

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Soluzione rapida e flessibile per
il rilevamento delle mutazioni
a bassa abbondanza nel cfDNA

- Rilevamento delle varianti rare con frequenze alleliche ridotte fino allo 0,2% da soli 20 ng di cfDNA estratto dal plasma
- Preparazione delle librerie pronte per il sequenziamento da pannelli forniti dall'utente in circa 8,5-9,5 ore con 2,5-3 ore di interventi manuali
- Analisi dei dati e identificazione delle varianti con elevata sensibilità analitica utilizzando l'analisi secondaria DRAGEN™
- Interpretazione definita dall'utente e generazione di report di ricerca con Illumina Connected Insights

illumina®

Introduzione

È emerso che il DNA libero circolante (cfDNA, circulating cell-free DNA) nel plasma è un importante biomarcatore non invasivo della malattia nel cancro, nelle malattie cardiovascolari e nel trapianto di organi. Nel campo della ricerca sul cancro, il sequenziamento del cfDNA da biopsie liquide fornisce preziose informazioni sull'eterogeneità del tumore, consente la mappatura dei biomarcatori e funge da integrazione o da alternativa ai campioni di biopsia tissutale quando il tessuto non è prontamente disponibile. Poiché generalmente i campioni di plasma contengono ridotte quantità di cfDNA proveniente dalle cellule di interesse, per rilevare varianti somatiche rare occorre un saggio affidabile e sensibile. I pannelli genici fissi consentono l'identificazione delle varianti, ma sono di utilità limitata per lo studio di nuovi target e la gestione delle variazioni nei geni di interesse.

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment è una soluzione versatile per la preparazione delle librerie (Tabella 1) che si avvale delle potenzialità della tecnologia di sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing) per conseguire un rilevamento altamente sensibile delle varianti a bassa abbondanza nei campioni di cfDNA. Questa soluzione comprende

Tabella 1: panoramica di ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Parametro	Specifica
Tipo di DNA	cfDNA da plasma o sangue intero
Input di DNA ^a	10-30 ng
Multiplex campioni	192 indici doppi univoci
Indicazione dei duplicati	Identificatori molecolari univoci (UMI, unique molecular identifier) non casuali
Numero di plex di arricchimento	1 plex o 4 plex
Sistemi di sequenziamento supportati	NextSeq 550 System NextSeq 2000 System, celle a flusso P3 o P4 NovaSeq 6000 System o NovaSeq 6000Dx System (in modalità di ricerca), celle a flusso P3 o P4 NovaSeq X Series, celle a flusso 1.5B o 10B
Durata totale del flusso di lavoro ^b	Circa 8,5-9,5 ore ^c
Interventi manuali totali	Circa 2,5-3 ore

a. Consigliati 20 ng di input di cfDNA.
b. Include le fasi di preparazione, arricchimento e normalizzazione delle librerie.
c. Tempistiche del flusso di lavoro per le sonde a singolo filamento e a doppio filamento, rispettivamente.

il kit di preparazione delle librerie, i pannelli personalizzati e i sistemi di sequenziamento ILLUMINA a media e alta processività, incluso NovaSeq™ X Series, il tutto offerto da un unico fornitore. L'analisi dei dati viene eseguita con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment. ILLUMINA Connected Insights può essere utilizzato per consentire l'analisi e l'interpretazione definite dall'utente.

Flusso di lavoro ottimizzato

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment fa parte di un flusso di lavoro integrato per il sequenziamento del cfDNA e offre eccellenti prestazioni ed elevata qualità dei dati. Il flusso di lavoro scalabile inizia con il cfDNA estratto da sangue intero o plasma, quindi prosegue con il sequenziamento su sistemi ILLUMINA a media e alta processività e con l'identificazione di varianti altamente accurata tramite l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment (Figura 1). Questa soluzione di facile utilizzo offre prestazioni elevate con contenuti di diverse dimensioni, oltre a essere compatibile con l'automazione della gestione dei liquidi e il multiplex campioni per un'efficiente scalabilità.

Preparazione veloce e flessibile delle librerie

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment è un saggio basato sulla ligazione che utilizza un'unica fase di ibridazione per la preparazione rapida delle librerie (Figura 2). ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment è compatibile con gli oligonucleotidi di arricchimento ILLUMINA forniti dall'utente. Per utilizzare pannelli di arricchimento personalizzati in base allo specifico elenco di geni target è disponibile lo strumento gratuito online DesignStudio™ di ILLUMINA. DesignStudio è compatibile con le sonde di arricchimento del DNA a singolo filamento (ssDNA, single-stranded DNA) e con le sonde di arricchimento del DNA a doppio filamento (dsDNA, double-stranded DNA) v2. Per una migliore portabilità del contenuto, ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment può essere utilizzato con le sonde ssDNA di Integrated DNA Technologies e le sonde dsDNA di Twist Bioscience. Il kit è compatibile con pannelli da 55-2.000 kb di ssDNA e da 70-2.000 kb di dsDNA, il che consente di progettare gli studi in maniera flessibile. Le librerie pronte per il sequenziamento vengono preparate in circa 8,5-9,5 ore, con interventi manuali limitati a circa 2,5-3 ore. Ciò permette ai ricercatori di passare dal cfDNA estratto al sequenziamento in un solo giorno. Per la massima efficienza e flessibilità, il kit è compatibile con il cfDNA estratto direttamente dal sangue periferico o dal plasma utilizzando metodi di purificazione a base di colonne o microsferi disponibili in commercio.



Figura 1: dal cfDNA ai risultati con un solo partner. Illumina supporta un flusso di lavoro ottimizzato per il sequenziamento del cfDNA, dalla preparazione delle librerie al sequenziamento e all'analisi dei dati.

a. La linea di prodotti Illumina Connected Insights supporta l'analisi definita dall'utente grazie alle chiamate basate su interfacce di programmazione applicativa (API, Application Programming Interface) indirizzate a fonti di contenuti di terze parti.

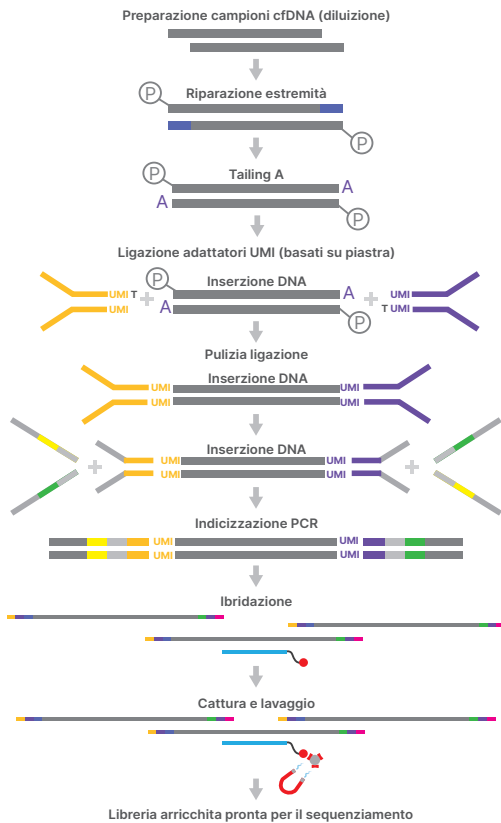


Figura 2: chimica di Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. Per prima cosa, i frammenti di cfDNA vengono riparati e legati a identificatori molecolari univoci (UMI, Unique Molecular Identifier) non casuali. Gli indici doppi unici sono incorporati per il multiplex durante l'amplificazione della PCR. Successivamente, le librerie vengono arricchite per regioni di interesse mirate con sonde biotilate, utilizzando una singola fase di ibridazione. Le librerie arricchite vengono amplificate e normalizzate per il sequenziamento su sistemi di sequenziamento Illumina a media o alta processività.

Per dimostrare la compatibilità di Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment con pannelli di arricchimento di vari formati e dimensioni, sono state preparate librerie a partire da 20 ng di cfDNA con pannelli di arricchimento piccoli, medi o grandi (Tabella 2). Le librerie preparate sono state sequenziate su NextSeq™ 550 System, su NovaSeq 6000 System o su NovaSeq X System. I dati sono stati analizzati con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace™ Sequence Hub. I risultati dimostrano che Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment fornisce una profondità superiore a 1.500× di copertura compressa in base agli identificatori UMI e un'elevata uniformità di copertura, valutate in base alla percentuale di target con copertura superiore a 1.000×, su pannelli di arricchimento di dimensioni e formati diversi (Figura 3).

Tabella 2: parametri utilizzati per la progettazione dei pannelli di arricchimento

Pannello	Dimensioni	Formato sonda	Tipi di varianti
Piccolo-A ^a	55 kb	80 bp di ssDNA	SNV, indel
Piccolo-B ^a	180 kb	80 bp di ssDNA	SNV, indel
Medio-A ^b	250 kb	120 bp di dsDNA	SNV, indel, fusioni
Medio-B ^c	300 kb	80 bp di ssDNA	SNV, indel, fusioni, CNV
Grande ^d	2.000 kb	80 bp di ssDNA	SNV, indel, fusioni, CNV

- Le sonde sono state affiancate con una sovrapposizione di 20 bp tra le regioni codificanti per i geni di interesse.
- Le sonde sono state affiancate end-to-end tra le regioni codificanti per i geni di interesse. I breakpoint di fusione sono stati mirati con sonde sovrapposte a un affiancamento a 2×.
- Le sonde sono state affiancate con la sovrapposizione di 20 bp tra le regioni codificanti per i geni di interesse e tra i breakpoint di fusione. Per il rilevamento delle CNV di geni con regioni CDS piccole (ad esempio, MYC), le sonde sono state integrate a bassa densità tra gli introni.
- Progettazione personalizzata con ottimizzazione in laboratorio umido. SNV (Single Nucleotide Variant), variante a singolo nucleotide; indel, inserzione-delezione; CNV (Copy Number Variant), variante del numero di copie

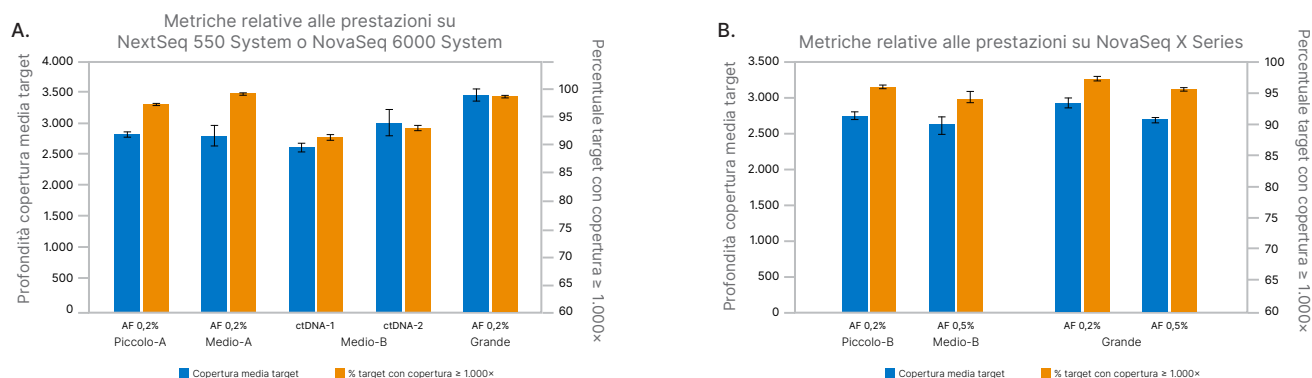


Figura 3: compatibilità con pannelli di diverse dimensioni. Sono stati preparati più replicati delle librerie (4-8) a partire da 20 ng di cfDNA ottenuto dal plasma, 20 ng di cfDNA ottenuto da campioni di sangue intero addizionati con SNV a una VAF dello 0,2% o 20 ng di Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, * n. di catalogo 0710-0531) utilizzando Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. I dati sono stati analizzati con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub. (A) Le librerie sono state sequenziate su NextSeq 550 System (pannello piccolo-A) o NovaSeq 6000 System (pannelli medio-A, medio-B e grande) con una profondità di lettura media pari a 10 milioni, 46 milioni, 54 milioni o 450 milioni di letture singole per i pannelli piccolo, medi e grande, rispettivamente. I pannelli piccolo-A e medio-A sono stati sequenziati a circa 30.000× e il pannello grande a circa 35.000× di copertura sul target. (B) Le librerie dei pannelli piccolo-B e medio-B sono state sequenziate su singole corsie di una cella a flusso 10B, mentre le librerie del pannello grande su una cella a flusso 1.5B di NovaSeq X System. La profondità di lettura media era pari a 32 milioni, 54 milioni e 340 milioni di letture singole per i pannelli piccolo-B, medio-B e grande, rispettivamente. Tutti i pannelli sono stati sequenziati a circa 30.000× di copertura sul target.* Seracare fa parte di LGC Diagnostics.

Rilevamento sensibile delle varianti a bassa frequenza

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment include una chimica di preparazione delle librerie migliorata per aumentare l'efficienza di conversione delle librerie e rilevare varianti a bassa abbondanza con frequenze alleliche (VAF, Variant Allele Frequency) minime, fino allo 0,2%. Per dimostrare che Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment consente di ottenere risultati di alta qualità, gli scienziati Illumina hanno svolto degli studi al fine di valutare la capacità di identificare le varianti a singolo nucleotide (SNV), le variazioni del numero di copie (CNV) e le fusioni geniche. Le librerie preparate utilizzando Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sono state sequenziate su NextSeq 550 System, NovaSeq 6000 System o NovaSeq X System. L'identificazione di varianti è stata eseguita con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub. I risultati dimostrano la capacità di rilevare mutazioni allo 0,2% di VAF con appena 20 ng di cfDNA per le varianti piccole, con sensibilità analitica superiore al 90% (Tabella 3, Figure 4-5) e specificità analitica del 99,98%.

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment supporta il multiplex campioni e, come dimostrano le verifiche eseguite, fornisce valori accurati di SNV, inserzione-delezione (indel), CNV e richiamo della fusione genica per librerie arricchite con 1 plex e 4 plex (Figure 5-7).

Tabella 3: rilevamento altamente preciso di varianti a bassa abbondanza

Tipo di variante	Sensibilità analitica ^a
Piccole varianti (0,2% VAF)	≥90%
Indel (0,5% VAF)	≥90%
Amplificazioni geniche (variazione 1,3 volte)	≥95%
Delezioni geniche (variazione 0,6 volte)	≥95%
Riarrangiamenti genici (0,5% VAF)	≥95%

a. La sensibilità analitica è definita come percentuale di rilevamento al livello di variante dichiarato.

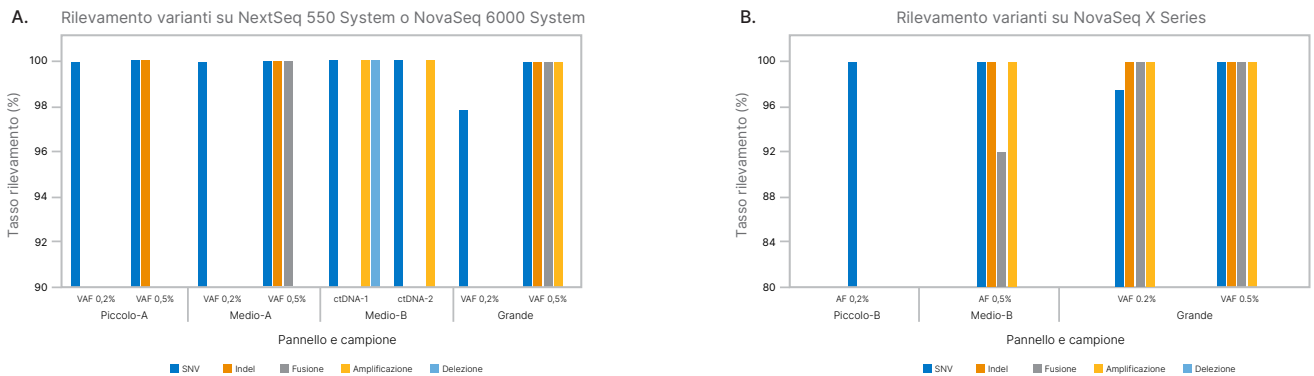


Figura 4: rilevamento delle varianti a bassa VAF. Le librerie Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sono state preparate utilizzando 20 ng di cfDNA da campioni di plasma, 20 ng di cfDNA da campioni di sangue intero addizionato con SNV a una VAF dello 0,2% o 20 ng di cfDNA da SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, n. di catalogo 0710-0531). L'identificazione di varianti è stata eseguita con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub. (A) Le librerie preparate sono state sequenziate su NextSeq 550 System (pannello piccolo-A con 55 kb di ssDNA) o NovaSeq 6000 System (pannelli medio-A da 250 kb, medio-B da 300 kb e grande da 2.000 kb) con una profondità di lettura media pari a 10 milioni, 46 milioni, 54 milioni o 450 milioni di letture singole per i pannelli piccolo, medi e grande, rispettivamente. I pannelli piccolo-A, medio-A e medio-B sono stati sequenziati a circa 30.000× e il pannello grande a circa 35.000× di copertura sul target. (B) Le librerie dei pannelli piccolo-B e medio-B sono state sequenziate su singole corsie di una cella a flusso 10B, mentre le librerie del pannello grande su una cella a flusso 1.5B di NovaSeq X System. La profondità di lettura media era pari a 32 milioni, 54 milioni e 340 milioni di letture singole per i pannelli piccolo-B, medio-B e grande, rispettivamente. Tutti i pannelli sono stati sequenziati a circa 30.000× di copertura sul target.

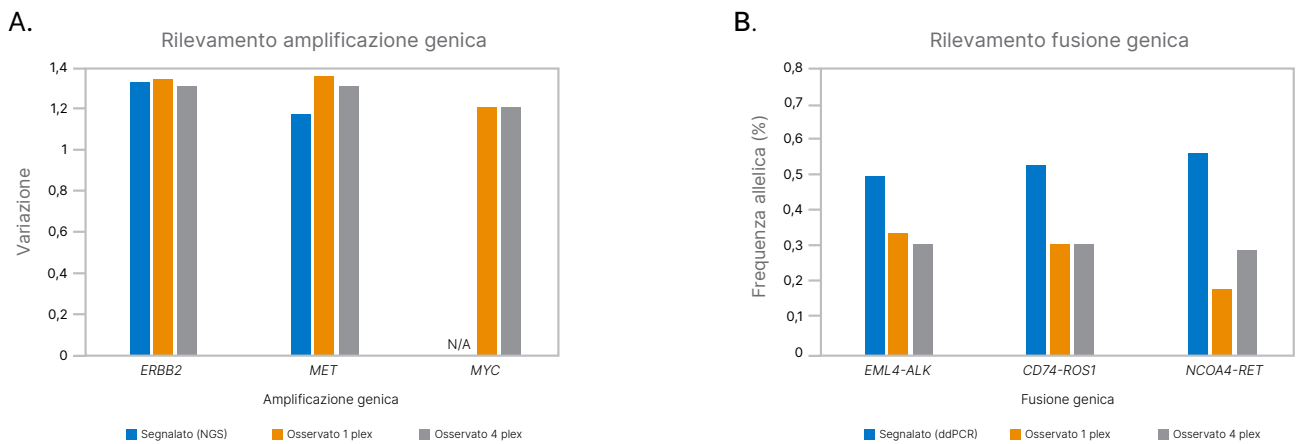


Figura 5: rilevamento di fusioni geniche e amplificazioni geniche a bassa abbondanza. Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment dimostra prestazioni eccellenti per il rilevamento di (A) amplificazioni geniche e (B) fusioni geniche utilizzando librerie arricchite sia con 1 plex sia con 4 plex con contenuti personalizzati. Le librerie sono state preparate con 20 ng di cfDNA da SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n. di catalogo 0710-0531). Quattro librerie sono state arricchite singolarmente con un pannello di 2.000 kb per 80 bp di ssDNA (1 plex) e le stesse quattro librerie sono state nuovamente arricchite con il medesimo pannello seguendo il formato multiplex (4 plex). Le librerie sono state sequenziate su NovaSeq 6000 System a una profondità di lettura media pari a 400 milioni di letture singole (con copertura sul target pari o superiore a 35.000×). I dati sono stati analizzati con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub. Le tre amplificazioni e fusioni geniche nel campione di riferimento sono state rilevate in tutti i replicati di librerie arricchite con 1 plex e 4 plex alla variazione e alla frequenza allelica indicate. Le discrepanze della VAF per le fusioni sono attribuite alle differenze tra i metodi di test. Nota: SeraCare non verifica l'amplificazione genica MYC mediante metodi NGS.

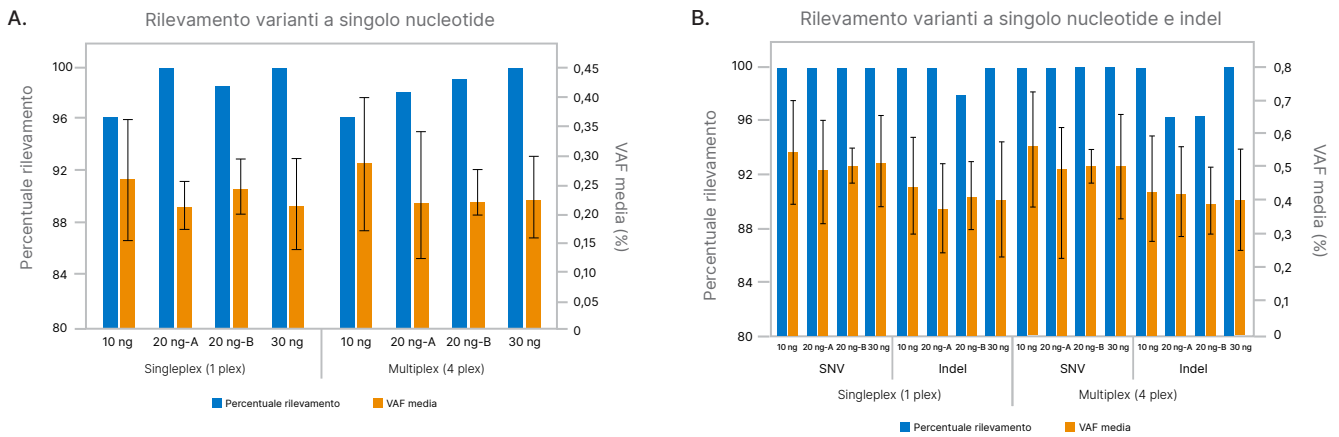


Figura 6: rilevamento sensibile delle varianti con librerie arricchite con 1 plex e 4 plex. Le librerie Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sono state preparate con campioni di cfDNA (10 ng, 20 ng o 30 ng) addizionati con SNV a una (A) VAF dello 0,2% o a una (B) VAF dello 0,5% utilizzando cfDNA da SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n. di catalogo 0710-0531). Quattro librerie sono state arricchite singolarmente con un pannello da 180 kb per 80 bp di ssDNA (10 ng, 20 ng-A e 30 ng) o un pannello da 180 kb per 80 bp di dsDNA (20 ng-B) per il formato singleplex (1 plex). Le stesse quattro librerie sono state nuovamente arricchite con lo stesso pannello per il formato multiplex (4 plex). Le librerie sono state sequenziate su NextSeq 550 System a una profondità di lettura media pari a 33 milioni di letture singole (con copertura sul target pari o superiore a 30.000x). L'analisi dei dati e l'identificazione delle varianti sono state eseguite con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub.

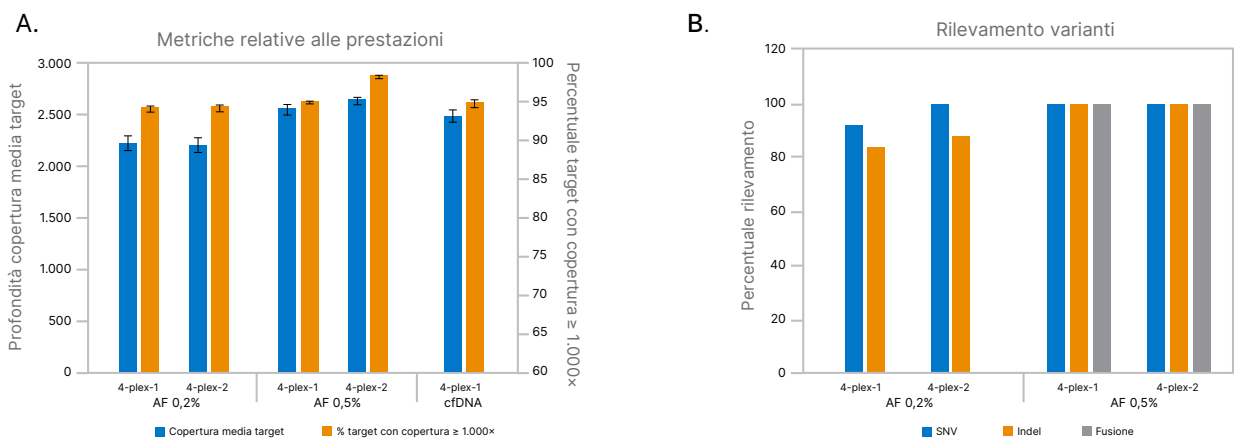


Figura 7: compatibilità con NovaSeq X Series delle librerie arricchite con 4 plex. Le librerie Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sono state preparate con 20 ng di cfDNA da donatori sani (cfDNA), cfDNA addizionato con SNV a una VAF dello 0,2% (AF 0,2%) o SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (AF 0,5%). Le librerie sono state indicizzate con IDT per gli indici UMI DNA/RNA UD Illumina (AF 0,2% e cfDNA) o gli indici UMI DNA/RNA UD v3 Illumina (AF 0,5%) e arricchite con un pannello da 250 kb per 120 bp di dsDNA seguendo il formato di arricchimento a 4 plex. Le librerie sono state sequenziate su una cella a flusso 1.5B di NovaSeq X System a una profondità di lettura media pari a 46 milioni di letture singole (con copertura sul target di circa 30.000x). Le metriche delle prestazioni delle librerie (A) e l'analisi dell'identificazione delle varianti previste (B) sono state eseguite con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub.

Prestazioni ottimizzate su più sistemi di sequenziamento Illumina

Per dimostrare le eccellenti prestazioni di Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sui sistemi Illumina a media e alta processività, le librerie preparate sono state arricchite e sequenziate su più sistemi Illumina. La soluzione Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, semplice ma affidabile, fornisce risultati attendibili su tutti i sistemi di sequenziamento Illumina, con profondità di copertura con raggruppamento UMI superiore a 1.500x ed elevata uniformità di copertura, come emerso dalla percentuale di target con copertura superiore a 1.000x (Figura 8A). È stato ottenuto un elevato tasso di rilevamento per tutti i tipi di varianti sui diversi sistemi di sequenziamento (Figura 8B).

Analisi integrata dei dati

L'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment utilizza algoritmi di bioinformatica accelerati e completamente integrati per assicurare prestazioni ottimali dei saggi. Il software esegue la correzione degli errori basata sugli identificatori UMI, l'allineamento delle sequenze e l'identificazione delle varianti somatiche di varianti piccole, CNV e fusioni geniche. L'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment funziona in locale su un Illumina DRAGEN Server v4.0.3 di fase 4 o come soluzione

integrata su NovaSeq 6000Dx System (in modalità di ricerca). La pipeline di analisi può anche essere eseguita come applicazione cloud su BaseSpace Sequence Hub o è possibile accedervi tramite Illumina Connected Analytics (ICA), una piattaforma genomica sicura basata su cloud per ampliare l'analisi secondaria senza la necessità di acquistare e gestire un'infrastruttura locale più estesa.

La pipeline di analisi integrata offre agli utenti la flessibilità di analizzare i dati in base ai pannelli utilizzati per l'arricchimento del target, con opzioni per allineare i dati di sequenziamento a hg19 o hg38, eseguire analisi specifiche e personalizzare i flussi di lavoro in base agli obiettivi di ricerca. I file di rumore forniti dall'utente possono essere utilizzati per filtrare il rumore specifico del sito e migliorare il rilevamento delle varianti piccole. Il software consente inoltre agli utenti di contrassegnare le varianti dell'ematopoiesi clonale, escludere determinate regioni dall'identificazione di varianti piccole, identificare con precisione le CNV e rilevare hotspot somatici con elevata sensibilità analitica mediante un file di hotspot somatici personalizzato o, in alternativa, tramite le regioni di hotspot somatici DRAGEN integrate. Gli utenti che accedono all'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment basata sul cloud hanno a disposizione ancora più opzioni per ottimizzare l'analisi, modificando le soglie per il raggruppamento UMI e l'identificazione di varianti piccole.

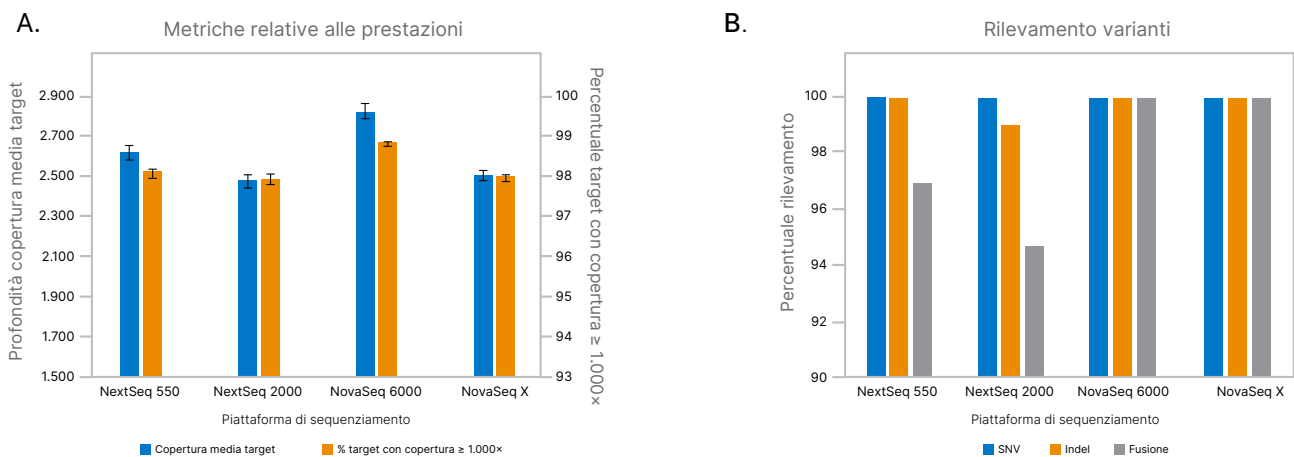


Figura 8: compatibilità con i sistemi Illumina a media e alta processività. Le librerie Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sono state preparate con 20 ng di cfDNA da SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n. di catalogo 0710-0531) e arricchite con un pannello da 250 kb per 120 bp di dsDNA. Le librerie sono state sequenziate su NextSeq 550 System, NextSeq 2000 System, NovaSeq 6000 System o NovaSeq X System a una profondità di lettura media pari a 46 milioni di letture singole e con copertura sul target pari o superiore a 30.000x. Otto librerie sono state raggruppate in pool per la corsa su NextSeq 550 System, 25 per la corsa su NextSeq 2000 System, 51 su una corsia della cella a flusso S4 per la corsa su NovaSeq 6000 System e 27 su una corsia di una cella a flusso 10B per la corsa su NovaSeq X System. L'analisi dei dati e l'identificazione delle varianti sono state eseguite con l'app DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment in BaseSpace Sequence Hub.

I laboratori possono usufruire di Illumina Connected Insights per integrare l'interpretazione e l'analisi definite dall'utente. I file di identificazione di varianti creati localmente o tramite il cloud con DRAGEN su Illumina Connected Analytics possono essere automaticamente acquisiti in Illumina Connected Insights. Se combinato con l'integrazione del sistema di sequenziamento e le funzionalità di avvio automatico di Illumina Connected Analytics, il flusso di lavoro di analisi può essere completamente automatizzato, eliminando i punti di contatto manuali e semplificando il processo dal sequenziamento fino al recupero di informazioni dettagliate e alla generazione di report preliminari.

Flusso di lavoro compatibile con l'automazione

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment è compatibile con i sistemi di gestione dei liquidi per automatizzare la preparazione delle librerie, il che permette ai laboratori di adattarsi al mutare delle esigenze di processività. Grazie a un flusso di lavoro automatizzato, i laboratori possono affidarsi a una gestione dei campioni altamente riproducibile, mantenere risultati coerenti e aumentare l'efficienza. L'automazione consente inoltre una processività rapidamente scalabile senza la necessità di altri interventi manuali. Ulteriori miglioramenti in termini di efficienza sono raggiungibili adottando i metodi qualificati Illumina*, disponibili presso i nostri partner di automazione ed esaminati da Illumina al fine di garantirne le prestazioni e la qualità dei dati.

* I metodi qualificati Illumina saranno disponibili nella prima metà del 2025.

Attributi avanzati del prodotto

Illumina offre livelli elevati di assistenza e supporto per garantire il corretto funzionamento del laboratorio. Per aumentare ulteriormente l'efficienza, Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment presenta le seguenti caratteristiche:

- **Maggiore durata di conservazione.** La durata di conservazione minima garantita per i reagenti Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment è estesa a sei mesi, il che riduce il rischio di scadenza e consente ai laboratori di utilizzare i reagenti in base alle attuali esigenze di analisi.
- **Notifica precoce in caso di modifiche.** Illumina informa i laboratori sei mesi prima che vengano apportate modifiche significative a un prodotto del kit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment.

Riepilogo

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment è una soluzione versatile per la preparazione delle librerie, ottimizzata per l'uso con cfDNA a basso input estratto da campioni di plasma e offerta da un unico fornitore. Facile da usare, supporta pannelli di varie dimensioni ed è compatibile con pannelli di arricchimento di Illumina o di terzi per una notevole flessibilità a livello di contenuto. Grazie alla soluzione Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, i ricercatori possono rilevare variazioni somatiche a bassa frequenza con un'eccezionale sensibilità analitica. La soluzione Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ad alte prestazioni, insieme al sequenziamento sui potenti sistemi di sequenziamento Illumina e all'analisi accelerata dei dati, fornisce un flusso di lavoro di sequenziamento del cfDNA di alta qualità, che comprende l'intero processo, dall'elaborazione dei campioni all'analisi dei dati, il tutto fornito da un solo partner affidabile.

Maggiori informazioni

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

[Illumina Connected Insights](#)

Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 samples)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 samples)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep, 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

Prodotto	N. di catalogo
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
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126237
Illumina Connected Insights—Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Illumina Connected Insights Starter Implementation Package	20071787
Illumina Connected Insights Expanded Implementation Package	20071787 (come previsto)



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari.
 Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.

M-GL-02096 ITA v3.0