

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Solution rapide et flexible pour détecter les mutations de faible abondance dans l'ADNa

- Détectez les variants rares avec des fréquences alléliques aussi basses que 0,2 % à partir de seulement 20 ng d'ADNa extrait du plasma
- Préparez des bibliothèques prêtes pour le séquençage à partir de panels fournis par l'utilisateur en approximativement 8,5 à 9,5 heures avec une durée de manipulation de 2,5 à 3 heures
- Analysez les données et réalisez un appel des variants avec une sensibilité analytique élevée à l'aide de l'analyse secondaire DRAGEN^{MC}
- Permettez l'interprétation définie par l'utilisateur et la génération de rapports de recherche avec Illumina Connected Insights

illumina^{MD}

Introduction

L'ADN acellulaire (ADNa) circulant dans le plasma est devenu un biomarqueur non invasif important dans le cancer, les maladies cardiovasculaires et la greffe d'organes. Dans le domaine de la recherche sur le cancer, le séquençage de l'ADNa à partir de biopsies liquides fournit des renseignements précieux sur l'hétérogénéité tumorale, permet le profilage des biomarqueurs et sert de complément ou d'alternative aux échantillons de biopsie tissulaire en cas de tissus difficiles à obtenir. Étant donné que les échantillons de plasma contiennent généralement de faibles quantités d'ADNa provenant de cellules d'intérêt, un test fiable et sensible est nécessaire pour détecter les variants somatiques rares. Les panels de gènes préconçus permettent l'identification des variants, mais ont une utilité limitée dans l'étude de nouvelles cibles et l'adaptation aux changements dans les gènes d'intérêt.

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment est une solution polyvalente de préparation de bibliothèques (tableau 1) qui exploite la puissance de la technologie de séquençage de nouvelle génération (SNG) pour obtenir une détection hautement sensible des variants de faible abondance dans les échantillons d'ADNa.

Tableau 1 : Présentation d'ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Paramètre	Caractéristique
Type d'ADN	ADNa provenant de plasma ou de sang total
Entrée d'ADN ^a	10 à 30 ng
Multiplexage des échantillons	192 index doubles uniques
Marquage des répétitions	Identifiants moléculaires uniques (IMU) non aléatoires
Plexité d'enrichissement	1 ou 4 niveaux
Systèmes de séquençage pris en charge	NextSeq 550 System NextSeq 2000 System, Flow Cell P3 ou P4 NovaSeq 6000 System ou NovaSeq 6000Dx System (en mode recherche), Flow Cell P3 ou P4 Série NovaSeq X, Flow Cell 1.5B ou 10B
Durée totale du flux de travail ^b	~ 8,5 à 9,5 heures ^c
Durée de manipulation totale	~ 2,5 à 3 heures

a. 20 ng d'entrée d'ADNa recommandés.
b. Comprend les étapes de préparation, d'enrichissement et de normalisation de bibliothèques.
c. Durées du flux de travail pour les sondes à simple brin et à double brin, respectivement.

Cette solution à fournisseur unique comprend la trousse de préparation de bibliothèques, des panels personnalisés et les systèmes de séquençage à débit moyen à élevé d'ILLUMINA, notamment la série NovaSeq^{MC} X. L'analyse des données est effectuée à l'aide de l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment. ILLUMINA Connected Insights peut être utilisé pour permettre une analyse et une interprétation définies par l'utilisateur.

Flux de travail rationalisé

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment fait partie d'un flux de travail de séquençage d'ADNa intégré, offrant une performance et une qualité des données excellentes. Le flux de travail évolutif commence par l'extraction de l'ADNa à partir de plasma ou de sang total, suivie par un séquençage sur les systèmes à débit moyen et élevé d'ILLUMINA, et un appel des variants très précis à l'aide de l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment (figure 1). Cette solution conviviale offre des performances élevées dans une large gamme de tailles de contenu, est compatible avec l'automatisation de la manipulation des liquides et prend en charge le multiplexage des échantillons pour un développement efficace.

Préparation de bibliothèques rapide et flexible

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment est un test basé sur la ligation qui utilise une seule étape d'hybridation pour la préparation rapide de bibliothèques (figure 2). ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment est compatible avec les oligonucléotides d'enrichissement fournis par l'utilisateur par ILLUMINA. Procurez-vous des panels d'enrichissement personnalisés en fonction de votre liste de gènes cibles spécifiée à l'aide de l'outil en ligne gratuit [DesignStudio^{MC}](#) d'ILLUMINA. L'outil DesignStudio est compatible avec les sondes d'enrichissement d'ADN simple brin (ADNsb) et les sondes d'enrichissement d'ADN double brin (ADNdb) v2. Pour un meilleur transfert du contenu, ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment peut être utilisé avec les sondes d'ADNsb d'Integrated DNA Technologies et les sondes d'ADNdb de Twist Bioscience. La trousse prend en charge des contenus de panel de 55 à 2 000 kb d'ADNsb et de 70 à 2 000 kb d'ADNdb, offrant ainsi une conception d'étude modulable. Les bibliothèques prêtes pour le séquençage sont préparées en approximativement 8,5 à 9,5 heures, avec une durée de manipulation de seulement 2,5 à 3 heures environ, ce qui permet aux chercheurs de passer de l'extraction de l'ADNa au séquençage en une seule journée. Pour une efficacité et une flexibilité maximales, la trousse est compatible avec l'ADNa extrait directement du sang périphérique ou du plasma à l'aide de méthodes de purification par colonnes ou billes disponibles sur le marché.

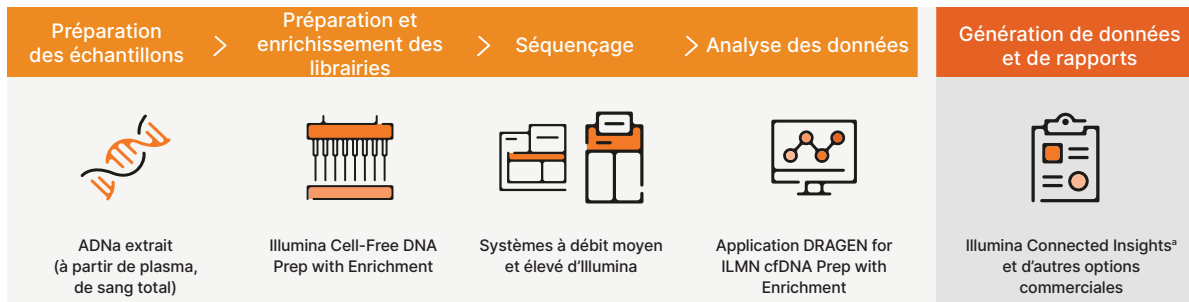


Figure 1 : De l'ADNa aux résultats à partir d'un seul partenaire : Illumina prend en charge un flux de travail rationalisé pour le séquençage de l'ADNa, couvrant la préparation des bibliothèques, le séquençage et l'analyse des données.

a. La gamme de produits Illumina Connected Insights prend en charge l'analyse définie par l'utilisateur par le biais d'appels basés sur l'interface de programmation d'application (API, Application Programming Interface) à des sources de connaissances tierces.

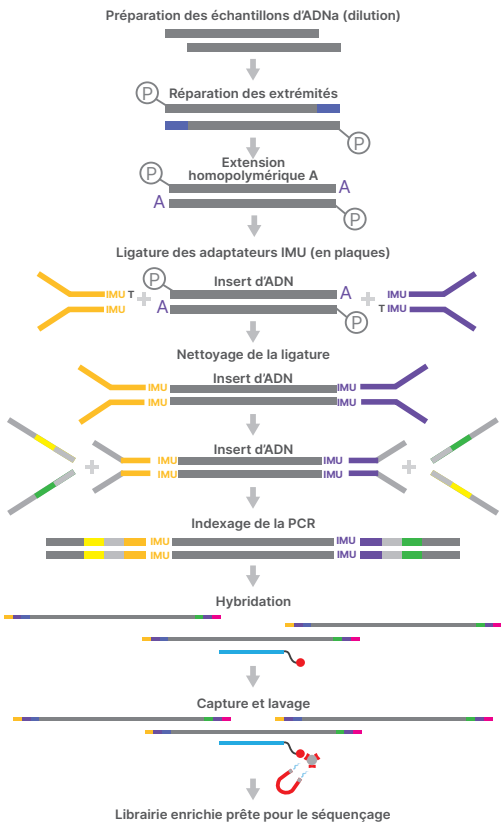


Figure 2 : Chimie Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment : tout d'abord, les fragments d'ADNa sont réparés et ligaturés à des identifiants moléculaires uniques (IMU) non aléatoires. Des index doubles uniques sont incorporés pour le multiplexage pendant l'amplification par PCR. Ensuite, les bibliothèques sont enrichies pour les régions d'intérêt ciblées avec des sondes biotinylées à l'aide d'une seule étape d'hybridation. Les bibliothèques enrichies sont amplifiées et normalisées pour le séquençage sur les systèmes de séquençage à débit moyen ou élevé d'Illumina.

Pour démontrer la compatibilité d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment avec une large gamme de tailles et de formats de panels d'enrichissement, les bibliothèques ont été préparées à partir de 20 ng d'ADNa avec des panels d'enrichissement petit, moyen ou grand (tableau 2). Les bibliothèques préparées ont été séquençées sur NextSeq^{mc} 550 System, NovaSeq 6000 System ou NovaSeq X System. Les données ont été analysées avec l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace^{mc} Sequence Hub. Les résultats démontrent qu'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment offre une couverture par combinaison des IMU d'une profondeur > 1 500x et une uniformité de couverture élevée, évaluée par le pourcentage de cibles avec une couverture > 1 000x, dans les panels d'enrichissement à tailles et formats variables (figure 3).

Tableau 2 : Paramètres utilisés pour la conception du panel d'enrichissement

Panel	Taille	Format de la sonde	Types de variants
Petit-A ^a	55 kb	ADNsb 80 pb	SNV, indels
Petit-B ^a	180 kb	ADNsb 80 pb	SNV, indels
Moyen-A ^b	250 kb	ADNdb 120 pb	SNV, indels, fusions
Moyen-B ^c	300 kb	ADNsb 80 pb	SNV, indels, fusions, VNC
Grand ^d	2 000 kb	ADNsb 80 pb	SNV, indels, fusions, VNC

- Les sondes ont été mises en plaques avec un chevauchement de 20 pb entre les régions de codage des gènes d'intérêt.
- Les sondes ont été mises en plaques de bout en bout entre les régions de codage des gènes d'intérêt. Les points de rupture de fusion ont été ciblés avec des sondes qui se chevauchent à une mise en plaques de 2x.
- Les sondes ont été mises en plaques avec un chevauchement de 20 pb entre les régions de codage des gènes d'intérêt et les points de rupture de fusion. Pour la détection des VNC de gènes avec de petites régions codantes (p. ex. MYC), les sondes ont été complétées à faible densité entre les introns.
- Conception personnalisée avec optimisation en laboratoire humide. SNV (Single Nucleotide Variant) : variant mononucléotidique; indel : insertion/suppression; VNC : variant du nombre de copies.

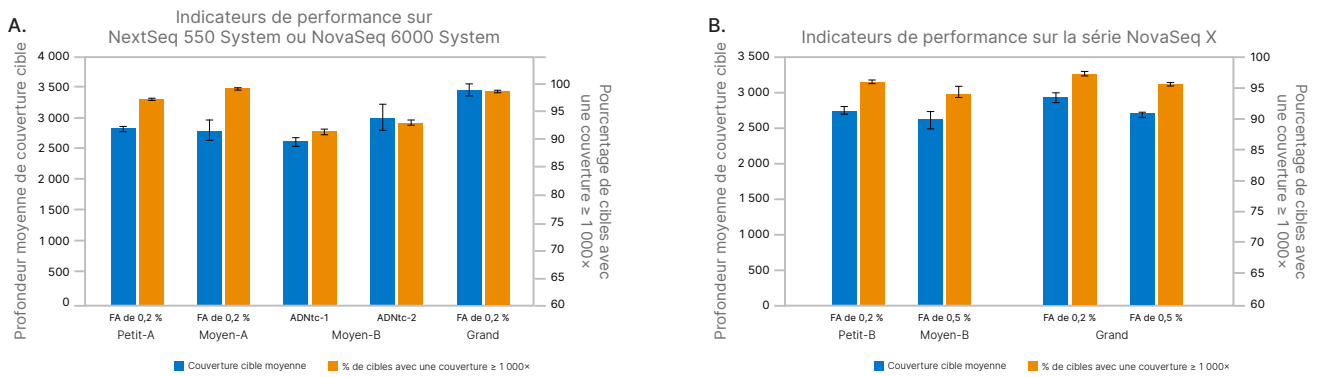


Figure 3 : Compatibilité avec une large gamme de tailles de panels : plusieurs réplicats de bibliothèques (4 à 8) ont été préparés à partir de 20 ng d'ADNa provenant de plasma, de 20 ng d'ADNa provenant d'échantillons de sang total enrichis de SNV à une fréquence allélique de variants (FAV) de 0,2 % ou de 20 ng de SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare*, n° de référence 0710-0531) à l'aide d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. Les données ont été analysées avec l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub. (A) Les bibliothèques préparées ont été séquencées sur NextSeq 550 System (panel petit-A) ou NovaSeq 6000 System (panels moyen-A, moyen-B et grand) à une profondeur de lecture moyenne de 10 millions, 46 millions, 54 millions ou 450 millions de lectures uniques pour les panels petit, moyen et grand, respectivement. Les panels petit-A et moyen-A ont été séquencés à une couverture exacte d'environ 30 000 \times et le grand panel à une couverture exacte d'environ 35 000 \times . (B) Les bibliothèques de panels petit-B et moyen-B ont été séquencées sur les lignes individuelles d'une Flow Cell 10B et les bibliothèques du grand panel sur une Flow Cell 1.5B du NovaSeq X System. La profondeur de lecture moyenne était de 32 millions, 54 millions et 340 millions de lectures uniques pour les panels petit-B, moyen-B et grand, respectivement. Tous les panels ont été séquencés à une couverture exacte d'environ 30 000 \times . * Seracare fait partie de LGC Diagnostics.

Détection sensible des variants à faible fréquence

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment comprend des améliorations à la chimie de préparation des bibliothèques pour améliorer l'efficacité de conversion des bibliothèques et détecter les variants de faible abondance avec FAV aussi basses que 0,2 %. Pour démontrer les résultats de haute qualité obtenus à l'aide d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, les scientifiques d'Illumina ont mené des études évaluant la capacité à appeler les variants mononucléotidiques (SNV), les variations du nombre de copies (VNC) et les fusions de gènes. Les bibliothèques préparées à l'aide d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ont été séquencées sur NextSeq 550 System, NovaSeq 6000 System ou NovaSeq X System. L'appel des variants a été effectué à l'aide de l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub. Les résultats démontrent la capacité à détecter des mutations à une FAV de 0,2 % à partir de 20 ng d'ADNa pour les petits variants, avec une sensibilité analytique supérieure à 90 % (tableau 3, figure 4, figure 5) et une spécificité analytique de 99,98 %.

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment prend en charge le multiplexage des échantillons et fournit un rappel précis des SNV, des insertions/suppressions (indel), des VNC et des fusions de gènes pour les bibliothèques enrichies à 1 et 4 niveaux (figure 5–figure 7).

Tableau 3 : Détection de variants de faible abondance avec une précision élevée

Type de variant	Sensibilité analytique ^a
Petits variants (FAV de 0,2 %)	$\geq 90\ %$
Indels (FAV de 0,5 %)	$\geq 90\ %$
Amplifications géniques (modification de facteur 1,3)	$\geq 95\ %$
Suppression des gènes (modification de facteur 0,6)	$\geq 95\ %$
Réarrangements de gènes (FAV de 0,5 %)	$\geq 95\ %$

a. La sensibilité analytique est définie comme étant le pourcentage de détection au niveau de variant énoncé.

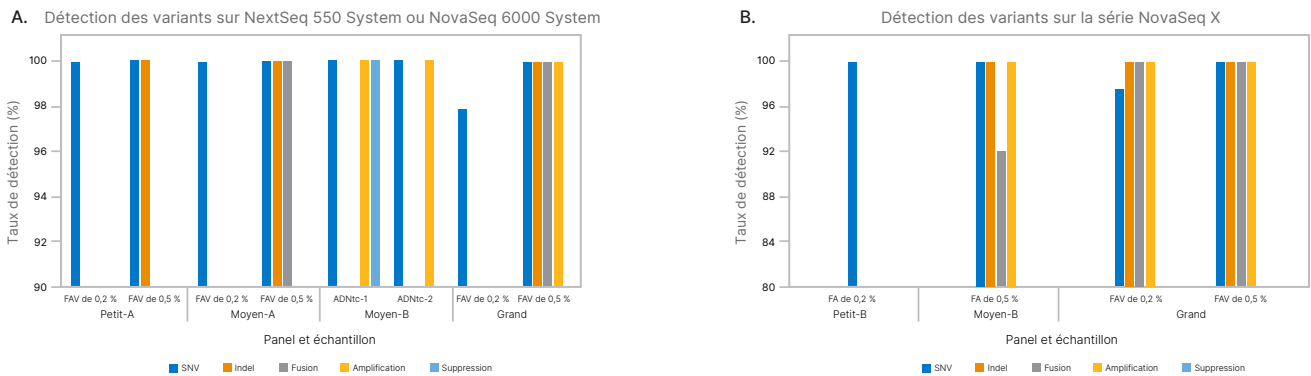


Figure 4 : Détection des variants à FAV basse : les bibliothèques Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ont été préparées à l'aide de 20 ng de plasma, de 20 ng d'ADNa provenant d'échantillons de sang total enrichis de SNV à une FAV de 0,2 % ou à l'aide de 20 ng d'ADNa provenant de SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, n° de référence 0710-0531). L'appel des variants a été effectué à l'aide de l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub. (A) Les bibliothèques préparées ont été séquencées sur NextSeq 550 System (panel d'ADNsb petit-A de 55 kb) ou NovaSeq 6000 System (panel moyen-A de 250 kb, moyen-B de 300 kb et grand panel de 2 000 kb) à une profondeur de lecture moyenne de 10 millions, 46 millions, 54 millions ou 450 millions de lectures uniques pour les panels petit, moyen et grand, respectivement. Les panels petit-A, moyen-A et moyen-B ont été séquencés à une couverture exacte d'environ 30 000× et le grand panel à une couverture exacte d'environ 35 000×. (B) Les bibliothèques de panels petit-B et moyen-B ont été séquencées sur les lignes individuelles d'une Flow Cell 10B et les bibliothèques du grand panel sur une Flow Cell 1.5B du NovaSeq X System. La profondeur de lecture moyenne était de 32 millions, 54 millions et 340 millions de lectures uniques pour les panels petit-B, moyen-B et grand, respectivement. Tous les panels ont été séquencés à une couverture exacte d'environ 30 000×.

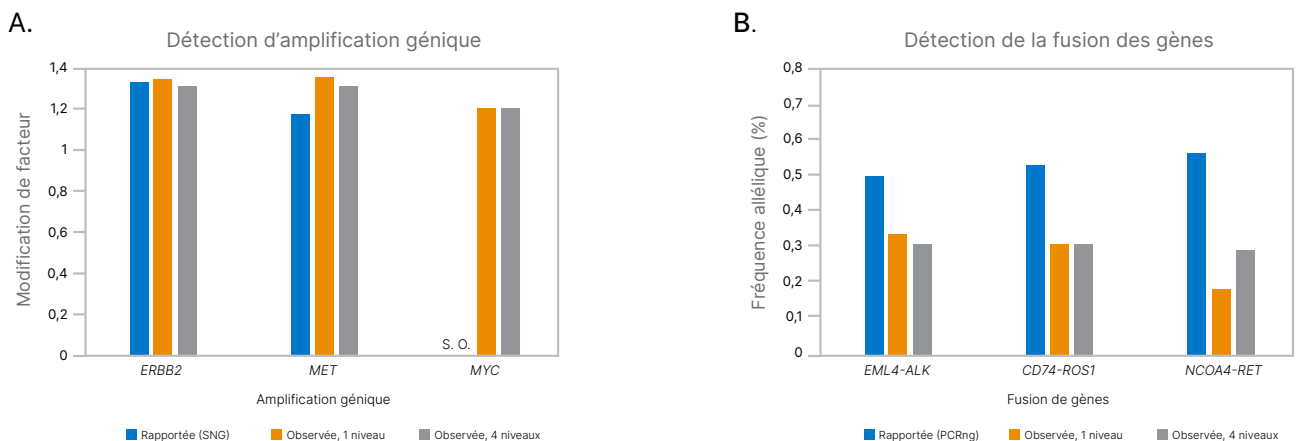


Figure 5 : Détection des amplifications géniques et des fusions de gènes de faible abondance : Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment démontre une excellente performance pour détecter les amplifications géniques (A) et les fusions de gènes (B) à l'aide de bibliothèques enrichies à 1 et 4 niveaux avec un contenu personnalisé. Les bibliothèques ont été préparées à partir de 20 ng d'ADNa provenant de SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n° de référence 0710-0531). Quatre bibliothèques ont été enrichies individuellement avec un panel d'ADNsb 80 pb de 2 000 kb (1 niveau) et ces quatre mêmes bibliothèques ont été réenrichies avec le même panel suivant le format multiplex (4 niveaux). Les bibliothèques ont été séquencées sur NovaSeq 6000 System à une profondeur de lecture moyenne de 400 millions de lectures uniques (couverture exacte \geq 35 000×). Les données ont été analysées avec l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub. Les trois amplifications et fusions de gènes dans l'échantillon de référence ont été détectées dans tous les réplicats de bibliothèques enrichies à 1 et 4 niveaux à la modification de facteur et à la fréquence allélique indiquées. Les divergences dans la FAV pour les fusions sont attribuées aux différences entre les méthodes de test. Remarque : SeraCare ne vérifie pas l'amplification génique MYC par les méthodes de SNG.

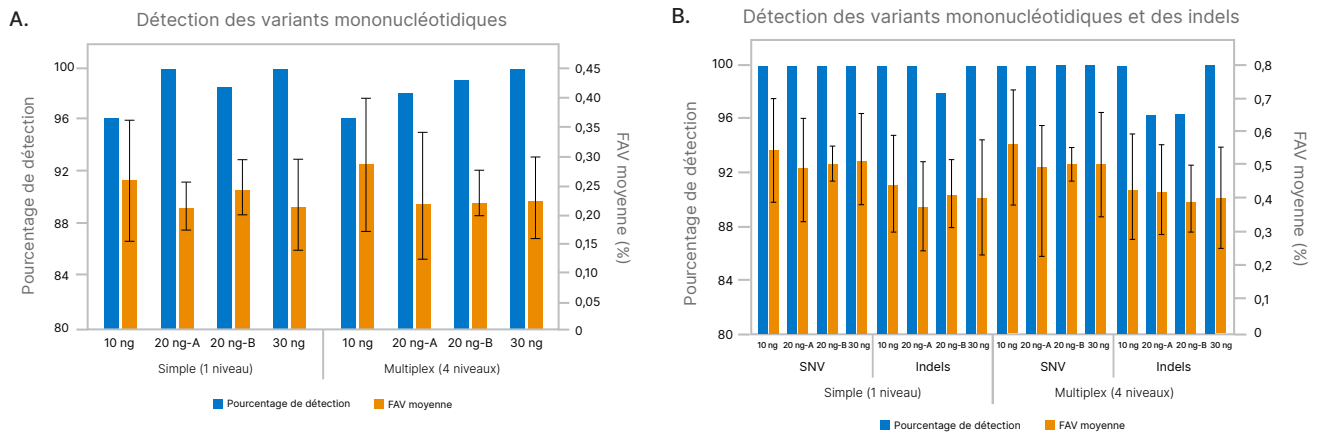


Figure 6 : Détection sensible de variants avec des bibliothèques enrichies à 1 et 4 niveaux : les bibliothèques Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ont été préparées à partir d'échantillons d'ADNa (10 ng, 20 ng ou 30 ng) enrichis de SNV à (A) une FAV de 0,2 % ou (B) une FAV de 0,5 % à l'aide d'ADNa provenant de Sereq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n° de référence 0710-0531). Quatre bibliothèques ont été enrichies individuellement avec un panel d'ADNs 80 pb de 180 kb (10 ng, 20 ng-A et 30 ng) ou un panel d'ADNs 80 pb de 180 kb (20 ng-B) pour le format simple (1 niveau). Ces quatre mêmes bibliothèques ont été réenrichies avec le même panel pour le format multiplex (4 niveaux). Les bibliothèques ont été séquencées sur NextSeq 550 System à une profondeur de lecture moyenne de 33 millions de lectures uniques (couverture exacte $\geq 30\,000\times$). L'analyse des données et l'appel des variants ont été effectués avec l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub.

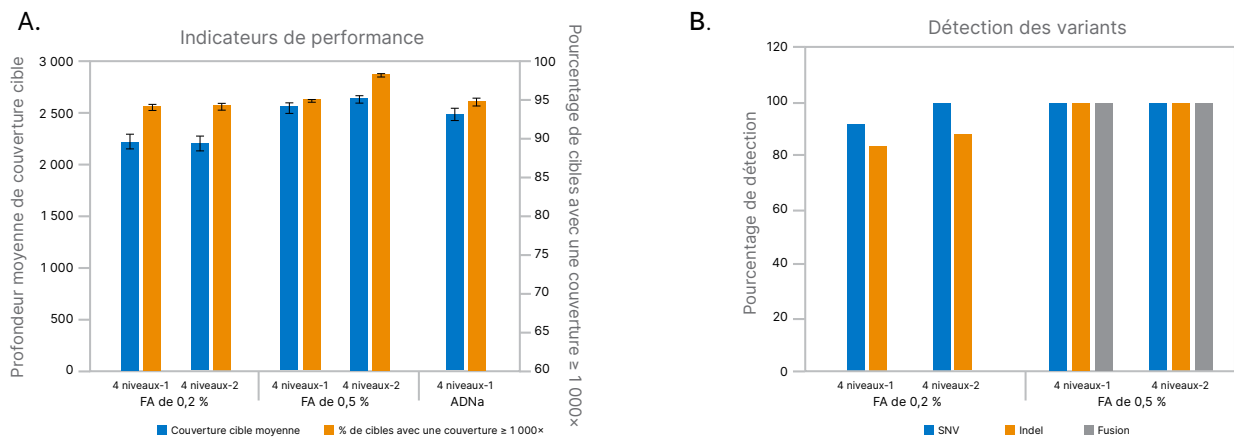


Figure 7 : Compatibilité des bibliothèques enrichies à 4 niveaux avec la série NovaSeq X : les bibliothèques Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ont été préparées à partir de 20 ng d'ADNa de donneurs sains (ADNa), d'ADNa enrichi de SNV à une FAV de 0,2 % (FA de 0,2 %) ou de Sereq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (FA de 0,5 %). Les bibliothèques ont été indexées avec IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes (FA de 0,2 % et ADNa) ou les index Illumina UMI DNA/RNA UD v3 (FA de 0,5 %) et enrichies avec un panel d'ADNs 120 pb de 250 kb suivant le format d'enrichissement à 4 niveaux. Les bibliothèques ont été séquencées sur une Flow Cell 1.5B du NovaSeq X System à une profondeur de lecture moyenne de 46 millions de lectures uniques (couverture exacte d'environ $30\,000\times$). Les indicateurs de performance de bibliothèque (A) et l'analyse de l'appel des variants pour les variants attendus (B) ont été obtenus à l'aide de l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub.

Performance optimisée avec tous les systèmes de séquençage d'Illumina

Pour démontrer l'excellente performance d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sur les systèmes à débit moyen et élevé d'Illumina, les bibliothèques préparées ont été enrichies et séquencées sur plusieurs systèmes d'Illumina. La solution fiable et simple Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment produit des résultats fiables sur tous les systèmes de séquençage d'Illumina, offrant une couverture par combinaison des IMU d'une profondeur > 1 500× et une uniformité de couverture élevée, évaluée par le pourcentage de cibles avec une couverture > 1 000× (figure 8A). Un taux élevé de détection des variants a été atteint pour tous les types de variants dans les différents systèmes de séquençage (figure 8B).

Analyse intégrée des données

L'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment utilise des algorithmes bioinformatiques accélérés entièrement intégrés pour assurer une performance optimale du test. Le logiciel effectue la correction des erreurs fondée sur les IMU, l'alignement de la séquence et l'appel des variants somatiques des variants de petite taille, des VNC et des fusions de gènes. L'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment s'exécute localement

sur un serveur Illumina DRAGEN Server v4.0.3 de phase 4 ou sur l'instrument NovaSeq 6000Dx System (en mode recherche). Le pipeline d'analyse peut également être exécuté en tant qu'application infonuagique sur BaseSpace Sequence Hub. Il est également accessible via Illumina Connected Analytics (ICA), une plateforme infonuagique de génomique sécurisée permettant d'accroître l'analyse secondaire sans devoir acquérir et entretenir une infrastructure locale supplémentaire.

Le pipeline d'analyse intégré offre aux utilisateurs la flexibilité d'analyser leurs données en fonction des panels utilisés pour l'enrichissement des cibles, avec des options pour aligner leurs données de séquençage aux références hg19 ou hg38, effectuer des analyses spécifiques et personnaliser les flux de travail en fonction de leurs objectifs de recherche. Les fichiers de bruit fournis par l'utilisateur peuvent être utilisés pour filtrer le bruit propre au site et améliorer la détection des petits variants. Le logiciel permet également aux utilisateurs de marquer les variants d'hématopoïèse clonale, d'exclure des régions spécifiques de l'appel des petits variants, d'effectuer un appel précis des VNC et de détecter les points chauds somatiques avec une sensibilité analytique élevée à l'aide d'un fichier des points chauds somatiques personnalisé ou d'utiliser les régions de points chauds somatiques DRAGEN intégrées. Les utilisateurs accédant à l'application infonuagique DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment peuvent explorer encore plus d'options pour optimiser leur analyse en modifiant les seuils pour la combinaison des IMU et l'appel des petits variants.

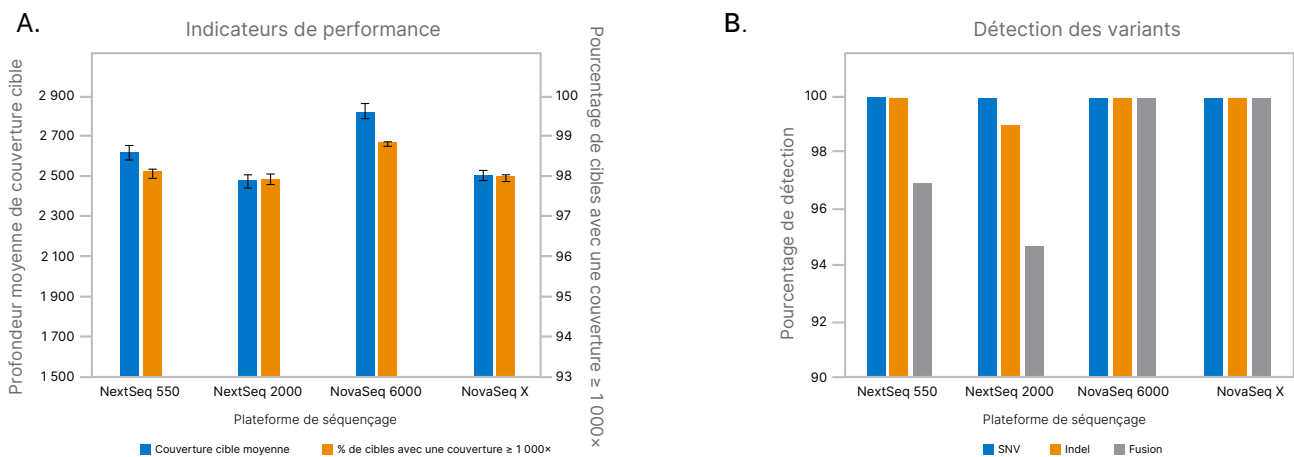


Figure 8 : Compatibilité avec les systèmes à débit moyen et élevé d'Illumina : les bibliothèques Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment ont été préparées à partir de 20 ng d'ADN provenant de SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, n° de référence 0710-0531) et enrichies avec un panel d'ADNdb 120 pb de 250 kb. Les bibliothèques ont été séquencées sur les systèmes NextSeq 550, NextSeq 2000, NovaSeq 6000 ou NovaSeq X à une profondeur de lecture moyenne de 46 millions de lectures uniques et une couverture exacte $\geq 30\,000\times$. Huit bibliothèques ont été regroupées pour l'analyse à l'aide de NextSeq 550 System, 25 bibliothèques pour l'analyse à l'aide de NextSeq 2000 System, 51 bibliothèques sur une ligne de la Flow Cell S4 pour l'analyse à l'aide de NovaSeq 6000 System et 27 bibliothèques sur une ligne des Flow Cell 10B pour l'analyse à l'aide de NovaSeq X. L'analyse des données et l'appel des variants ont été effectués avec l'application DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment dans BaseSpace Sequence Hub.

Les laboratoires peuvent tirer parti d'Illumina Connected Insights pour prendre en charge l'interprétation et l'analyse définies par l'utilisateur. Les fichiers d'appel de variants, produits localement ou via le nuage avec DRAGEN sur Illumina Connected Analytics, peuvent être automatiquement intégrés dans Illumina Connected Insights. Lorsqu'il est associé à l'intégration du système de séquençage et aux capacités de lancement automatique d'Illumina Connected Analytics, le flux de travail d'analyse peut être entièrement automatisé, éliminant ainsi la nécessité de points de contact manuels, rationalisant le flux de travail du séquençage aux renseignements, en passant par la génération de rapports préliminaires.

Flux de travail basé sur l'automatisation

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment prend en charge les systèmes de manipulation de liquides pour automatiser la préparation des bibliothèques, permettant ainsi aux laboratoires de s'adapter aux exigences de débit variables. Grâce à un flux de travail automatisé, les laboratoires peuvent obtenir une manipulation d'échantillons hautement reproductibles, maintenir des résultats cohérents et accroître leur efficacité. L'automatisation permet également un ajustement rapide du débit sans augmenter la durée de manipulation. Il est possible d'obtenir une meilleure efficacité en adoptant les méthodes qualifiées d'Illumina, disponibles auprès de nos partenaires en automatisation* et examinées par Illumina pour garantir la performance des méthodes et la qualité des données.

* Méthodes qualifiées d'Illumina disponibles au premier semestre 2025..

Amélioration des attributs du produit

Illumina offre de hauts niveaux de service et d'assistance pour garantir la réussite opérationnelle des laboratoires. Pour une plus grande efficacité, Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment comprend :

- **Durée de conservation prolongée** : la durée de conservation minimale garantie pour les réactifs Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment est prolongée à six mois, ce qui réduit le risque d'expiration du produit et permet aux laboratoires d'utiliser les réactifs en fonction des besoins actuels des tests.
- **Notification de modification avancée** : Illumina informe les laboratoires six mois avant que des modifications significatives ne soient apportées à un produit de la trousse Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment Kit.

Résumé

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment est une solution à fournisseur unique et polyvalente de préparation de bibliothèques optimisée pour une utilisation avec de l'ADNa à faible entrée extrait d'échantillons de plasma. Cette solution conviviale prend en charge une large gamme de tailles de panels et est compatible avec les panels d'enrichissement d'Illumina ou de tiers, permettant ainsi une souplesse de contenu. Grâce à la solution Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, les chercheurs peuvent détecter les variations somatiques peu fréquentes avec une sensibilité analytique exceptionnelle. La solution Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment haute performance, combinée au séquençage sur les puissants systèmes de séquençage d'Illumina et à l'analyse accélérée des données, fournit un flux de travail de séquençage de l'ADNa de haute qualité, allant du traitement des échantillons à l'analyse des données, à partir d'un seul partenaire de confiance.

En savoir plus

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

[Illumina Connected Insights](#)

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 échantillons)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 échantillons)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep, Enrichment (16 réactions)	20104107
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 échantillons, 4 niveaux)	20104103
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 échantillons, 4 niveaux), sur site	20104104
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120 pb)	20073953

Produit	N° de référence
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120 pb)	20073952
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1 536 µl, 120 pb)	20111339
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 index, 96 échantillons)	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 index, 96 échantillons)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set B, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20126237
Illumina Connected Insights – Genome Equivalent Sample – VCF	20090138
Illumina Connected Insights Starter Implementation Package	20071787
Illumina Connected Insights Expanded Implementation Package	20071787 (tel que défini)



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-02096 FRA v3.0