

InfiniumTM OmniExpress-24 v1.4 BeadChip

Array personalizable de alta densidad para estudios de genotipado de alta productividad

- Array potente diseñada para estudios de asociación de genoma completo (GWAS, Genome-Wide Association Studies)
- Contenido de SNP marcador optimizado de las tres fases del proyecto HapMap para capturar la máxima cantidad de variación común
- Datos reproducibles y de gran calidad gracias a la química de Infinium fiable con un flujo de trabajo flexible

illumina[®]

Descripción general

Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip personalizable (Figura 1) proporciona una plataforma económica para realizar estudios de genotipado a gran escala. Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip, desarrollado en colaboración con varias importantes instituciones de investigación, incluye todos los polimorfismos de nucleótido único (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) marcadores que se encuentran en [Infinium Core-24 BeadChip](#), así como más de 240 000 marcadores de Infinium HumanExome BeadChip (Tabla 1, Tabla 2). Además, Infinium OmniExpress-24+ v1.4 BeadChip es capaz de añadir hasta 30 000 marcadores personalizados.

Aparte de estudios de genotipado a gran escala, OmniExpress-24 v1.4 BeadChip puede utilizarse para obtener fácil y rápidamente datos de muestras de referencia para diversas aplicaciones sucesivas, incluidos los estudios de variantes comunes, de ADN mitocondrial (ADNmt), de ascendencia, de determinación del sexo, de pérdida de variantes y de inserciones/delecciones (indel).

Tabla 1: Especificaciones del producto

Característica	Descripción
Especie	Humana
Número total de marcadores	717 960
Capacidad para tipos de bolas personalizadas	30 000
Número de muestras por BeadChip	24
Cantidad necesaria de aporte de ADN	200 ng
Proceso químico del ensayo	Infinium HTS
Compatibilidad con instrumentos	iScan System
Productividad de muestras ^a	~2304 muestras/semana
Tiempo de lectura por muestra ^a	2,5 min

a. Los valores aproximados, los tiempos de lectura y la productividad máxima variarán en función del laboratorio y las configuraciones del sistema



Figura 1: Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip: BeadChip versátil que proporciona una excelente cobertura de la variación de SNP común según la evaluación proporcionada por el International HapMap Project.

Tabla 2: Información sobre los marcadores

Categoría	Recuento de marcadores		
Genes de RefSeq ¹	330 672		
Genes de RefSeq +/- 10 kb ¹	398 126		
Exones de RefSeq ¹	49 434		
Regiones promotoras de RefSeq ¹	21 411		
Genes de ADME ²	13 130		
Genes de ADME +/- 10 kb ²	16 238		
Exones de ADME ²	1631		
MHC ³	7306		
HLA ³	4927		
Genes de COSMIC ⁴	301 426		
Genes en Gene Ontology ⁵	82 830		
Marcadores sin sentido ⁶	136		
Marcadores con cambio de sentido ⁶	12 564		
Marcadores sinónimos ⁶	10 952		
Marcadores silenciosos ⁶	25 782		
Cromosomas sexuales ⁶	X	Y	PAR/homólogo
	17 714	1423	718

Abreviaturas: ADME: absorción, distribución, metabolismo y excreción; HLA: antígeno leucocitario humano; MHC: complejo principal de histocompatibilidad; PAR: región pseudoautosómica

Ensayo de alto rendimiento

Infinium OmniExpress-24 v1.4 BeadChip emplea la química del fiable ensayo de cribado analítico de alta productividad (HTS, High-Throughput Screening) de Infinium y así proporcionar una solución de genotipado precisa y de alto rendimiento. En combinación con iScan™ System, este BeadChip de 24 muestras de alta densidad proporciona información asequible y de alta calidad sobre el genoma completo de distintas poblaciones (Tabla 3, Tabla 4).

Tabla 3: Rendimiento de los datos y distancia

	Observada ^a	Especificación del producto ^b	
Índice de llamada	99,81 %	>99,0 %	
Reproducibilidad	99,99 %	>99,9 %	
Desviación de log R	0,10	<0,30 ^c	
	Media	Mediana	Percentil 90 ^c
Distancia entre sondas	4,07 kb	2,23 kb	14,30
	Selectiva	Estructura	
Resolución	~10 kb	~25 kb	

a. Los valores se obtienen del genotipado de 325 muestras de control de HapMap

b. Es el valor previsto para proyectos habituales que usan protocolos estándar de Illumina; quedan excluidas las muestras preparadas siguiendo métodos distintos de los protocolos estándar de Illumina

c. Se excluyen los marcadores del cromosoma Y en muestras femeninas

Tabla 4: Cobertura de LD $r^2 \geq 0,80$ en distintos umbrales de MAF según los datos del 1000 Genomes Project⁷

Población ^a	Cobertura de LD ($r^2 \geq 0,80$)		
	MAF ≥ 1 %	MAF $\geq 2,5$ %	MAF ≥ 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

Abreviaturas: AFR: africana; AMR: americana, de ascendencia mixta; EAS: asiática oriental; EUR: europea; LD: desequilibrio de ligamiento; MAF: frecuencia alélica menor; SAS: sudasiática

Información adicional

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

Datos para realizar pedidos

Infinium OmniExpress-24 v1.4 Kit	N.º de catálogo
48 muestras	20062061
288 muestras	20062062
1152 muestras	20062063
Infinium OmniExpress-24+ v1.4 Kit ^a	N.º de catálogo
48 muestras	20062058
288 muestras	20062059
1152 muestras	20062060

a. Configurado para la adición de contenido personalizado.

Bibliografía

1. National Center for Biotechnology information. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database. ncbi.nlm.nih.gov/refseq. Fecha de consulta: 6 de junio de 2022.
2. University of California, Santa Cruz (UCSC) Genome Browser. genome.ucsc.edu. Fecha de consulta: 6 de junio de 2022.
3. 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
4. Catalog of somatic mutations in cancer (COSMIC). cancer.sanger.ac.uk/. Fecha de revisión: 31 de mayo de 2022. Fecha de consulta: 6 de junio de 2022.
5. Gene Ontology Consortium. The gene ontology resource. geneontology.org. Fecha de actualización: 15 de junio de 2022. Fecha de consulta: 22 de junio de 2022.
6. NCBI Genome Reference Consortium. Human genome overview. Version GRCh37. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Fecha de consulta: 6 de junio de 2022.
7. The International Genome Sample Resource. internationalgenome.org Fecha de consulta: 6 de junio de 2022.



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

© 2023 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-00950 ESP v1.0