

InfiniumTM OmniExpress-24 v1.4 BeadChip

Anpassbarer Array mit hoher
Dichte für Hochdurchsatz-
Genotypisierungsstudien

- Leistungsstarker Array für genomweite Assoziationsstudien (GWAS)
- Optimierte Tag-SNP-Inhalte aus allen drei Phasen des HapMap-Projekts zur Erfassung der größtmöglichen Anzahl häufiger Varianten
- Hochwertige, reproduzierbare Daten dank der bewährten Infinium-Chemie in einem skalierbaren Workflow

illumina[®]

Überblick

Der anpassbare Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip (**Abbildung 1**) bietet eine kostengünstige Plattform zur Durchführung groß angelegter Genotypisierungsstudien. Der in Zusammenarbeit mit mehreren führenden Forschungsinstituten entwickelte Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip enthält alle Tag-SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms, Einzelnukleotid-Polymorphismen), die auch im **Infinium Core-24 BeadChip** enthalten sind, sowie über 240.000 Marker des Infinium HumanExome BeadChip (**Tabelle 1**, **Tabelle 2**). Der Infinium OmniExpress-24+ v1.4 BeadChip lässt sich zudem durch bis zu 30.000 anwendungsspezifische Marker ergänzen.

Zusätzlich zu groß angelegten Genotypisierungsstudien eignet sich der Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip zur schnellen und einfachen Gewinnung von Basisprobendaten für unterschiedliche nachgeschaltete Anwendungen, darunter die Bestimmung von häufigen Varianten, mitochondrialer DNA (mtDNA), Abstammung, Geschlecht, Verlust von Varianten und Insertion/Deletion (Indel).

Tabelle 1: Produktspezifikationen

Merkmal	Beschreibung
Spezies	Mensch
Anzahl der Marker insgesamt	717.960
Kapazität für anwendungsspezifische Bead-Typen	30.000
Anzahl der Proben pro BeadChip	24
Erforderliche DNA-Zugabe	200 ng
Assay-Chemie	Infinium HTS
Unterstützte Geräte	iScan System
Probendurchsatz ^a	ca. 2.304 Proben/Woche
Scandauer pro Probe ^a	2,5 min

a. Die ungefähren Werte, Scanzeiten und der maximale Durchsatz variieren je nach Labor- und Systemkonfigurationen.

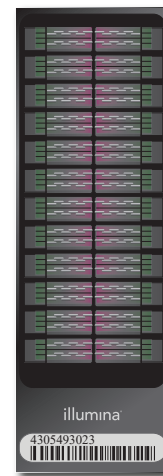


Abbildung 1: Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip: vielseitiger BeadChip mit Coverage häufiger, durch das International HapMap-Projekt bewerteter SNP-Variationen.

Tabelle 2: Marker-Informationen

Kategorie	Anzahl der Marker		
RefSeq-Gene ¹	330.672		
RefSeq-Gene +/- 10 kb ¹	398.126		
RefSeq-Exons ¹	49.434		
RefSeq-Promotor-Regionen ¹	21.411		
ADME-Gene ²	13.130		
ADME-Gene +/- 10 kb ²	16.238		
ADME-Exons ²	1.631		
MHC ³	7.306		
HLA ³	4.927		
COSMIC-Gene ⁴	301.426		
Gene in Gene Ontology ⁵	82.830		
Nonsense-Marker ⁶	136		
Missense-Marker ⁶	12.564		
Synonyme Marker ⁶	10.952		
Stille Marker ⁶	25.782		
Geschlechts-chromosomen ⁶	X 17.714	Y 1.423	PAR/homolog 718

Abkürzungen: ADME: Adsorption, Distribution, Metabolism, Excretion (Resorption, Verteilung, Metabolisierung, Ausscheidung); HLA: Human Leukocyte Antigen (Humanes Leukozytenantigen); MHC: Major Histocompatibility Complex (Haupthistokompatibilitätskomplex); PAR: Pseudoautosomal Region (Pseudoautosomale Region)

Hochleistungs-Assay

Beim Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip handelt es sich um eine präzise Genotypisierungslösung mit hoher Leistung auf Basis der zuverlässigen Infinium-Assay-Chemie für das Hochdurchsatz-Screening (HTS, High-Throughput Screening). In Verbindung mit dem iScan™ System liefert dieser 24-Proben-BeadChip mit hoher Dichte kostengünstig hochwertige genomweite Informationen zu vielfältigen Populationen (Tabelle 3, Tabelle 4).

Tabelle 3: Datenleistung und Abstand

	Beobachtet ^a	Produktspezifikation ^b	
Call-Rate	99,81 %	> 99,0 %	
Reproduzierbarkeit	99,99 %	> 99,9 %	
Log-R-Abweichung	0,10	< 0,30 ^c	
	Mittel	Median	90.Perzentil ^c
Sondenabstand	4,07 kb	2,23 kb	14,30
	Zielgerichtet	Basis	
Auflösung	ca. 10 kb	ca. 25 kb	

- a. Die Werte stammen aus der Genotypisierung von 325 HapMap-Referenzproben.
 b. Für typische Projekte erwarteter Wert unter Verwendung von Illumina-Standardprotokollen: Proben, die nicht mit Illumina-Standardprotokollen vorbereitet wurden, sind nicht berücksichtigt.
 c. Bei weiblichen Proben sind Y-Chromosom-Marker ausgeschlossen.

Tabelle 4: LD $r^2 \geq 0,80$ Coverage bei unterschiedlichen MAF-Schwellenwerten auf Basis des 1000 Genomes Project⁷

Population ^a	LD-Coverage ($r^2 \geq 0,80$)		
	MAF $\geq 1\%$	MAF $\geq 2,5\%$	MAF $\geq 5\%$
AFR	0,26	0,34	0,42
AMR	0,53	0,65	0,71
EAS	0,66	0,73	0,78
EUR	0,62	0,71	0,77
SAS	0,57	0,67	0,72

- a. www.internationalgenome.org/category/population
 Abkürzungen: AFR: Afrikanisch; AMR: Amerikanisch, gemischte Abstammung; EAS: East Asian (Ostasiatisch); EUR: Europäisch; LD: Linkage Disequilibrium (Kopplungsungleichgewicht); MAF: Minor Allele Frequency (Häufigkeit des seltenen Allels); SAS: Südasiatisch

Weitere Informationen

Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip:
illumina.com/products/by-type/microarray-kits/infinium-omni-express.html

Bestellinformationen

Infinium OmniExpress-24 v1.4 Kit	Katalog-Nr.
48 Proben	20062061
288 Proben	20062062
1.152 Proben	20062063
Infinium OmniExpress-24+ v1.4 Kit ^a	Katalog-Nr.
48 Proben	20062058
288 Proben	20062059
1.152 Proben	20062060

a. Konfiguration für zusätzliche anwendungsspezifische Inhalte

Quellen

- National Center for Biotechnology information. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database. ncbi.nlm.nih.gov/refseq. Accessed June 6, 2022.
- University of California, Santa Cruz (UCSC) Genome Browser. genome.ucsc.edu. Accessed June 6, 2022.
- de Bakker PI, McVean G, Sabeti PC, et al. A high-resolution HLA and SNP haplotype map for disease association studies in the extended human MHC. *Nat Genet.* 2006;38(10):1166-1172. doi:10.1038/ng1885
- Catalog of somatic mutations in cancer (COSMIC). cancer.sanger.ac.uk/. Revised May 31, 2022. Accessed June 6, 2022.
- Gene Ontology Consortium. The gene ontology resource. geneontology.org. Updated June 15, 2022. Accessed June 22, 2022.
- NCBI Genome Reference Consortium. Human genome overview. Version GRCh37. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Accessed June 6, 2022.
- The International Genome Sample Resource. internationalgenome.org Accessed June 6, 2022.



+1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-00950 DEU v1.0