

Panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq™ for Illumina

Un panel selectivo para el análisis simultáneo de niveles de expresión de más de 20 000 genes humanos de RefSeq.

Puntos destacados

- **Creación rápida de perfiles de expresiones genéticas**
Preparación de bibliotecas en seis horas, con un tiempo de participación activa inferior a una hora y media; resultados disponibles en menos de dos días
- **Calidad y cantidad escasas de muestras de entrada**
Obtención de datos de alta calidad aun partiendo de una cantidad mínima de entrada de tejidos FFPE
- **Solución de ARN a análisis**
Flujo de trabajo completo que abarca la preparación, la secuenciación y el análisis de bibliotecas

Introducción

El panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina es un ensayo de resecuenciación selectiva para la cuantificación de la expresión genética (Tabla 1). Con tan solo 1 ng de ARN total (aunque el valor recomendado es de 10 ng), el panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina genera unos resultados sensibles y precisos para los estudios de expresión genética, aunque las muestras de las que se parta tengan una calidad deficiente o una cantidad limitada, como en el caso de los tejidos fijados en formol y embebidos en parafina (FFPE).

El panel de expresión genética humana de transcriptoma forma parte de un completo flujo de trabajo que incluye la preparación de bibliotecas basada en PCR AmpliSeq for Illumina, los procesos químicos de secuenciación por síntesis (SBS) de Illumina, así como la tecnología de secuenciación de próxima generación (NGS) y los análisis automatizados. Gracias a este flujo de trabajo optimizado, los investigadores pueden centrar sus estudios en regiones codificantes de ARN, lo que disminuye la cantidad de entrada necesaria y permite obtener unos resultados precisos y extremadamente sensibles.

Cobertura genética pertinente

El panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina ofrece una cobertura integral de las secuencias codificantes de ARN. El panel de grupo y tubo únicos incluye más de 20 000 amplicones diseñados con respecto al genoma de referencia NCBI37/hg19, lo que se traduce en una cobertura superior al 95 % de los genes de RefSeq. Gracias a este panel listo para usar, los investigadores ahorran tiempo y esfuerzo en la identificación de objetivos, el diseño de amplicones y la optimización del rendimiento.

Tabla 1: Resumen del panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina

Parámetro	Especificación
N.º de genes	>20 000 (>95 % de la base de datos de genes humanos RefSeq)
Tamaño de objetivo acumulativo	2,2 Mb
Tipos de variante	Expresión genética diferencial y fusiones genéticas
Tamaño del amplicón	104 pb de media
N.º de amplicones	20 802
Cantidad necesaria de ARN de entrada	1–100 ng (valor recomendado de 10 ng)
N.º de grupos por panel	1
Tipos de muestras compatibles	Tejido FFPE y sangre
Porcentaje de lecturas alineadas	>80 %
Duración total del ensayo	6 horas ^a
Tiempo de participación activa	<1,5 horas
Tiempo de conversión de ARN a datos	2,5 días

a. El tiempo refleja únicamente la preparación de bibliotecas, sin incluir su cuantificación, normalización o agrupación.

Datos en el archivo de Illumina, Inc. (2017)

Flujo de trabajo sencillo y optimizado

El panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina permite la creación simultánea de perfiles de expresiones genéticas de más de 20 000 genes humanos distintos en un solo grupo. Forma parte de una solución completa que ofrece un contenido optimizado, una preparación sencilla de bibliotecas, sistemas de secuenciación solo con pulsar un botón y análisis simplificado de los datos.

La preparación de bibliotecas comienza con la conversión de ARN total en ADNc, seguida de un sencillo protocolo basado en PCR que puede completarse en tan solo seis horas, con un tiempo de participación activa inferior a una hora y media. Las bibliotecas resultantes pueden normalizarse, agruparse y, posteriormente, cargarse en una celda de flujo para su secuenciación. Esta última se efectúa mediante los procesos químicos probados de SBS en un sistema de secuenciación de Illumina (Tabla 2).

Los datos resultantes pueden analizarse de forma local con Local Run Manager o transmitirse con facilidad a BaseSpace™ Sequence Hub. Local Run Manager y BaseSpace Sequence Hub pueden acceder al flujo de trabajo de análisis de amplicones de ARN para la creación de perfiles de expresiones genéticas.



Para obtener más información sobre la informática de Illumina, visite la página www.illumina.com/products/by-brand/ampliseq/informatics.html.

Tabla 2: Sistemas de secuenciación de Illumina que se recomienda utilizar con el panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina

Instrumento	Muestras por experimento	Duración del experimento
MiniSeq™ System (rendimiento elevado)	3	24 horas
MiSeq™ System (química de v3)	3	32 horas
NextSeq System (rendimiento medio)	12	26 horas
NextSeq System (rendimiento elevado)	40	29 horas



Obtenga más información acerca de los sistemas de secuenciación de Illumina en www.illumina.com/systems.

Datos precisos

El panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina permite a los investigadores analizar la expresión genética diferencial en todo el transcriptoma. Para demostrar la reproducibilidad del ensayo, se analizó por duplicado ARN aislado de tejido cerebral mediante el panel de transcriptoma y NextSeq™ System. Los resultados muestran una elevada concordancia ($R^2 = 0,98$) entre las dos muestras (Figura 1).

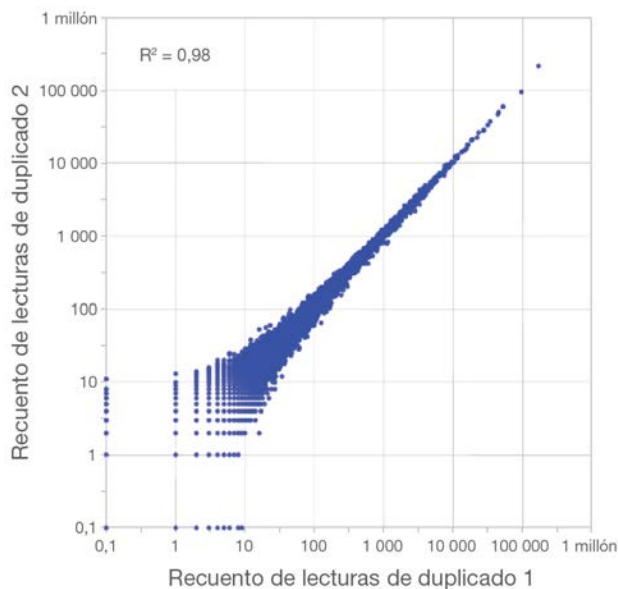


Figura 1: Gran concordancia entre los duplicados: Las bibliotecas se prepararon empleando ARN aislado de tejido cerebral y el panel de expresión genética de transcriptoma AmpliSeq for Illumina, y se secuenciaron en NextSeq System. Un diagrama de reproducibilidad pone de manifiesto la elevada correlación existente entre dos duplicados de la misma muestra de ARN. R^2 equivale a una medición estadística de la correlación de datos.

Información adicional

Para obtener más información acerca del panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina, visite la página www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/ampliseq-transcriptome-gene-expression-panel.html.

Para obtener más información acerca de la solución de resecuenciación selectiva AmpliSeq for Illumina, lea el resumen que encontrará en www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/ampliseq-for-illumina-targeted-resequencing-solution-data-sheet-770-2017-022.pdf.

Datos para realizar pedidos

Puede solicitar en línea los productos AmpliSeq for Illumina en la página www.illumina.com.

Producto	N.º de catálogo
Panel de expresión genética humana de transcriptoma AmpliSeq for Illumina (24 reacciones)	20019170
AmpliSeq for Illumina Library PLUS (24 reacciones)	20019101
AmpliSeq for Illumina Library PLUS (96 reacciones)	20019102
AmpliSeq for Illumina Library PLUS (384 reacciones)	20019103
Juego A de índices AmpliSeq for Illumina CD (96 índices, 96 muestras)	20019105
Síntesis de ADNc con AmpliSeq for Illumina (96 reacciones)	20022654
Panel de ID de muestra AmpliSeq for Illumina	20019162
ADN de FFPE directo AmpliSeq for Illumina	20023378

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

© 2018 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, visite www.illumina.com/company/legal.html. N.º de pub. 770-2017-031-D ESP QB 5452

illumina®