302, 575–581.
 2. Ghia, P. et al., (2007). ERIC recommendations on IGHV gene mutational status in chronic lymphocytic leukemia. *Leukemia* 21, 1–3.
 3. Trainor, KJ. et al., (1990). Monoclonality in B-lymphoproliferative disorders detected at the DNA level. *Blood* 75, 2220–2222.
 4. Evans PA. et al., (2007). Significantly improved PCR-based clonality testing in B-cell malignancies by use of multiple immunoglobulin gene targets. Report of the BIOMED-2 Concerted Action BMH4-CT98-3936. *Leukemia* 21, 207–14.
 5. Miller, JE. (2013). Principle of Immunoglobulin and T Cell Receptor Gene Rearrangement. In Cheng, L., Zhang, D., Eble, JN. (Eds), *Molecular Genetic Pathology* (2nd Ed., sections 30.2.7.13 and 30.2.7.18). New York, USA: Springer Science & Business Media.
 6. Langerak, AW. et al., (2011) Immunoglobulin sequence analysis and prognostication in CLL: guidelines from the ERIC review board for reliable interpretation of problematic cases. *Leukemia* 25, 979–984.
- Invivoscribe LymphoTrack Dx Software - MiSeq Package Instructions for Use (REF 95000009)
 - <https://www.beckmancoulter.com>
 - <http://www.illumina.com>
 - <http://www.invitrogen.com>
 - <http://www.kapabiosystems.com>
 - <http://www.thermofisher.com>

17. Symboles

Les symboles suivants sont désormais utilisés pour l'étiquetage des produits de diagnostic NGS d'Invivoscribe.

| | | | |
|--|----------------------------------|--|--|
| | Numéro de référence | | Date de péremption |
| | Volume du réactif | | Représentant agréé dans la Communauté européenne |
| | Numéro de lot | | Consulter les instructions d'utilisation |
| | Conditions de conservation | | Destiné au diagnostic <i>in vitro</i> |
| | Identifiant Unique de L'Appareil | | Fabricante |
| | Conformité Britannique Évaluée | | Personne responsable au Royaume-Uni |
| | Mandataire Suisse | | Conformité Européenne |
| | Application logicielle | | |

18. Informations légales

Ce produit est couvert par un ou plusieurs des brevets et demandes de brevets suivants détenus par ou sous licence exclusive d'Invivoscribe, Inc. (IVS). Brevet américain n° 7,785,783, brevet américain n° 8,859,748 (ainsi que les demandes divisionnaires liées à la même demande d'origine), brevet européen n° EP 1549764B1 (validé dans 16 pays et complété par les brevets européens liés n° EP2418287A3 et EP 2460889A3), brevet japonais n° JP04708029B2, demande de brevet japonais n° 2006-529437, demande de brevet brésilien n° PI0410283.5, brevet canadien n° CA2525122, brevet indien n° IN243620, brevet mexicain n° MX286493, brevet chinois n° CN1806051 et brevet coréen n° 101215194.

L'utilisation de ce produit peut nécessiter des méthodes d'amplification des acides nucléiques telles que l'amplification en chaîne par polymérase (PCR). Les licences nécessaires à la pratique des méthodes d'amplification ou à l'utilisation des réactifs, des enzymes d'amplification ou d'équipements couverts par les brevets de tiers relèvent de la responsabilité de l'utilisateur, et aucune de ces licences n'est accordée par Invivoscribe, Inc., expressément ou implicitement.

©2024 Invivoscribe, Inc. Tous droits réservés. Les marques commerciales mentionnées dans ce document sont la propriété d'Invivoscribe, Inc. et/ou de ses filiales, ou (en ce qui concerne les marques commerciales d'autres détenteurs figurant dans ce document) de leurs propriétaires respectifs.

ILLUMINA® et MISEQ™ sont des marques déposées d'Illumina, Inc.

BECKMAN COULTER®, AGENCOURT®, AMPURE® et SPRIPLATE® sont des marques déposées de Beckman Coulter, Inc.

ROCHE® est une marque déposée et EAGLETAQ® est une marque commerciale de Roche.

VERITI®, SYBR®, AMBION®, APPLIED BIOSYSTEMS® et LIFE TECHNOLOGIES® sont des marques déposées de Thermo Fisher Scientific et de ses filiales.

KAPA™ est une marque commerciale de Kapa Biosystems.

MICROSOFT®, WINDOWS® et EXCEL® sont des marques déposées de Microsoft Corporation.

19. LymphoTrack Dx *IGH* FR1/FR2/FR3 Assay – MiSeq : guide abrégé

- 19.1. Enfiler des gants et retirer les mélanges mères (master mixes) du congélateur. Laisser les tubes décongeler ; puis vortexer doucement pour mélanger.
- 19.2. Sous la hotte de préparation des réactifs, pipeter 45 µl de mélange mère (master mix) dans les puits individuels d'une plaque de PCR. Un puits pour chaque mélange mère (master mix) et un mélange mère (master mix) par échantillon, contrôle positif, contrôle négatif et contrôle sans ADN.
- 19.3. Ajouter 0,2 µl d'ADN polymérase Taq à chaque mélange mère (master mix).
- 19.4. Ajouter 5 µl d'ADN des échantillons (à une concentration minimale de 10 ng/µl) et 5 µl des échantillons de contrôle dans les puits contenant les réactions de mélanges mères (master mixes) respectives, aspirer et expulser 5 à 10 fois avec la pipette pour mélanger.
- 19.5. Ajouter 5 µl d'eau de qualité biologie moléculaire au puits contenant le mélange mère (master mix) respectif pour le contrôle négatif sans ADN, puis aspirer et expulser 5 à 10 fois avec la pipette pour mélanger.
- 19.6. Amplifier l'ADN cible à l'aide du programme de thermocycleur suivant :

| Étape | Température | Durée | Cycle |
|-------|-------------|-------------|-------|
| 1 | 95 °C | 7 minutes | 1 |
| 2 | 95 °C | 45 secondes | 29 x |
| 3 | 60 °C | 45 secondes | |
| 4 | 72 °C | 90 secondes | |
| 5 | 72 °C | 10 minutes | 1 |
| 6 | 15 °C | ∞ | 1 |

- 19.7. Retirer la plaque d'amplification du thermocycleur.
- 19.8. Purifier les produits de PCR à l'aide du système de purification Agencourt AMPure XP. Ajouter 50 µl de particules à chaque réaction de 50 µl ; éluier l'ADN dans une élution de 25 µl.
- 19.9. Quantifier les amplicons à l'aide du kit de quantification de la bibliothèque KAPA conformément aux instructions du kit. Diluer les amplicons à 1/4 000 avant de procéder à la qPCR.
- 19.10. Grouper des quantités égales d'amplicons provenant des échantillons (ne pas inclure le contrôle sans ADN), diluer à 1/1 000 et quantifier la bibliothèque à l'aide du kit de quantification de la bibliothèque KAPA.
- 19.11. Dénaturer et diluer la bibliothèque à 12 pM pour le kit de réactifs MiSeq v2 et 20 pM pour le kit de réactifs MiSeq v3 lors du multiplexage (MCS v2.6 ou logiciel plus récent).
- 19.12. Charger 600 µl de bibliothèque dénaturée et diluée dans la cartouche de réactifs MiSeq.
- 19.13. Configurer une feuille d'échantillons MiSeq et téléchargez-la sur l'instrument (si nécessaire).
- 19.14. Démarrer la réaction MiSeq.
- 19.15. Analyser et visualiser les données acquises avec la suite logicielle LymphoTrack Dx Software - MiSeq incluse.

20. Annexe A : Création d'une bibliothèque de séquençage avec des cibles NGS multiples

Lors de l'analyse de plusieurs cibles avec différents tests LymphoTrack Dx Assay – MiSeq en parallèle, il est important de noter les différences de procédure entre les tests. Ainsi, le test *IGHV* Leader utilise 32 cycles de PCR et doit être placé sur un programme de thermocyclage distinct de celui des autres tests LymphoTrack Dx qui utilisent uniquement 29 cycles de PCR. Le Tableau 23 ci-dessous résume ces différences de procédure. Pour obtenir des instructions complètes, consultez les instructions d'utilisation du test LymphoTrack Dx Assay – MiSeq correspondant.

Tableau 23 Paramètres de cycle et kits de réactifs pour une analyse MiSeq à cible unique

| Procédure Étape | Description | LymphoTrack Dx Assay – MiSeq | | | | | | |
|----------------------|--|------------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|--------------------------|
| | | <i>IGHV</i> Leader | <i>IGH</i> FR1 | <i>IGH</i> FR2 | <i>IGH</i> FR3 | <i>IGK</i> | <i>TRG</i> | <i>TRB</i> |
| 7.4.1 | Nombre de cycles de PCR | 32 | 29 | 29 | 29 | 29 | 29 | 29 |
| 7.5.1 | Volume de réactif AMPure XP (rapport) | 50 µl (rapport de 1:1) | 50 µl (rapport de 1:1) | 50 µl (rapport de 1:1) | 50 µl (rapport de 1:1) | 50 µl (rapport de 1:1) | 50 µl (rapport de 1:1) | 35 µl (rapport de 0,7:1) |
| 7.6.4 | Recherche de contamination Valeur ΔC_t = C_t (NTC) – C_t (contrôle) | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 4,0$ | $\Delta C_t \geq 3,0$ |
| 7.6.5 et 7.9.1 | A (longueur moyenne du fragment) | 660 pb | 450 pb | 390 pb | 260 pb | 410 pb | 300 pb | 400 pb |
| 7.10.7 | Concentration du chargement | 12 – 20 pM | 12 pM | 12 pM | 12 pM | 8 pM | 12 pM | 12 pM |
| | Kit de réactifs MiSeq pour le séquençage à cible unique* | v3 (600) | v2 (500) | v2 (500) | v2 (300) v2 (500) | v2 (500) | v2 (300) v2 (500) | v2 (500) |
| 7.12 | Paramètres de la feuille d'échantillons pour : Cycles Read 1 (Cycles lecture 1)* Cycles Read 2 (Cycles lecture 2)* | 301 | 251 | 251 | 151 | 251 | 151 | 251 |

***Remarque :** la chimie MiSeq v2 a été validée pour ces tests à cible unique. La chimie MiSeq v3 a été validée pour *IGHV* Leader et l'analyse multiplexe.

Deux ou plusieurs bibliothèques de séquençage générées à partir des mêmes mélanges cibles de gènes LymphoTrack (*par exemple*, deux bibliothèques de séquençage *TRG*, provenant de lots identiques ou différents) peuvent également être multiplexées ensemble dans une bibliothèque de séquençage unique à condition que chaque index pour ce mélange mère ne soit inclus qu'une fois par cycle de séquençage. Se reporter au tableau suivant pour déterminer les paramètres de cycle et les kits de réactif Illumina MiSeq à utiliser avec les différentes combinaisons de cibles. Il est recommandé d'utiliser le kit de réactifs MiSeq v3 lors du séquençage des sept cibles afin d'obtenir suffisamment de lectures par échantillon.

Tableau 24 Paramètres de cycle et kits de réactifs pour une analyse MiSeq à cibles multiples

| Cibles de multiplexage | Paramètres de la feuille d'échantillons | Kit de réactif MiSeq | Concentration du chargement | N° de référence |
|---|--|--|--------------------------------|----------------------------------|
| Uniquement <i>IGH</i> FR3 et <i>TRG</i> conjointement | 151 cycles Lecture 1 151 cycles Lecture 2 | Kit v2 (300 cycles) ou Kit v2 (500 cycles) | 12 pM (v2) ou 20 pM (v3) | MS-102-2002 ou MS-102-2003 |
| Toute combinaison de ces cibles conjointement : <i>IGH</i> FR1, <i>IGH</i> FR2, <i>IGH</i> FR3, <i>IGK</i> , <i>TRB</i> et <i>TRG</i> | 251 cycles Lecture 1 251 cycles Lecture 2 | Kit v2 (500 cycles) jusqu'à 4 cibles ou Kit v3 (600 cycles) | 12 pM (v2) ou 20 pM (v3) | MS-102-2003 ou MS-102-3003 |
| Lors de la combinaison de l'un ou l'autre des tests avec : <i>IGHV</i> Leader | 301 cycles Lecture 1 301 cycles Lecture 2 | Kit v3 (600 cycles) | 20 pM (v3) | MS-102-3003 |

- 20.1. Déterminer la concentration de chaque bibliothèque individuelle (*p. ex.*, *IGHV* Leader, *IGH* FR1, *IGH* FR2, *IGH* FR3, *IGK*, *TRB* et *TRG*).
- 20.2. Déterminer la quantité de chaque bibliothèque à dénaturer.

Dans le tableau ci-dessous, les cas A, B, C, D, E et F sont différents exemples d'analyses multiplexes (*p. ex.*, le cas A est une analyse multiplexe d'*IGHV* Leader, *IGH* FR1, *IGH* FR2, *IGH* FR3, *IGK*, *TRB* et *TRG*). T, U, V, W, X, Y et Z sont les volumes en μl .

| | | |
|---|---|---|
| n | = | nombre de cibles chargées dans une cartouche MiSeq |
| T | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>IGHV</i> Leader (nM)] |
| U | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>IGH</i> FR1 (nM)] |
| V | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>IGH</i> FR2 (nM)] |
| W | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>IGH</i> FR3 (nM)] |
| X | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>IGK</i> (nM)] |
| Y | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>TRG</i> (nM)] |
| Z | = | 40 fmole / [n x concentration de la bibliothèque <i>TRB</i> (nM)] |

Remarque : la valeur 40 fmole correspond aux 20 μl de 2 nM obtenus à la fin de l'étape 20.3.

Tableau 25. Calcul des entrées d'une bibliothèque individuelle afin de générer une bibliothèque de séquençage à cibles multiples pour l'analyse MiSeq.

| Bibliothèque | | Volume de la bibliothèque individuelle (μl) | | | | | | |
|--------------------|--------------------|--|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| Nom du test | Concentration (nM) | | Cas A n = 7 | Cas B n = 6 | Cas C n = 5 | Cas D n = 4 | Cas E n = 3 | Cas F n = 2 |
| <i>IGHV</i> Leader | 2,3 | T | 2,5 | 2,9 | 3,5 | 4,3 | | |
| <i>IGH</i> FR1 | 1,5 | U | 3,8 | 4,4 | 5,3 | 6,7 | 8,9 | |
| <i>IGH</i> FR2 | 4 | V | 1,4 | 1,7 | 2 | 2,5 | 3,3 | |
| <i>IGH</i> FR3 | 2,1 | W | 2,7 | 3,2 | 3,8 | 4,8 | 6,4 | |
| <i>IGK</i> | 3,5 | X | 1,6 | 1,9 | 2,3 | | | 5,7 |
| <i>TRG</i> | 2,6 | Y | 2,2 | 2,6 | | | | 7,7 |
| <i>TRB</i> | 2 | Z | 2,9 | | | | | |
| | | T+U+V+W+X+Y+Z | 17,1 | 16,7 | 16,9 | 18,3 | 18,6 | 13,4 |

- 20.3. Dénaturer les bibliothèques combinées à 2 nM.

- Ajouter les réactifs conformément au Tableau 26 d'après la quantité déterminée lors de l'étape précédente.

Si $T+U+V+W+X+Y+Z > 18$, comme dans les cas D et E du Tableau 25, mélanger d'abord les bibliothèques applicables, puis ajouter 18 μl à la réaction de dénaturation comme indiqué dans le tableau ci-dessous.

Tableau 26. Dénaturation des bibliothèques

| Réactif | Volume (μl) |
|---|--------------------------|
| Bibliothèque <i>IGHV</i> Leader | T |
| Bibliothèque <i>IGH</i> FR1 | U |
| Bibliothèque <i>IGH</i> FR2 | V |
| Bibliothèque <i>IGH</i> FR3 | W |
| Bibliothèque <i>IGK</i> | X |
| Bibliothèque <i>TRG</i> | Y |
| Bibliothèque <i>TRB</i> | Z |
| NaOH 1N | 2 |
| 10 mM Tris-HCl pH 8,0 + Tween 20 à 0,05 % | 18 – (T+U+V+W+X+Y+Z) |
| Total | 20 |

Vortexer brièvement pour mélanger la solution, puis centrifuger brièvement pour garantir que toute la solution s'est déposée au fond du tube. Incuber pendant 5 minutes à température ambiante pour dénaturer la bibliothèque d'ADN combinée en ADN simples brins.

20.4. Diluer la bibliothèque dénaturée à 40 pM.

Ajouter 980 µl de tampon HT1 préalablement refroidi (fourni dans le kit de réactif MiSeq) au tube contenant 20 µl de bibliothèque d'ADN dénaturée. Vortexer brièvement pour mélanger et centrifuger brièvement l'échantillon.

20.5. Préparer la bibliothèque dénaturée pour la charger dans le MiSeq.

Diluer la bibliothèque à 12 pM pour le kit de réactifs MiSeq v2 et à 20 pM pour le kit de réactifs MiSeq v3 (MCS v2.6 ou logiciel plus récent) lors du multiplexage en suivant le Tableau 27 ci-dessous. Vortexer brièvement pour mélanger et centrifuger brièvement l'échantillon.

Tableau 27. Préparation de la bibliothèque combinée pour le chargement dans le MiSeq

| Réactif | Volume | |
|---------------------|-----------------|-----------------|
| | 12 pM | 20 pM |
| Bibliothèque 40 pM | 300 µl | 500 µl |
| Tampon HT1 refroidi | 700 µl | 500 µl |
| Total | 1 000 µl | 1 000 µl |

20.6. Charger 600 µl de bibliothèque dénaturée combinée obtenue à l'étape précédente dans une cartouche de réactifs MiSeq.

20.7. Configurer une feuille d'échantillons MiSeq et téléchargez-la sur l'instrument (si nécessaire).

20.8. Démarrer la réaction MiSeq.

20.9. Analyser et visualiser les données acquises avec la suite logicielle LymphoTrack Dx Software – MiSeq incluse.