

TruSeq[®] Genotype N_e-Kit

Eine kosteneffiziente, flexible Lösung für gezielte Genotypisierung durch Sequenzierung für beliebige Pflanzen- oder Tierspezies.

Vorteile

- Anwendungsspezifisches Panel**
 Gleichbleibende Leistung bei der Genotypisierung erzielen mit Inhalt, der über die Concierge-Services von Illumina entworfen wird.
- Flexible Lösung**
 Neue Varianten identifizieren und den Inhalt Ihres Panels einfach mit neuen Informationen zur Genotypisierung aktualisieren.
- Integrierter Workflow**
 Auf optimierte Bibliotheksvorbereitung, zuverlässige Sequenzierung und benutzerfreundliche Datenanalyse zugreifen.

Umfassende Lösung

Mithilfe des integrierten Illumina-Workflows zur Amplikonsequenzierung haben Labore Zugriff auf eine vollständig unterstützte Lösung, vom Design bis hin zur Analyse (Abbildung 1). Das TruSeq Genotype N_e-Kit wurde für den Einsatz auf Sequenzierungssystemen der MiniSeq™-, MiSeq®- und NextSeq®-Serie entwickelt und optimiert, ohne dass zusätzliche Instrumente erforderlich sind. Eine einzige Anlaufstelle mit Technikern und Fachspezialisten für Design, Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Datenanalyse sowie das kombinierte Fachwissen des Supportteams von Illumina sorgen für schnelle Lösungen und minimieren die potenzielle Ausfallzeit im Labor.

Überzeugendes Assay-Design

Das TruSeq Genotype N_e-Kit ist ein vollständig anwendungsspezifischer Sequenzierungs-Assay. Concierge-Services von Illumina bieten Design-Unterstützung für alle Oligonukleotid-Sonden für das TruSeq Genotype N_e-Kit, um eine gleichbleibende Leistung zu gewährleisten. Mit Concierge-Services von Illumina haben Kunden folgende Möglichkeiten:

- Mehrere Markertypen, wie SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms, Einzelnukleotidpolymorphismen) oder Insertionen/Deletionen (Indels), in ein einzelnes Panel einbeziehen.
- Vorhandene Panels ohne großen Probeneinsatz aktualisieren.
- Panels auch ohne vollständige Referenzsequenz entwerfen.

Für den Zugriff auf Concierge-Services von Illumina einen Vertreter von Illumina kontaktieren.

Einleitung

Das TruSeq Genotype N_e-Kit ist eine flexible, kosteneffiziente Lösung für gezielte Genotypisierung durch Sequenzierung (GBS) für Abstammung, Reinheitsstudien und Zuchtentscheidungen für beliebige Pflanzen- und nicht humane Tierspezies (Tabelle 1). Das TruSeq Genotype N_e-Kit wurde für die Arbeit mit bis zu 5.000 Markern entwickelt und optimiert und kann einfach von hundert auf zehntausende Proben skaliert werden.

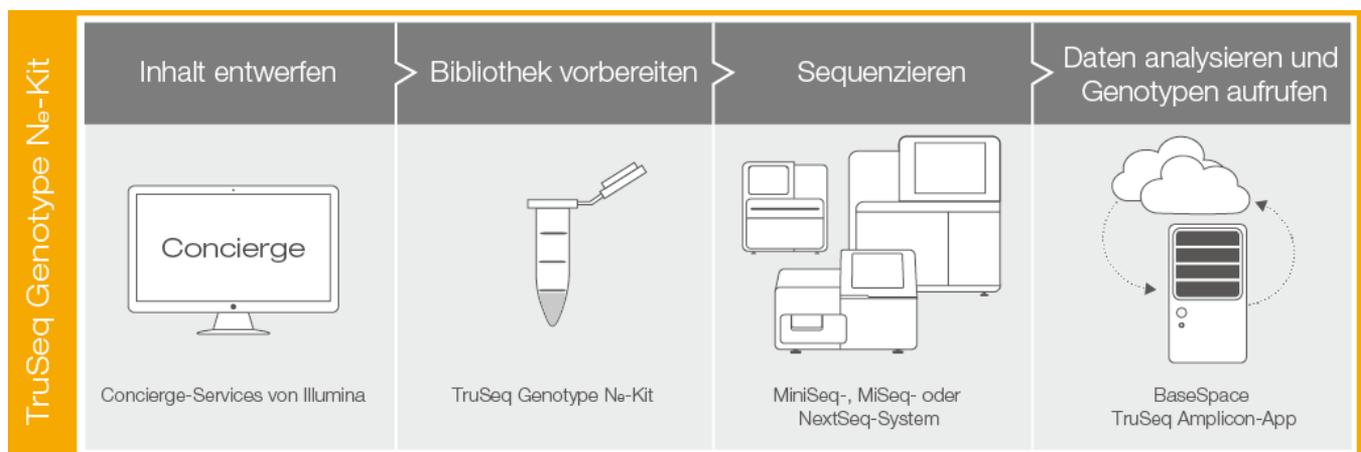


Abbildung 1: TruSeq Genotyping N_e-Workflow: Das TruSeq Genotyping N_e-Kit bietet eine vollständig unterstützte und umfassende Lösung für Genotypisierung durch Sequenzierung vom Sonden-Design mit Concierge-Services von Illumina über Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Datenanalyse.

Optimierter Workflow

Ein wichtiger Bestandteil der Illumina-NGS-Technologie ist die qualitativ hochwertige Bibliotheksvorbereitung. Illumina-Protokolle zur Bibliotheksvorbereitung eignen sich für eine Reihe von Durchsatzanforderungen, von Protokollen für niedrigere Durchsätze in kleinen Labors bis hin zu vollautomatisierten Bibliotheksvorbereitungs-Workstations in großen Labors und Genomzentren. Es werden verschiedene Methoden eingesetzt, um aus Zugabe-DNA Regionen von Interesse zu erfassen und Sequenzierungsbibliotheken vorzubereiten.

Der TruSeq Genotype N₂-Assay nutzt einen Amplikongenerierungsansatz. Amplikongenerierung beinhaltet einen Hybridisierungs- und einen Extension-Ligation-Ansatz. Hierbei wird aus einer genomischen Doppelstrang-DNA-Population (gDNA) eine Einzelstrang-Matrize generiert, die anschließend durch PCR amplifiziert wird (Abbildung 2). Das Protokoll zur Bibliotheksvorbereitung kann mit einem manuellen Aufwand von weniger als 2,5 Stunden durchgeführt werden (Abbildung 3).

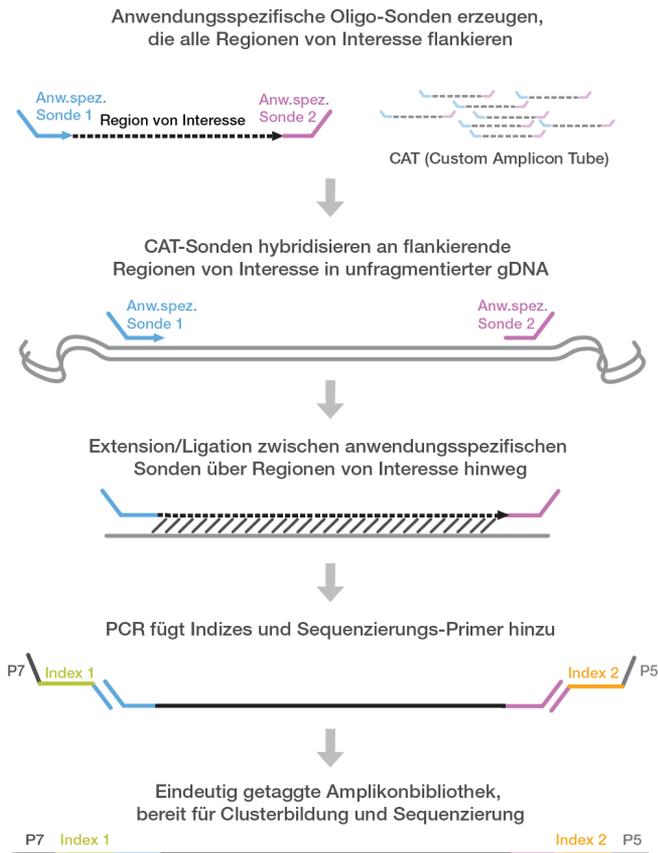


Abbildung 2: Ampliconchemie: Das TruSeq Genotype N₂-Kit nutzt eine auf Extension/Ligation basierende Methode für die Vorbereitung von anwendungsspezifischen, sequenzierfähigen Bibliotheken.

Branchenführende Datenqualität

Das TruSeq Genotype N₂-Kit ist mit den MiniSeq-, MiSeq- und NextSeq-Systemen kompatibel, die die bewährte SBS-Chemie (Sequenzierung durch Synthese) von Illumina verwenden. Mehr als 90 % der Sequenzierungsdaten weltweit werden mit der SBS-Chemie von Illumina generiert.* Illumina-Systeme liefern den höchsten Prozentsatz an sequenzierten Basen über Q30 in der Branche.¹⁻⁵ Durch die stets qualitativ hochwertigen Ergebnisse können sich Forscher auf die Präzision ihrer Daten selbst bei schwierigen Targets (z. B. repetitiven Regionen, GC-reichen Inhalten) verlassen.⁶

Vereinfachte Datenanalyse

Daten können nahtlos von Illumina-Sequenzierungssystemen nach BaseSpace® Sequence Hub, einer benutzerfreundlichen Plattform für Genomik-Cloud-Computing mit vereinfachter Datenverwaltung, analytischen Sequenzierungstools und Datenspeicher, gestreamt werden. Das TruSeq Genotype N₂-Kit nutzt die TruSeq Amplicon-App zum Optimieren der Analyse von anwendungsspezifischen Panels.

* Archivierte Datenberechnungen. Illumina, Inc., 2015.



Abbildung 3: Bibliotheksvorbereitungs-Workflow: Das TruSeq Genotype N_c-Kit ermöglicht eine vereinfachte Bibliotheksvorbereitung mit weniger als drei Stunden an manuellem Aufwand.

Tabelle 1: Spezifikationen für TruSeq Genotype N_c-Kit

Merkmal	Spezifikation
Spezies	Beliebige nicht humane Spezies
Erforderliches Volumen	50 ng genomische DNA
Target-Multiplexing	16–5.000 in einem einzelnen Panel
Proben-Multiplexing	Bis zu 384

Zusammenfassung

Das TruSeq Genotype N_c-Kit ist eine flexible, kosteneffiziente Lösung für gezielte GBS für Abstammung, Reinheitsstudien und Zuchtentscheidungen. In Verbindung mit Inhalt, der über Concierge-Services von Illumina zusammengestellt wird, bietet das TruSeq Genotype N_c-Kit ein vollständig anwendungsspezifisches Panel für GBS für beliebige Pflanzen- und nicht humane Tierspezies. Zudem haben Kunden mit einem integrierten Workflow mit Bibliotheksvorbereitung über Sequenzierung und Datenanalyse nur eine Anlaufstelle für Unterstützung.

Weitere Informationen

Weitere Informationen zum TruSeq Genotype N_c-Kit und zu anderen Optionen zur Sequenzierung und Genotypisierung von Pflanzen und Tieren finden Sie unter www.illumina.com/agrigenomics.

Bestellinformationen

Produkt	Anz. Proben	Katalog-Nr.
TruSeq Genotype N _c -Kit (enthält alle notwendigen Reagenzien)	96 Proben, bis zu 384 Indizes	20018978

Quellen

- Perkins TT, Tay CY, Thirriot F, Marshall B. Choosing a benchtop sequencing machine to characterize *Helicobacter pylori* genomes. *PLoS One*. 2013;8:e67539.
- 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.
- Ross MG, Russ C, Costello M, et al. Characterizing and measuring bias in sequence data. *Genome Biol* 2013;14:R51.
- Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, et al. Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat Biotechnol*. 2013;31:294–296.
- Loman NJ, Misra RV, Dallman TJ, et al. Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nat Biotechnol*. 2012;30:434–439.
- 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. • Tel. USA (gebührenfrei) 1.800.809.4566 • Tel. außerhalb Nordamerikas +1.858.202.4566 •
techsupport@illumina.com • www.illumina.com

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.

© 2017 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Illumina, MiniSeq, MiSeq, NextSeq, TruSeq und die Kürbisorange-Farbe sind Marken von Illumina, Inc. und/oder ihren Partner-/Tochtergesellschaften in den USA und/oder anderen Ländern. Alle anderen Namen, Logos und Marken sind Eigentum der jeweiligen Eigentümer.
Pub.-Nr. 1370-2017-002-A DEU

illumina[®]