



菲沙-NGS

血液肿瘤转录组测序



省心



高效



精准

产品介绍

转录组测序(RNA-Seq)是用二代测序技术(NGS)测定特定组织在某一状态下的几乎全部转录本序列,是基因组测序的实现形式之一。转录组指细胞内所有基因转录的RNA产物,包括编码蛋白质的信使RNA(mRNA)和长链非编码RNA(lncRNA)、环状RNA(circular RNA)和其他多种类型的非编码RNA(ncRNA)。RNA-Seq数据中有丰富的基因融合、基因表达量变异、转录本变异、基因序列变异和免疫基因多样性等信息。近年来 RNA-Seq 在血液肿瘤中的应用越来越多。

本产品是以样本提取的Total RNA为基础,使用Oligo dT磁珠特异性富集mRNA,然后将mRNA进行随机打断,再用随机引物逆转录为cDNA,以cDNA为模板构建测序文库,然后进行转录本序列的测定。主要分析RNA水平的基因融合和SNVs/Indels变异。

融合基因是血液肿瘤中常见并且有重要临床意义的一组异常基因,NCCN、ELN、WHO、国内专家共识等重要临床指南中已经将融合基因引入恶性血液肿瘤的危险度预后分层和细化分类中。是血液肿瘤中最早被鉴定并且列入诊疗指南的一类基因异常。

RNA-Seq分析融合基因变异的优势

1 相较传统检测技术(荧光原位杂交(FISH)、聚合酶链式反应(PCR)),RNA-Seq 可以发现少见的隐匿性易位或缺失导致的融合。

2 RNA-Seq 能发现一些发生率并不低但长期被忽略的融合。

临床应用



助力疾病亚类特异性指标的精细分类



辅助疾病的预后分层



指导疾病的临床用药



发现疾病中新的基因变异



肿瘤免疫微环境分析,评估免疫检查点抑制剂的治疗疗效

适用人群

ALL、AML、MDS、MPN、MDS/MPN、淋巴瘤等血液肿瘤初诊患者或者血液复杂疾病患者

疑似血液肿瘤但尚未明确疾病类型的患者

复发难治患者接受检测后也可获益



全面基因变异检测以排查病因

制定更为有效合理的治疗方案

监控亚克隆低频突变, 作为治疗方案的决策支持依据, 预防复发或疾病亚型转变

靶向药物相关及耐药位点检测

寻求免疫抑制剂治疗的患者

样本送样要求

样本类型	样本要求	采集器	运输要求
骨髓	5 mL	EDTA 抗凝管	干冰运输, 48 h到实验室
外周血	5 mL	EDTA 抗凝管	干冰运输, 48 h到实验室
石蜡块	肿瘤细胞体积 $\geq 0.2 \text{ mm}^3$	标本袋	常温运输
石蜡切片	切片厚度8~10 μm , 数量 ≥ 10 片	载玻片存放盒	常温运输
穿刺组织	≥ 2 条, 长度 $\geq 0.5 \text{ cm}$	组织保存液管	干冰运输, 48 h到实验室
新鲜组织	$\geq 50 \text{ mg}$ (豌豆粒大小)	组织保存液管	干冰运输, 48 h到实验室

送样流程

报告周期: 7-10个自然日



用户咨询以及填写检测申请表



申请单以及样本寄送



样本中心入库并安排实验



RNA 提取



建库测序



数据分析与报告解读



报告发放

武汉菲沙基因组医学有限公司
Wuhan FraserGen Genomic Medicine Co., Ltd.
武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号B8栋 邮编: 430075

嘉兴菲沙基因组医学有限公司
Jiaxing FraserGen Bioinformatics Co., Ltd.
嘉兴市嘉善县大云镇创业路555号C2栋 邮编: 314100

武汉菲沙基因信息有限公司
Wuhan FraserGen Bioinformatics Co., Ltd.
武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号 邮编: 430075

北京研发中心
Beijing Research Center
北京市海淀区中关村南大街12号科技综合楼 邮编: 100081



www.frasergen.com