TruSeq® Genotype N_e Kit

Solución rentable y flexible para el genotipado dirigido mediante secuenciación de cualquier especie vegetal o animal.

Puntos destacados

• Panel personalizable

Consiga que el rendimiento del genotipado sea constante con el contenido que diseñan los servicios de Illumina Concierge

Solución flexible

Detecte variantes nuevas y actualice fácilmente el contenido del panel con información de genotipado nueva

Flujo de trabajo integrado

Acceda a funciones de preparación de bibliotecas optimizada, secuenciación fiable y análisis de datos fácil de utilizar

Introducción

El TruSeq Genotype N_c Kit es una solución flexible y rentable de genotipado mediante secuenciación (GBS) para estudios de linaje y pureza y la toma de decisiones de reproducción con cualquier especie vegetal y animal no humana (Tabla 1). El TruSeq Genotype N_c Kit está diseñado y optimizado para operar con hasta un máximo de 5000 marcadores, y se puede ampliar fácilmente de cientos a decenas de miles de muestras.

Solución con todo incluido

El flujo de trabajo integrado de Illumina para secuenciación de amplicones permite a los laboratorios acceder a una solución totalmente compatible, desde el diseño hasta el análisis (Figura 1). El TruSeq Genotype N₂Kit está diseñado y optimizado para utilizarlo con las series MiniSeq™, MiSeq® y NextSeq® de sistemas de secuenciación, sin necesidad de más instrumentos. Una sola fuente de especialistas técnicos y de campo para el diseño, la preparación de bibliotecas, la secuenciación y el análisis de datos, y los conocimientos en conjunto del equipo de asistencia de Illumina garantizan que los problemas se resuelvan rápidamente y con ello se reduzcan al mínimo las posibles interrupciones en el laboratorio.

Diseño de ensayos seguro

El TruSeq Genotype N_e Kit es un ensayo de secuenciación totalmente personalizable. El servicio de Illumina Concierge ofrece asistencia en el diseño de todas las sondas de oligonucleótidos del TruSeq Genotype N_e Kit para tener la garantía de que el rendimiento sea constante. El servicio de Illumina Concierge permite a los clientes:

- Incluir varios tipos de marcadores, como polimorfismos mononucleotídicos (SNP, Nucleotide Polymorphisms), inserciones/deleciones (indels), etc., en un solo panel.
- Actualizar paneles sin grandes cargas de muestras.
- Diseñar paneles aun cuando no se disponga de una secuencia de referencia completa.

Póngase en contacto con un representante de Illumina para acceder al servicio de Illumina Concierge.

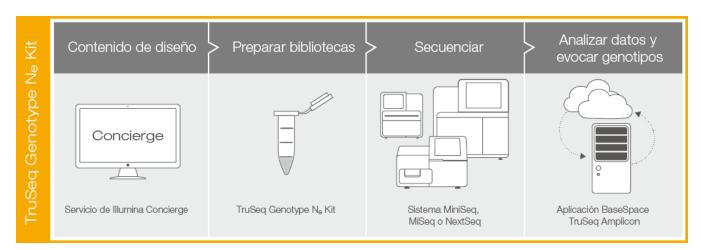


Figura 1: Flujo de trabajo de TruSeq Genotyping N.; el TruSeq Genotyping N. Kit ofrece una solución completa y totalmente compatible para el genotipado mediante secuenciación, desde el diseño de las sondas con el servicio de Illumina Concierge hasta la preparación de bibliotecas, la secuenciación y el análisis de datos.

Flujo de trabajo optimizado

Un elemento clave de la tecnología de NGS de Illumina es la preparación de bibliotecas de calidad alta. Los protocolos de preparación de bibliotecas de Illumina pueden albergar toda una variedad de necesidades de productividad, desde protocolos de baja productividad para pequeños laboratorios hasta estaciones de trabajo de preparación de bibliotecas totalmente automatizadas para grandes laboratorios o centros de genómica. Se emplean diferentes métodos para capturar regiones de interés del ADN de entrada y preparar las bibliotecas de secuenciación.

El ensayo TruSeq Genotype N_c emplea un método de generación de amplicones. La generación de amplicones emplea una hibridación seguida de un método de extensión-ligadura, lo que genera una cadena molde sencilla a partir de un ADN genómico (ADNg) bicatenario, que posteriormente se amplifica mediante PCR (Figura 2). El protocolo de preparación de bibliotecas se puede completar con menos de 2,5 horas de tiempo de participación activa (Figura 3).

Cree sondas de captura de oligonucleótidos personalizadas que flanqueen cada región de interés

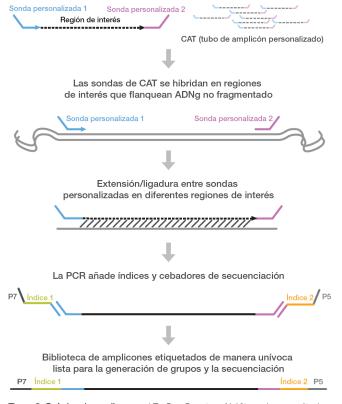


Figura 2: Química de amplicones: el TruSeq Genotype N_e Kit emplea un método de extensión/ligadura para preparar bibliotecas personalizadas listas para la secuenciación.

Calidad de datos líder del sector

El TruSeq Genotype N_c Kit es compatible con los sistemas MiniSeq, MiSeq y NextSeq, que emplean química probada de secuenciación mediante síntesis (SBS, Sequencing by Synthesis) de Illumina. Más del 90 % de los datos de secuenciación de todo el mundo se genera mediante la química de SBS de Illumina.* Los sistemas de Illumina ofrecen el mayor porcentaje de bases secuenciadas por encima del Q30 del sector. $^{1-5}$ Con unos resultados constantes de elevada calidad, los investigadores pueden tener confianza en la precisión de sus datos, aun cuando los objetivos de interés sean problemáticos (p. ej., regiones repetitivas o contenido rico en GC). 6

Análisis de datos simplificados

Los datos se pueden transmitir sin problemas desde los sistemas de secuenciación de Illumina a BaseSpace® Sequence Hub, una plataforma informática de genómica en la nube fácil de usar que ofrece una gestión de datos simplificada, herramientas de secuenciación analítica y almacenamiento de datos. El TruSeq Genotype N_c Kit emplea la aplicación TruSeq Amplicon para optimizar el análisis de los paneles personalizados.

^{*} Cálculos de datos en archivo. Illumina, Inc., 2015.

Previa a la PCR nocturna opcional Punto de detención de seguridad*

Hibridación

Los oligonucleótidos ascendentes y descendentes se hibridan en ADN.

Tiempo de participación activa: 15 minutos Tiempo total: 1 hora 35 minutos

Retirada de oligonucleótidos no ligados

> El ADN se filtra y lava para retirar los oligonucleótidos no ligados.

Tiempo de participación activa: 20 minutos

Tiempo total: 20 minutos

Extensión y ligadura

Los oligonucleótidos ligados se conectan a través de la ADN-polimerasa y se ligan.

Tiempo de participación activa: 5 minutos

Tiempo total: 50 minutos

Amplificación

Los productos se amplifican y se añaden adaptadores de índice mediante PCR.

Tiempo de participación activa: 30 minutos Tiempo total: ~2 horas

Limpieza de biblioteca Los productos de la PCR se purifican de componentes de la reacción.

Tiempo de participación activa: 20 minutos

Las bibliotecas se normalizan para representarlas de forma

Tiempo de participación activa:

Tiempo total: 1 hora 20 minutos

Tiempo total: 50 minutos Normalización de

equilibrada en grupo.

bibliotecas

Posterior a la PCR 6

Punto de detención de seguridad*

Agrupación de bibliotecas Las bibliotecas normalizadas se combinan en un solo tubo.

Tiempo de participación activa: 10 minutos

Tiempo total: 10 minutos

en este punto y, de ser necesario, reanudar el flujo de trabajo al día siquiente.

* Illumina recomienda detenerse

Figura 3: Flujo de trabajo de preparación de bibliotecas: el TruSeq Genotype N. Kit posibilita la preparación simplificada de bibliotecas con menos de tres horas de tiempo de participación activa.

Tabla 1: Especificaciones del TruSeg Genotype N. Kit

Característica	Especificación	
Especie	Cualquier especie no humana	
Requisito de entrada	ADN genómico de 50 ng	
Multiplexado de objetivos	De 16 a 5000 en un solo panel	
Multiplexado de muestras	Hasta 384	

Resumen

El TruSeg Genotype N. Kit es una solución rentable y flexible de GBS dirigido para estudios de linaje y pureza y la toma de decisiones de reproducción. El TruSeq Genotype N₀ Kit cuenta con contenido diseñado mediante los servicios de Illumina Concierge y ofrece un panel totalmente personalizable para los GBS de cualquier especie vegetal y animal no humana. Con un flujo de trabajo integrado que incluye desde preparación de bibliotecas hasta secuenciación y análisis de datos, los clientes disponen de una única fuente de apoyo.

Información adicional

Para obtener más información sobre el TruSeq Genotype N. Kit y otras opciones de secuenciación y genotipado de especies vegetales y animales, visite www.illumina.com/agrigenomics.

Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de muestras	N.º de catálogo	
TruSeq Genotype N _e Kit (incluye todos los	96 muestras, hasta	20018978	
reactivos necesarios)	384 índices		

Referencias

- 1. Perkins TT, Tay CY, Thirriot F, Marshall B. Choosing a benchtop sequencing machine to characterize Helicobacter pylori genomes. PLoS One. 2013:8:e67539.
- 2. Quail MA, Smith M, Coupland P, et al. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. BMC Genomics. 2012;13:341.
- 3. Ross MG, Russ C, Costello M, et ál. Characterizing and measuring bias in sequence data. Genome Biol. 2013;14:R51.
- 4. Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, et al. Updating benchtop sequencing performance comparison. Nat Biotechnol. 2013;31:294-296.
- 5. Loman NJ, Misra RV, Dallman TJ, et al. Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. Nat Biotechnol. 2012;30:434-439.
- 6. Wong SQ, Fellowes A, Doig K, et al. Assessing the clinical value of targeted massively parallel sequencing in a longitudinal, prospective population-based study of cancer patients. Br J Cancer. 2015;112:1411-1420.

Illumina, Inc. • 1.800.809.4566 (llamada gratuita, EE. UU.) • Tel.: +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.

© 2017 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Illumina, MiniSeq, MiSeq, NextSeq, TruSeq y el color naranja calabaza son marcas comerciales de Illumina, Inc. o sus afiliados en los EE.UU. y otros países. Todos los demás nombres, logotipos y marcas comerciales pertenecen a sus respectivos propietarios. N.º de pub. 1370-2017-002-A ESP

