

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Solución rápida y flexible
para detectar mutaciones de
baja abundancia en ADNfcl
(ADN fetal libre circulante)

- Detecte variantes raras con frecuencias alélicas de hasta el 0,2 % a partir de tan solo 20 ng de ADNfcl extraído del plasma.
- Prepare librerías listas para el secuenciador a partir de paneles suministrados por el usuario en unas 8,5 o 9,5 horas con un tiempo de participación activa de 2,5 a 3 horas.
- Analice los datos y las variantes de llamada con una alta sensibilidad analítica mediante el análisis secundario DRAGEN™.
- Permita la interpretación definida por el usuario y la generación de informes de investigación con Illumina Connected Insights.



Introducción

El ADN fetal libre circulante (ADNfcl) en plasma ha surgido como un importante biomarcador no invasivo de enfermedad en el cáncer, las enfermedades cardiovasculares y el trasplante de órganos. En el campo de la investigación oncológica, la secuenciación del ADNfcl a partir de biopsias líquidas proporciona una valiosa información sobre la heterogeneidad del tumor, permite la creación de perfiles de biomarcadores y sirve como complemento o alternativa a las muestras de biopsia de tejido cuando el tejido no está fácilmente disponible. Dado que las muestras de plasma suelen contener cantidades bajas de ADNfcl de las células de interés, resulta necesario un ensayo sólido y sensible para detectar variantes somáticas raras. Los paneles de genes fijos permiten la identificación de variantes, pero su utilidad es limitada para estudiar nuevos objetivos y adaptar los cambios en los genes de interés.

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment es una solución de preparación de librerías versátil (tabla 1) que aprovecha la capacidad de la tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing)

Tabla 1: Descripción general de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Parámetro	Especificación
Tipo de ADN	ADNfcl de plasma o sangre completa
Aporte de ADN ^a	10-30 ng
Multiplexado de muestras	192 índices dobles únicos
Marcado de duplicados	Identificadores moleculares únicos (UMI, unique molecular identifiers) no aleatorios
Plexicidad de enriquecimiento	1 unidad de plexado o 4 unidades de plexado
Sistemas de secuenciación compatibles	NextSeq 550 System NextSeq 2000 System, celdas de flujo P3 o P4 NovaSeq 6000 o NovaSeq 6000Dx (en modo de investigación) Systems, celdas de flujo P3 o P4 NovaSeq X Series, celdas de flujo 1.5B o 10B
Tiempo total de flujo de trabajo ^b	~8,5-9,5 horas ^c
Tiempo de participación activa total	~2,5-3 horas

a. Se recomienda un aporte de 20 ng de ADNfcl.

b. Incluye los pasos de preparación de librerías, enriquecimiento y normalización.

c. Tiempos de flujo de trabajo para sondas de una sola cadena y de cadena doble, respectivamente.

para lograr una detección altamente sensible de variantes poco abundantes en muestras de ADNfcl. Esta solución de un solo proveedor incluye el kit de preparación de librerías, paneles personalizados y los sistemas de secuenciación de productividad media a alta de Illumina, incluido NovaSeq™ X Series. El análisis de datos se realiza con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App. Illumina Connected Insights se puede utilizar para permitir el análisis y la interpretación definidos por el usuario.

Flujo de trabajo optimizado

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment forma parte de un flujo de trabajo integrado de secuenciación de ADNfcl, que ofrece un rendimiento y una calidad de los datos excelentes. El flujo de trabajo flexible comienza con ADNfcl extraído de plasma o sangre completa, seguido de la secuenciación en los sistemas con una productividad media y alta de Illumina y la llamada de variantes de alta precisión con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App (figura 1). Esta solución fácil de usar ofrece un alto rendimiento en una amplia gama de tamaños de contenido, es compatible con la automatización de la manipulación de líquidos y admite el multiplexado de muestras para una adaptación a escala eficiente.

Preparación de librerías rápida y flexible

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment es un ensayo basado en la ligadura que utiliza un paso de hibridación única para la preparación rápida de librerías (figura 2). Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment es compatible con oligonucleótidos de enriquecimiento suministrados por el usuario de Illumina. Obtenga paneles de enriquecimiento personalizados en función de su lista de genes objetivo especificada con la herramienta gratuita en línea DesignStudio™ de Illumina. La herramienta DesignStudio es compatible con sondas de enriquecimiento de ADN de una sola cadena (ADNmc) y sondas v2 de enriquecimiento de ADN de cadena doble (ADNbc). Para mejorar la portabilidad del contenido, Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment se puede utilizar con sondas de ADNmc de Integrated DNA Technologies y sondas de ADNbc de Twist Bioscience. El kit admite contenido de panel de ADNmc de 55-2000 kb y de ADNbc de 70-2000 kb, lo que permite flexibilizar el diseño del estudio. Las librerías listas para la secuenciación se preparan en ~8,5 a 9,5 horas, con un tiempo de participación activa de solo unas 2,5 a 3 horas, lo que permite a los investigadores obtener la secuenciación del ADNfcl extraído en un solo día. Para conseguir la máxima eficiencia y flexibilidad, el kit es compatible con ADNfcl extraído directamente de sangre periférica o plasma utilizando métodos de purificación comerciales basados en columnas o bolas.



Figura 1: del ADNfíc a los resultados con un único proveedor. Illumina admite un flujo de trabajo optimizado para la secuenciación del ADNec, la preparación de librerías, la secuenciación y el análisis de datos.

a. La línea de productos Illumina Connected Insights admite el análisis definido por el usuario mediante llamadas basadas en la interfaz de programación de aplicaciones (API, Application Programming Interface) a fuentes de conocimiento de terceros.

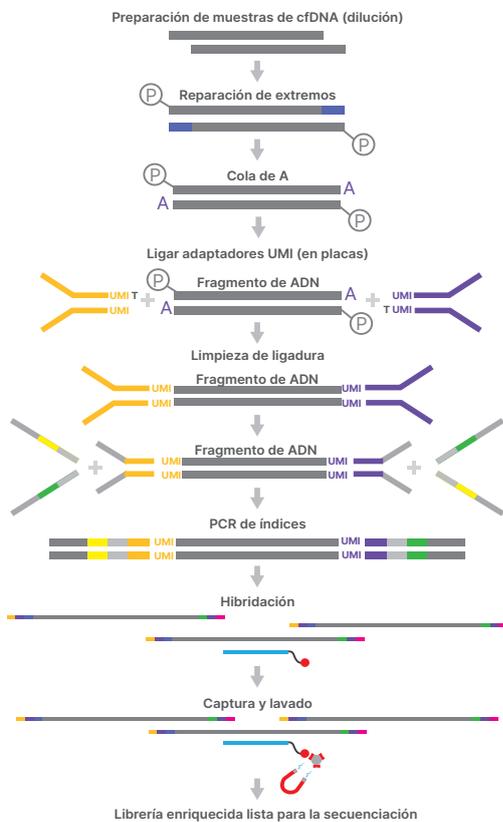


Figura 2: química de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. En primer lugar, los fragmentos de cfDNA se reparan y ligan a identificadores moleculares únicos (UMI) no aleatorios. Se incorporan índices dobles únicos para el multiplexado durante la amplificación PCR. A continuación, las librerías se enriquecen para regiones objetivo de interés con sondas biotiniladas mediante un paso de hibridación única. Las librerías enriquecidas se amplifican y normalizan para la secuenciación en sistemas de secuenciación de productividad media o alta de Illumina.

A fin de demostrar la compatibilidad de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment con una gama de tamaños y formatos de paneles de enriquecimiento, se prepararon librerías a partir de 20 ng de ADNfíc con paneles de enriquecimiento pequeños, medianos o grandes (tabla 2). Las librerías preparadas se secuenciaron en NextSeq™ 550 System, NovaSeq 6000 System o NovaSeq X System. Los datos se analizaron con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace™ Sequence Hub. Los resultados demuestran que Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ofrece una profundidad de cobertura colapsada por UMI >1500x y una alta uniformidad de cobertura, evaluada por el porcentaje de objetivos con una cobertura >1000x, en paneles de enriquecimiento con diferentes tamaños y formatos (figura 3).

Tabla 2: Parámetros utilizados para el diseño del panel de enriquecimiento

Panel	Tamaño	Formato de sonda	Tipos de variante
A pequeño ^a	55 kb	ADNmc de 80 pb	SNV e indels
B pequeño ^a	180 kb	ADNmc de 80 pb	SNV e indels
A mediano ^b	250 kb	ADNbc de 120 pb	SNV, indels y fusiones
B mediano ^c	300 kb	ADNmc de 80 pb	SNV, indels, fusiones y CNV
Grande ^d	2000 kb	ADNmc de 80 pb	SNV, indels, fusiones y CNV

- Las sondas se colocaron en placas con un solapamiento de 20 pb entre regiones de codificación para genes de interés.
- Las sondas se colocaron en placas de extremo a extremo entre regiones de codificación para genes de interés. Los puntos de ruptura de la fusión objetivo se seleccionaron con sondas solapadas en placas de 2x.
- Las sondas se colocaron en placas con un solapamiento de 20 pb entre regiones de codificación para genes de interés y entre puntos de ruptura de la fusión. En la detección de CNV de genes con regiones de CDS pequeñas (p. ej., MYC), las sondas se complementaron a baja densidad en los intrones.
- Diseño personalizado y optimizado para laboratorios. SNV, variante de nucleótido único; indel, variante de inserción y deleción; CNV, variante en el número de copias.

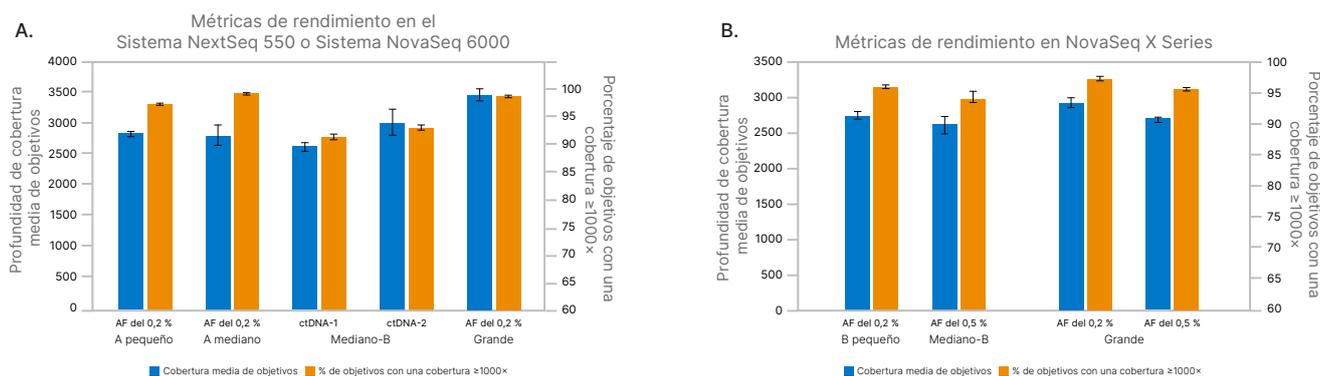


Figura 3: compatibilidad con diversos tamaños de panel: se prepararon varias réplicas de librerías (4-8) a partir de 20 ng de ADNfc a partir de plasma, 20 ng de ADNfc a partir de muestras de sangre completa a las que se añadieron SNV a una VAF del 0,2 % o 20 ng de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0,5 % (SeraCare,* n.º de catálogo 0710-0531) utilizando Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. Los datos se analizaron con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub. (A) Las librerías preparadas se secuenciaron en NextSeq 550 System (panel A pequeño) o NovaSeq 6000 System (paneles A y B medianos y paneles grandes) con una profundidad de lectura promedio de 10 millones, 46 millones, 54 millones o 450 millones de lecturas sencillas en el caso de los paneles pequeños, medianos y grandes, respectivamente. Los paneles A pequeños y A medianos se secuenciaron a $\sim 30\ 000\times$ y el panel grande se secuenció a $\sim 35\ 000\times$ de cobertura en objetivo. (B) Las librerías de paneles B pequeños y B medianos se secuenciaron en carriles individuales de una celda de flujo 10B y las librerías de paneles grandes en una celda de flujo 1.5B de NovaSeq X System. La profundidad de lectura promedio fue de 32 millones, 54 millones y 340 millones de lecturas individuales para paneles B pequeños, B medianos y paneles grandes, respectivamente. Todos los paneles se secuenciaron con una cobertura en objetivo de $\sim 30\ 000\times$. * Seracare forma parte de LGC Diagnostics.

Detección sensible de variantes de baja frecuencia

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment incluye mejoras en la química de preparación de librerías para mejorar la eficiencia de conversión de librerías y detectar variantes de baja abundancia con frecuencias alélicas de variantes (VAF, variant allele frequency) de hasta el 0,2 %. A fin de demostrar los resultados de alta calidad obtenidos con Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, los científicos de Illumina realizaron estudios en los que se evaluó la capacidad de llamada de variantes de nucleótido único (SNV, single nucleotide variants), variantes en el número de copias (CNV, copy-number variants) y fusiones génicas. Las bibliotecas preparadas con Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment se secuenciaron en NextSeq 550 System, NovaSeq 6000 System o NovaSeq X System. La llamada de variantes se realizó con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub. Los resultados demuestran la capacidad de detectar mutaciones con una VAF del 0,2 % a partir de tan solo 20 ng de ADNfc en el caso de las variantes pequeñas, con más del 90 % de sensibilidad analítica (tabla 3, figura 4-5) y el 99,98 % de especificidad analítica.

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment admite el multiplexado de muestras y se ha verificado que proporciona SNV, inserciones-delecciones (indels), CNV y recuperación de fusiones génicas precisas en el caso de las librerías enriquecidas de 1 y 4 unidades de plexado (figuras 5-7).

Tabla 3: Detección de variantes de baja abundancia con gran precisión

Tipo de variante	Sensibilidad del análisis ^a
Variantes pequeñas (VAF del 0,2 %)	$\geq 90\ %$
Indels (VAF del 0,5 %)	$\geq 90\ %$
Amplificaciones génicas (múltiplo de cambio de 1,3)	$\geq 95\ %$
Delecciones génicas (múltiplo de cambio de 0,6)	$\geq 95\ %$
Reordenaciones génicas (VAF del 0,5 %)	$\geq 95\ %$

a. La sensibilidad del análisis se define como el porcentaje de detección en el nivel de variante indicado.

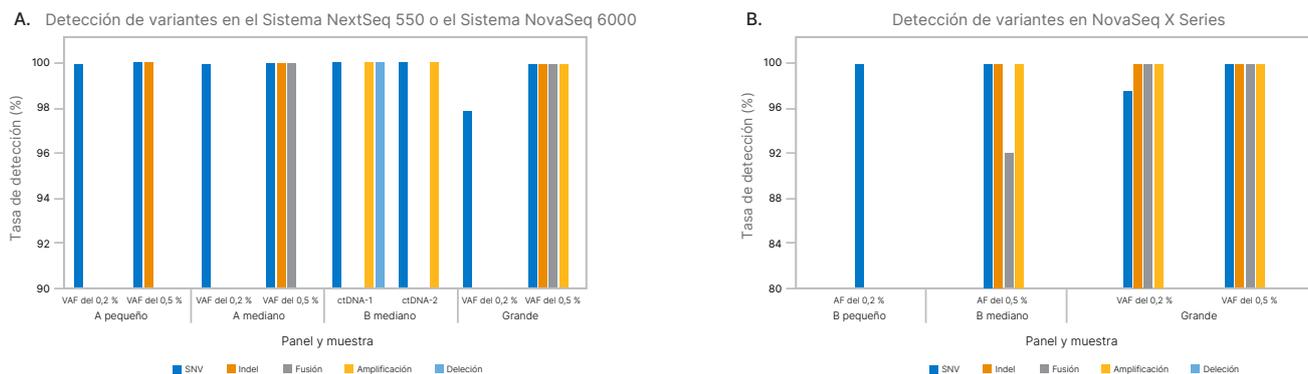


Figura 4: detección de variantes con baja VAF: Las librerías de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment se prepararon con 20 ng de plasma, 20 ng de ADNfc a partir de muestras de sangre completa a las que se añadieron SNV con una VAF del 0,2 % o con 20 ng de ADNtc de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, n.º de catálogo 0710-0531). La llamada de variantes se realizó con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub. (A) Las librerías preparadas se secuenciaron en la plataforma NextSeq 550 System (panel A pequeño de ADNmc de 55 kb) o NovaSeq 6000 System (paneles A medianos de 250 kb, B medianos de 300 kb y paneles grandes de 2000 kb) con una profundidad de lectura promedio de 10 millones, 46 millones, 54 millones o 450 millones de lecturas individuales en el caso de los paneles pequeños, medianos y grandes, respectivamente. Los paneles A pequeños, A medianos y B medianos se secuenciaron a ~30 000x y el panel grande a ~35 000x de cobertura en objetivo. (B) Las librerías de paneles B pequeños y B medianos se secuenciaron en carriles individuales de una celda de flujo 10B y las librerías de paneles grandes en una celda de flujo 1.5B de NovaSeq X System. La profundidad de lectura promedio fue de 32 millones, 54 millones y 340 millones de lecturas individuales para paneles B pequeños, B medianos y paneles grandes, respectivamente. Todos los paneles se secuenciaron con una cobertura en objetivo de ~30 000x.

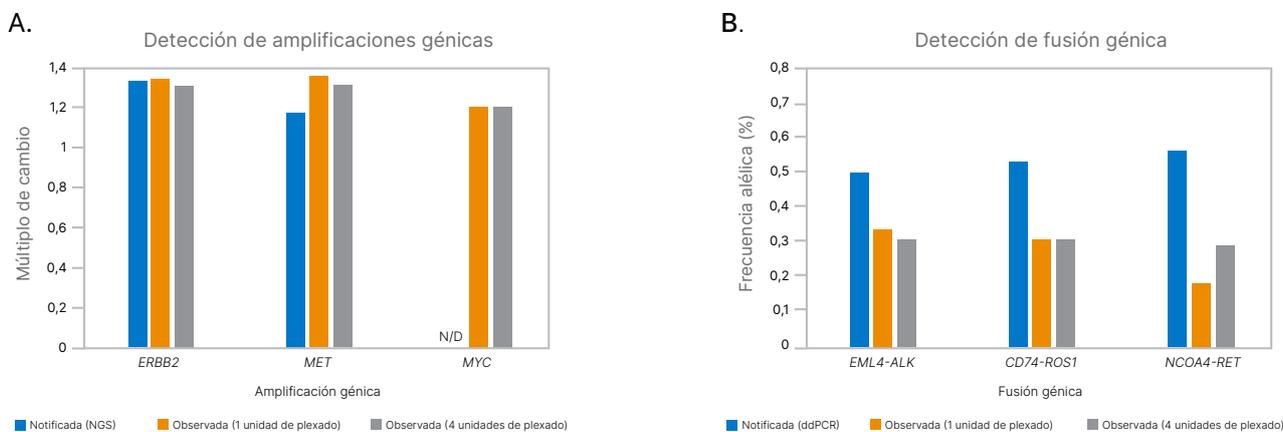


Figura 5: detección de amplificaciones génicas y fusiones génicas de baja abundancia. Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment demuestra un rendimiento excelente para detectar (A) amplificaciones génicas y (B) fusiones génicas utilizando librerías enriquecidas de 1 y 4 unidades de plexado con contenido personalizado. Las librerías se prepararon a partir de 20 ng de ADNec de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0,5 % (SeraCare, n.º de catálogo 0710-0531). Cuatro librerías se enriquecieron individualmente con un panel de ADNmc de 80 pb de 2000 kb (1 unidad de plexado) y las mismas cuatro librerías se volvieron a enriquecer con el mismo panel siguiendo el formato de multiplexado (4 unidades de plexado). Las librerías se secuenciaron en NovaSeq 6000 System con una profundidad de lectura promedio de 400 millones de lecturas individuales ($\geq 35 000\times$ de cobertura en objetivo). Los datos se analizaron con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub. Las tres amplificaciones y fusiones génicas de la muestra de referencia se detectaron en todas las réplicas de librerías enriquecidas de 1 y 4 unidades de plexado con el múltiplo de cambio y la frecuencia alélica indicados. Las discrepancias en la VAF de las fusiones se atribuyen a las diferencias entre los métodos analíticos. Nota: SeraCare no verifica la amplificación génica de MYC mediante métodos de NGS.

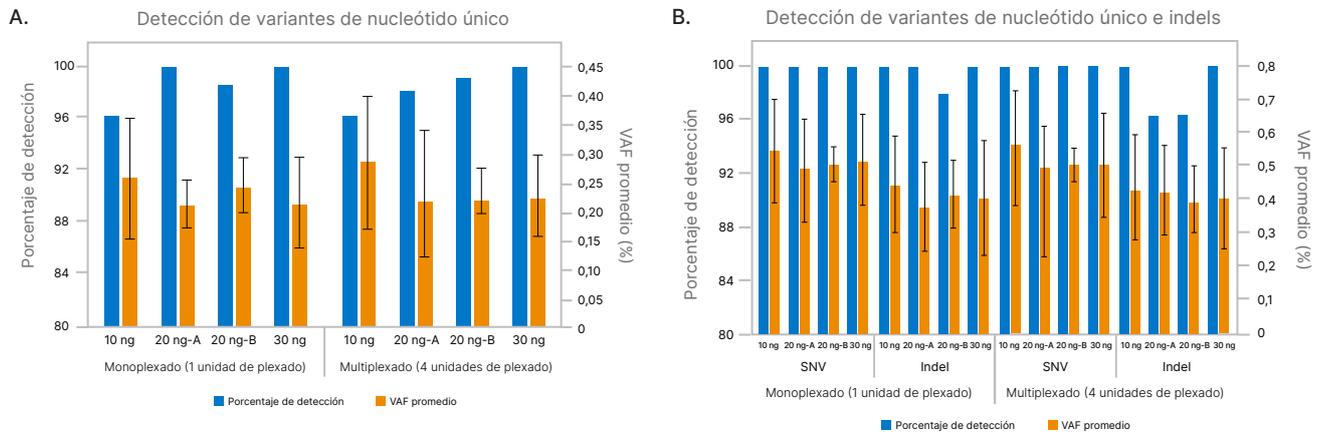


Figura 6: detección sensible de variantes con librerías enriquecidas de 1 y 4 unidades de plexado. Se prepararon librerías Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment a partir de muestras de ADNec (10 ng, 20 ng o 30 ng) a las que se añadió SNV con una (A) VAF del 0,2 % o (B) VAF del 0,5 % utilizando ADNec de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0,5 % (SeraCare, n.º de catálogo 0710-0531). Se enriquecieron individualmente cuatro librerías con un panel de ADNmc de 80 pb de 180 kb (10 ng, 20 ng-A y 30 ng) o un panel de ADNbc de 80 pb de 180 kb (20 ng-B) en el caso del formato de monoplexado (1 unidad de plexado). Las mismas cuatro librerías se volvieron a enriquecer con el mismo panel del formato de multiplexado (4 unidades de plexado). Las librerías se secuenciaron en NexSeq 550 System con una profundidad de lectura promedio de 33 millones de lecturas individuales ($\geq 30\,000\times$ de cobertura en objetivo). A fin de analizar los datos y las variantes de llamada, se utilizó DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub.

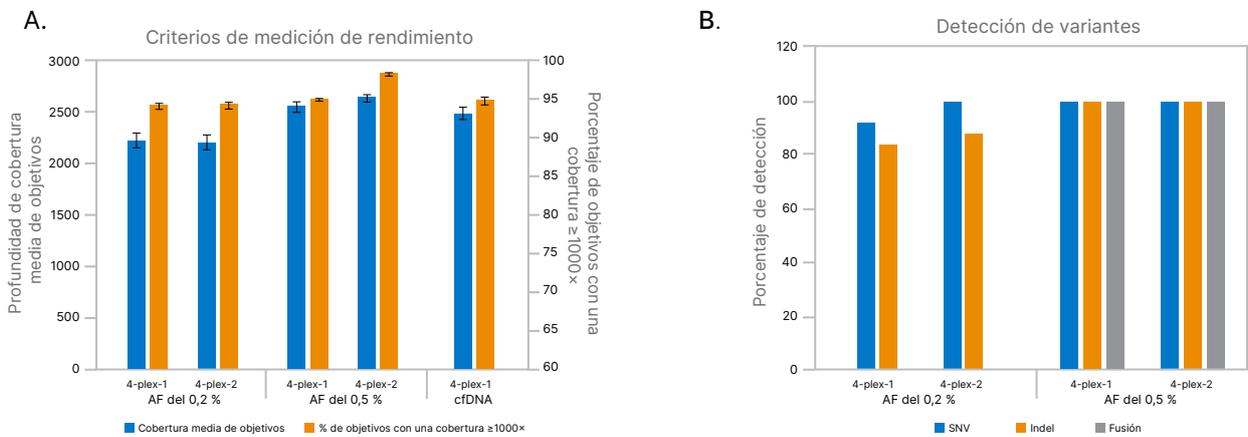


Figura 7: compatibilidad de librerías enriquecidas de 4 unidades de plexado con NovaSeq X Series. Se prepararon librerías Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment a partir de 20 ng de ADNec de donantes sanos (ADNec), ADNec con estirpes celulares a las que se añadió SNV con una VAF del 0,2 % (0,2 % AF) o Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0,5 % (0,5 % AF). Las bibliotecas se indexaron con IDT para Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes (0,2 % AF y cfDNA) o Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes (0,5 % AF) y se enriquecieron con un panel de ADNbc de 120 pb de 250 kb siguiendo el formato de enriquecimiento de 4 unidades de plexado. Las librerías se secuenciaron en una celda de flujo 1.5B de NovaSeq X System con una profundidad de lectura promedio de 46 millones de lecturas individuales ($\sim 30\,000\times$ de cobertura en objetivo). Los datos de rendimiento de la librería (A) y el análisis de llamada de variantes para las variantes esperadas (B) se realizaron con DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub.

Rendimiento optimizado en los sistemas de secuenciación de Illumina

Para demostrar el excelente rendimiento de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment en los sistemas de productividad media y alta de Illumina, las librerías preparadas se enriquecieron y secuenciaron en varios sistemas de Illumina. La sólida y sencilla solución Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment produce resultados fiables en todos los sistemas de secuenciación de Illumina, proporcionando una profundidad de cobertura colapsada por UMI >1500× y una alta uniformidad de cobertura, evaluada por el porcentaje de objetivos con una cobertura >1000× (figura 8A). Se logró una alta tasa de detección de variantes para todos los tipos de variantes en los diferentes sistemas de secuenciación (figura 8B).

Análisis de datos integrado

DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App utiliza algoritmos bioinformáticos acelerados y totalmente integrados para garantizar un rendimiento óptimo del ensayo. El software realiza la corrección de errores basada en UMI, la alineación de secuencias y la llamada de variantes somáticas de variantes pequeñas, CNV y fusiones génicas. DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App se ejecuta localmente en Illumina

DRAGEN Server v4.0.3 de fase 4 o integrado en NovaSeq 6000Dx System (en modo de investigación). El proceso de análisis también se puede ejecutar como una aplicación en la nube en BaseSpace Sequence Hub o a la que se puede acceder a través de Illumina Connected Analytics (ICA), una plataforma genómica segura basada en la nube para ampliar el análisis secundario sin necesidad de adquirir y mantener más infraestructura local.

El proceso de análisis integrado ofrece a los usuarios la flexibilidad de analizar sus datos en función de los paneles utilizados para el enriquecimiento de objetivos, con opciones para alinear sus datos de secuenciación con hg19 o hg38, y realizar análisis específicos y personalizar los flujos de trabajo para adaptarse a sus objetivos de investigación. Los archivos de ruido proporcionados por el usuario se pueden utilizar para filtrar el ruido específico del centro y mejorar la detección de variantes pequeñas. El software también permite a los usuarios marcar variantes de hematopoyesis clonal, excluir regiones específicas de llamadas de variantes pequeñas, realizar llamadas precisas de CNV y detectar puntos de interés somáticos con alta sensibilidad analítica utilizando un archivo de puntos de interés somáticos personalizado o, como alternativa, utilizar las regiones de puntos de interés somáticos integradas en DRAGEN. Los usuarios que acceden a DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en la nube pueden explorar aún más opciones para optimizar su análisis modificando los umbrales para el colapso por UMI y la llamada de variantes pequeñas.

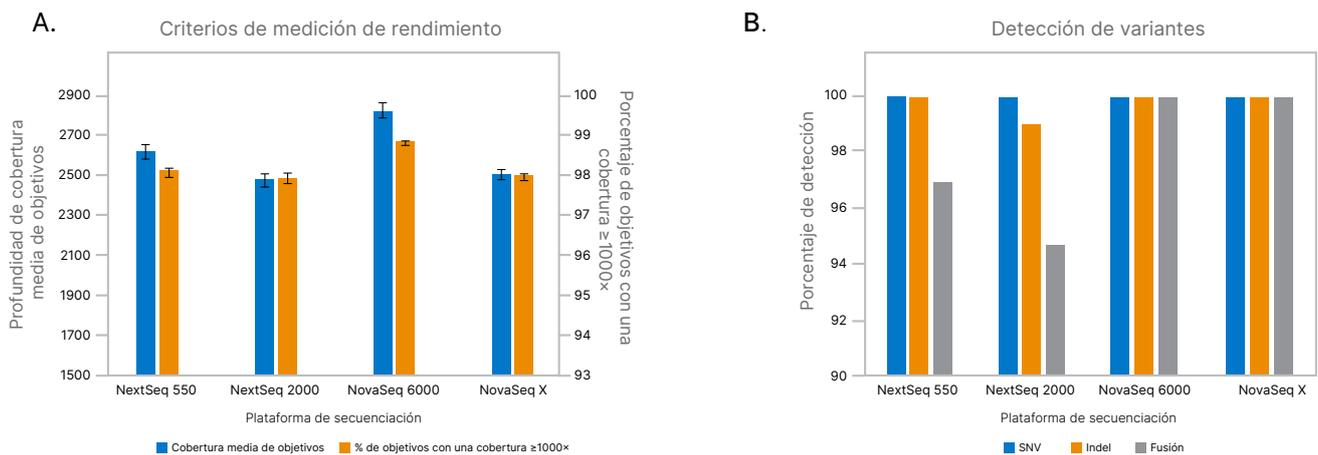


Figura 8: compatibilidad con los sistemas de productividad media y alta de Illumina. Las librerías de Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment se prepararon a partir de 20 ng de ADNtc desde Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0,5 % (SeraCare, n.º de catálogo 0710-0531) y se enriquecieron con un panel de 250 kb de ADNbc de 120 pb. Las librerías se secuenciaron en NextSeq 550 System, NextSeq 2000 System, NovaSeq 6000 System o NovaSeq X System con una profundidad de lectura promedio de 46 millones de lecturas individuales y ≥30 000× de cobertura en objetivo. Se agruparon ocho librerías en el experimento de NextSeq 550 System, 25 librerías en el experimento de NextSeq 2000 System, 51 librerías en un carril de la celda de flujo S4 en el experimento de NovaSeq 6000 System y 27 librerías en un carril único de celdas de flujo 10B en el experimento de NovaSeq X System. A fin de analizar los datos y las variantes de llamada, se utilizó DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App en BaseSpace Sequence Hub.

Los laboratorios pueden aprovechar Illumina Connected Insights para admitir la interpretación y el análisis definidos por el usuario. Los archivos de llamada de variantes producidos de forma local o a través de la nube con DRAGEN en Illumina Connected Analytics se pueden introducir automáticamente en Illumina Connected Insights. Cuando se combina con la integración del sistema de secuenciación y las capacidades de autolanzamiento de Illumina Connected Analytics, el flujo de trabajo de análisis se puede automatizar por completo, lo que elimina la necesidad de puntos de contacto manuales y agiliza el flujo de trabajo desde la secuenciación hasta la información y la generación de borradores de informes.

Flujo de trabajo con capacidad de automatización

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment es compatible con sistemas de manipulación de líquidos para automatizar la preparación de librerías, lo que permite a los laboratorios ajustarse a las necesidades de productividad variables. Con un flujo de trabajo automatizado, los laboratorios pueden lograr una manipulación de muestras de gran reproducibilidad, mantener resultados uniformes e impulsar la eficiencia. La automatización también permite un rápido redimensionamiento de la productividad sin necesidad de tiempo de participación activa adicional. Se pueden lograr mejoras adicionales en la eficiencia adoptando los métodos acreditados por Illumina, disponibles a través de nuestros socios en el campo de la automatización* y revisados por Illumina para garantizar el rendimiento y la calidad de los datos del método.

* Métodos acreditados por Illumina disponibles en el primer semestre de 2025.

Atributos del producto mejorados

Illumina ofrece servicio y asistencia de alto nivel para garantizar el éxito del funcionamiento del laboratorio. Para lograr una mayor eficiencia, Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment cuenta con:

- **Periodo de validez prolongado:** El periodo de validez mínimo garantizado de los reactivos Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment se amplía a seis meses, lo que reduce el riesgo de caducidad del producto y permite a los laboratorios emplear los reactivos según las necesidades de análisis actuales.
- **Notificación de cambios avanzada:** Illumina notifica a los laboratorios seis meses antes de realizar cualquier cambio significativo en un producto del kit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment.

Resumen

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment es una solución versátil, de un único proveedor, de preparación de librerías optimizada para su uso con un aporte reducido de ADNec extraído de muestras de plasma. La solución fácil de usar admite una amplia gama de tamaños de panel y es compatible con paneles de enriquecimiento de Illumina o de terceros, lo que permite flexibilidad de contenido. Con la solución Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, los investigadores pueden detectar variaciones somáticas de baja frecuencia con una sensibilidad analítica excepcional. La solución de alto rendimiento Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, junto con la secuenciación en potentes sistemas de secuenciación de Illumina y el análisis de datos acelerado, ofrece un flujo de trabajo de secuenciación de ADNec de alta calidad, que abarca desde el procesamiento de muestras hasta el análisis de datos, a través de un único socio de confianza.

Más información

[Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment](#)

[Illumina Connected Insights](#)

Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de catálogo
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 samples)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 samples)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment (16 reactions)	20104107
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex)	20104103
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex) On-premises	20104104
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120 bp)	20073953
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120 bp)	20073952

Producto	N.º de catálogo
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1536 µl, 120 bp)	20111339
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034702
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126235
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126237
Illumina Connected Insights—Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Paquete de implementación de Illumina Connected Insights Starter	20071787
Paquete de implementación ampliada de Illumina Connected Insights	20071787 (según el alcance)



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-02096 ESP v3.0