

# Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Solução rápida e flexível para detectar mutações de baixa abundância no cfDNA

- Detecte variantes raras com frequências de alelos de só 0,2% de apenas 20 ng de cfDNA extraído do plasma.
- Prepare bibliotecas prontas para sequenciamento a partir de painéis fornecidos pelo usuário em aprox. 8,5–9,5 horas com 2,5–3 horas de tempo de manuseio.
- Analise dados e identifique variantes com alta sensibilidade analítica usando a análise secundária do DRAGEN™.
- Habilite a interpretação definida pelo usuário e a geração de relatórios de pesquisa com o Illumina Connected Insights.

**illumina**®

## Introdução

O DNA livre de células circulantes (cfDNA) no plasma surgiu como um biomarcador importante de doenças não invasivas em câncer, doenças cardiovasculares e transplantes de órgãos. Na pesquisa do câncer, a análise sequencial do cfDNA obtido de biópsias líquidas apresenta dados preciosos sobre a heterogeneidade do tumor, permite a identificação do perfil dos biomarcadores e desempenha um papel complementar ou alternativo às amostras de biópsia de tecido quando o tecido não está prontamente disponível. Como as amostras de plasma normalmente contêm baixas quantidades de cfDNA de células de interesse, é necessário um ensaio robusto e sensível para detectar variantes somáticas raras. Painéis de genes fixos permitem a identificação de variantes, mas sua utilidade é limitada quanto ao estudo de novos alvos e à acomodação de alterações em genes de interesse.

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é uma solução versátil de preparação de bibliotecas (tabela 1) que aproveita o poder da tecnologia de sequenciamento de última geração (NGS) para obter uma detecção altamente sensível de variantes de baixa abundância em amostras de cfDNA.

Tabela 1: Visão geral do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Parâmetro	Especificação
Tipo de DNA	cfDNA de sangue total ou plasma
Entrada de DNA <sup>a</sup>	10–30 ng
Multiplexação de amostra	192 índices duplos únicos
Marcação duplicada	Identificadores moleculares únicos (UMIs) não aleatórios
Plexação de enriquecimento	1-plex ou 4-plex
Sistemas de sequenciamento compatíveis	NextSeq 550 System NextSeq 2000 System, lâminas de fluxo P3 ou P4 Sistemas NovaSeq 6000 ou NovaSeq 6000Dx (no modo de pesquisa), lâminas de fluxo P3 ou P4 NovaSeq X Series, lâminas de fluxo 1.5B ou 10B
Tempo total do fluxo de trabalho <sup>b</sup>	aprox. 8,5–9,5 horas <sup>c</sup>
Tempo total de trabalho efetivo	~2,5–3 horas

a. Recomenda-se 20 ng de entrada de cfDNA.

b. Inclui etapas de preparação, enriquecimento e normalização da biblioteca.

c. Tempos de fluxo de trabalho para sondas de fita simples e dupla, respectivamente.

Esta solução de fornecedor único é composta pelo kit de preparação de bibliotecas, painéis personalizados e sistemas de sequenciamento de médio a alto rendimento da Illumina, incluindo o NovaSeq™ X Series. A análise de dados é realizada usando o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment. O Illumina Connected Insights pode ser usado para possibilitar a análise e a interpretação definidas pelo usuário.

## Fluxo de trabalho simplificado

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment faz parte de um fluxo de trabalho integrado de sequenciamento de cfDNA, oferecendo excelente desempenho e qualidade dos dados. O fluxo de trabalho escalável começa com o cfDNA extraído de sangue total ou plasma, seguido pelo sequenciamento em sistemas de médio e alto rendimento da Illumina e pela identificação de variantes altamente precisas usando o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment (figura 1). Essa solução fácil de usar oferece alto desempenho em uma ampla variedade de tamanhos de conteúdo, é compatível com automação de manuseio de líquidos e acomoda multiplexação de amostras para um dimensionamento eficiente.

## Preparação rápida e flexível da biblioteca

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é um ensaio baseado em ligação que usa uma única etapa de hibridização para preparação rápida da biblioteca (figura 2). O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é compatível com oligonucleotídeos de enriquecimento fornecidos pelo usuário da Illumina. Obtenha painéis de enriquecimento personalizados com base em sua lista de genes-alvo especificados usando a ferramenta gratuita on-line DesignStudio™ da Illumina. A ferramenta DesignStudio é compatível com sondas de enriquecimento de DNA de fita única (ssDNA) e sondas de enriquecimento de DNA de fita dupla (dsDNA) v2. Para obter mais portabilidade do conteúdo, o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment pode ser usado com sondas de ssDNA da Integrated DNA Technologies e sondas de dsDNA da Twist Bioscience. O kit acomoda um conteúdo de painel de 55 a 2.000 kb de ssDNA e de 70 a 2.000 kb de dsDNA, possibilitando padrões de estudo flexíveis. As bibliotecas prontas para sequenciamento são preparadas em aproximadamente 8,5–9,5 horas, com apenas cerca de 2,5–3 horas de tempo prático, permitindo que os pesquisadores passem do cfDNA extraído para o sequenciamento em um único dia. Para máxima eficiência e flexibilidade, o kit é compatível com cfDNA extraído diretamente de sangue periférico ou plasma usando métodos de purificação baseados em coluna ou beads comercialmente disponíveis.



Figura 1: cfDNA para resultados de um único parceiro: a Illumina oferece suporte a um fluxo de trabalho simplificado para sequenciamento de cfDNA, abrangendo desde a preparação da biblioteca e o sequenciamento até a análise de dados.

a. A linha de produtos Illumina Connected Insights é compatível com a análise definida pelo usuário por meio de chamadas da interface de programação da aplicação (API) para fontes de conhecimento de terceiros.

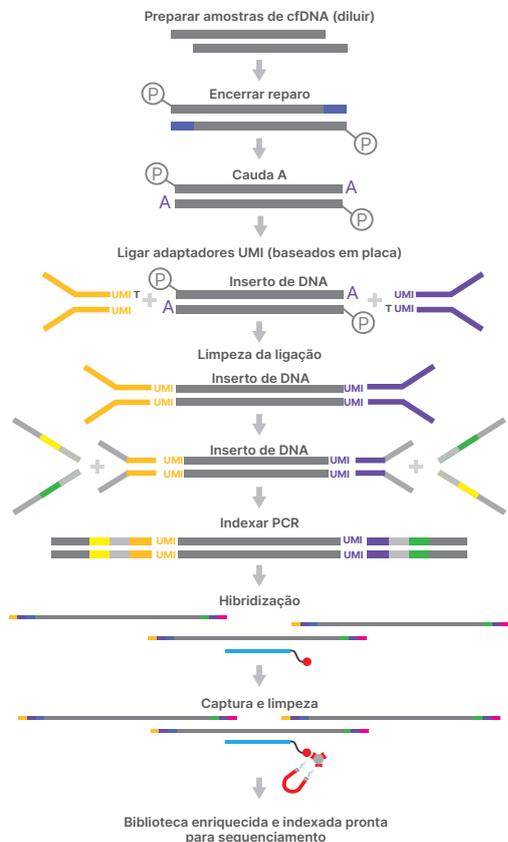


Figura 2: Química do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment: primeiro, fragmentos de cfDNA são reparados e ligados a identificadores moleculares únicos (UMIs) não aleatórios. Índices duplos exclusivos são incorporados para multiplexação durante a amplificação de PCR. Em seguida, as bibliotecas são enriquecidas para regiões-alvo de interesse com sondas biotinizadas usando uma única etapa de hibridização. As bibliotecas enriquecidas são amplificadas e normalizadas para sequenciamento em sistemas de sequenciamento de médio ou de alto rendimento da Illumina.

Para demonstrar a compatibilidade do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment com uma variedade de tamanhos e formatos de painéis de enriquecimento, as bibliotecas foram preparadas a partir de 20 ng de cfDNA com painéis de enriquecimento pequenos, médios ou grandes (tabela 2). As bibliotecas preparadas foram sequenciadas no NextSeq™ 550 System, no NovaSeq 6000 System ou no NovaSeq X System. Os dados foram analisados com o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace™ Sequence Hub. Os resultados demonstram que o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment fornece > 1.500× de profundidade de cobertura colapsada por UMI e alta uniformidade de cobertura, avaliadas pela porcentagem de alvos com > 1.000× de cobertura, em painéis de enriquecimento com tamanhos e formatos variados (figura 3).

Tabela 2: Parâmetros usados para padrões do painel de enriquecimento

Painel	Tamanho	Formato da sonda	Tipos de variante
Pequeno-A <sup>a</sup>	55 kb	80 bp de ssDNA	SNVs, indels
Pequeno-B <sup>a</sup>	180 kb	80 bp de ssDNA	SNVs, indels
Médio-A <sup>b</sup>	250 kb	120 bp de dsDNA	SNVs, indels, fusões
Médio-B <sup>c</sup>	300 kb	80 bp de ssDNA	SNVs, indels, fusões, CNVs
Grande <sup>d</sup>	2.000 kb	80 bp de ssDNA	SNVs, indels, fusões, CNVs

- a. As sondas foram dispostas lado a lado com sobreposição de 20 bp nas regiões de codificação para genes de interesse.
  - b. As sondas foram dispostas de ponta a ponta nas regiões de codificação para genes de interesse. Os pontos de ruptura da fusão foram dispostos com sondas sobrepostas em 2×.
  - c. As sondas foram dispostas lado a lado com sobreposição de 20 bp nas regiões de codificação dos genes de interesse e nos pontos de ruptura de fusão. Para a detecção de CNV de genes com pequenas regiões CDS (por exemplo, MYC), as sondas foram suplementadas em baixa densidade entre os íntrons.
  - d. Design personalizado com otimização de laboratório úmido.
- SNV, variante de nucleotídeo único; indel, inserção-exclusão; CNV, variante do número de cópias.

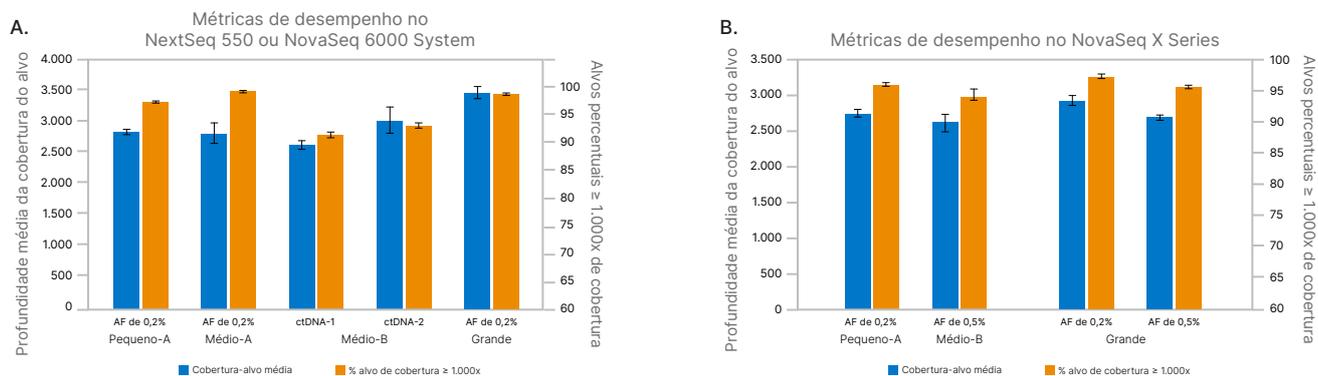


Figura 3: Compatibilidade com uma variedade de tamanhos de painel: múltiplas réplicas de bibliotecas (4 a 8) foram preparadas a partir de 20 ng de cfDNA de plasma, 20 ng de cfDNA de amostras de sangue total enriquecidas com SNVs a uma VAF de 0,2% ou 20 ng de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare,\* nº de catálogo 0710-0531) usando o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. Os dados foram analisados com o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub. (A) As bibliotecas foram sequenciadas no NextSeq 550 System (painel pequeno-A) ou no NovaSeq 6000 (painéis médio-A, médio-B e grande) a uma profundidade média de leitura de 10 milhões, 46 milhões, 54 milhões ou 450 milhões de leituras únicas para painéis pequenos, médios e grandes, respectivamente. Os painéis pequeno-A e médio-A foram sequenciados a aprox. 30.000× e o painel grande foi sequenciado a aprox. 35.000× de cobertura no alvo. (B) As bibliotecas de painel pequeno-B e médio-B foram sequenciadas em cavidades individuais de uma lâmina de fluxo 10B e as bibliotecas de painel grande de uma lâmina de fluxo 1.5B do NovaSeq X System. A profundidade média de leitura foi de 32 milhões, 54 milhões e 340 milhões de leituras únicas para os painéis pequeno-B, médio-B e grande, respectivamente. Todos os painéis foram sequenciados a aprox. 30.000× de cobertura no alvo.\* Seracare faz parte da LGC Diagnostics.

## Detecção de variante sensível de baixa frequência

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment fornece melhorias na química de preparação de bibliotecas para melhorar a eficiência de conversão de bibliotecas e detectar variantes de baixa abundância com frequências de alelos variantes (VAF) de apenas 0,2%. Para demonstrar os resultados de alta qualidade obtidos através do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, os cientistas da Illumina realizaram estudos que avaliaram a capacidade de identificar variantes de nucleotídeo único (SNVs), variações de número de cópias (CNVs) e fusões de genes. As bibliotecas preparadas com o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment foram sequenciadas no NextSeq 550 System, no NovaSeq 6000 System ou no NovaSeq X System. A identificação de variantes foi realizada usando o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub. Os resultados demonstram a capacidade de detecção de mutações a uma VAF de 0,2% a partir de apenas 20 ng de cfDNA para variantes pequenas, com mais de 90% de sensibilidade analítica (tabela 3, figura 4–5) e 99,98% de especificidade analítica.

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é compatível com a multiplexação de amostras e foi comprovado como uma técnica que oferece resultados precisos de SNV, inserção-deleção (indel), CNV e identificação de fusão gênica para bibliotecas enriquecidas de 1-plex e 4-plex (figuras 5–7).

Tabela 3: Detecção de variantes de baixa abundância com alta precisão.

Tipo de variante	Sensibilidade analítica <sup>a</sup>
Pequenas variantes (0,2% VAF)	≥ 90%
Indels (0,5% VAF)	≥ 90%
Amplificações de genes (alteração de 1,3 vez)	≥ 95%
Deleções de genes (alteração de 0,6 vez)	≥ 95%
Rearranjos de genes (0,5% VAF)	≥ 95%

a. A sensibilidade analítica é definida como a detecção percentual no nível de variante declarado.

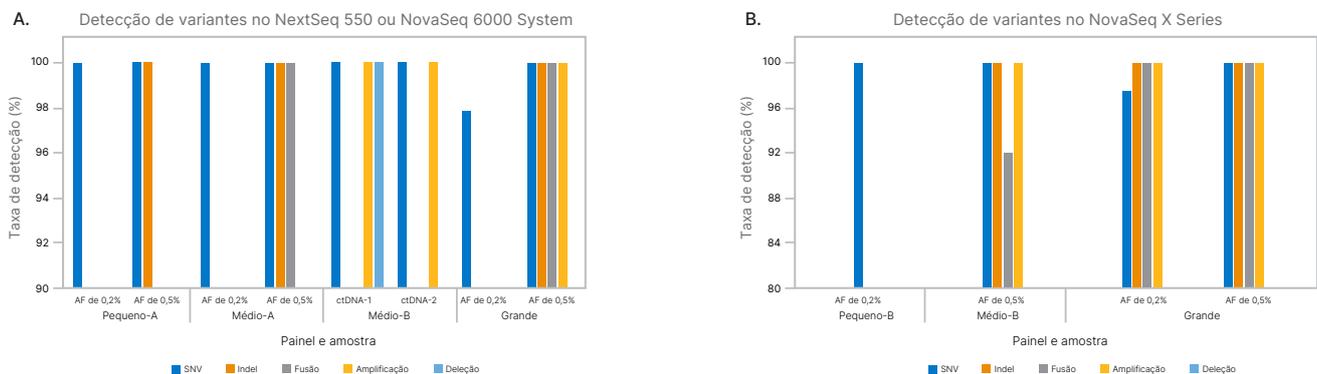


Figura 4: Detecção de variantes em baixa frequência de VAF: as bibliotecas do Illumina Cell Free DNA Prep with Enrichment foram preparadas com 20 ng de plasma, 20 ng de cfDNA de amostras de sangue total enriquecidas com SNVs a uma VAF de 0,2% ou com 20 ng de cfDNA de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, nº de catálogo 0710-0531). A identificação de variantes foi realizada usando o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub. (A) As bibliotecas preparadas foram sequenciadas no NextSeq 550 System (painel pequeno-A de 55 kb de ssDNA) ou no NovaSeq 6000 System (painéis médio-A de 250 kb, médio-B de 300 kb e grande de 2.000 kb) a uma profundidade média de leitura de 10 milhões, 46 milhões, 54 milhões ou 450 milhões de leituras únicas para painéis pequenos, médios e grandes, respectivamente. Os painéis pequeno-A, médio-A e médio-B foram sequenciados a aprox. 30.000× e o painel grande a aprox. 35.000× de cobertura no alvo. (B) As bibliotecas de painel pequeno-B e médio-B foram sequenciadas em cavidades individuais de uma lâmina de fluxo 10B e as bibliotecas de painel grande de uma lâmina de fluxo 1.5B do NovaSeq X System. A profundidade média de leitura foi de 32 milhões, 54 milhões e 340 milhões de leituras únicas para os painéis pequeno-B, médio-B e grande, respectivamente. Todos os painéis foram sequenciados a aprox. 30.000× de cobertura no alvo.

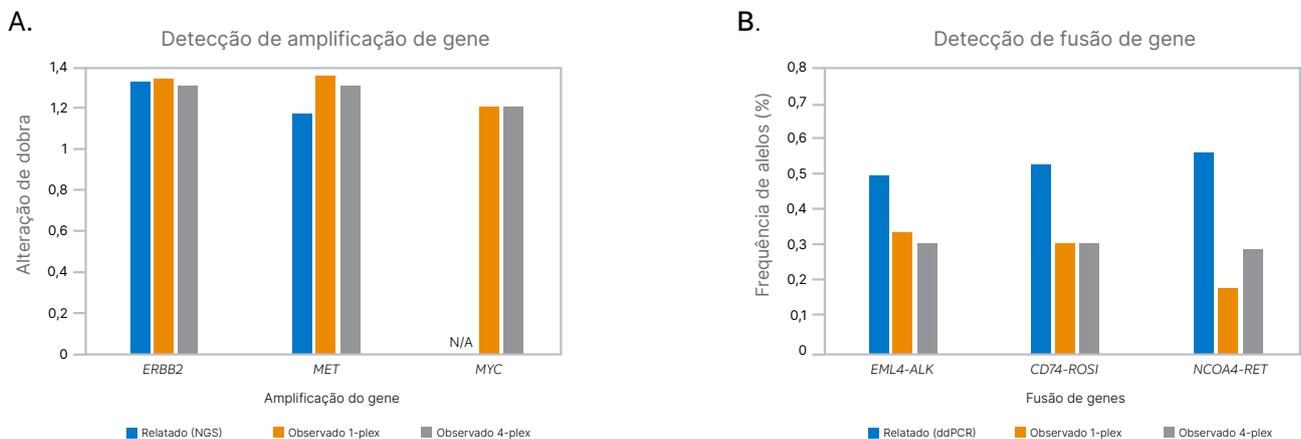


Figura 5: Detecção de amplificações e fusões de genes de baixa abundância: o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment demonstra excelente desempenho para detectar (A) amplificações de genes e (B) fusões de genes usando bibliotecas enriquecidas de 1 e 4 plex com conteúdo personalizado. As bibliotecas foram preparadas a partir de 20 ng de cfDNA de Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, nº de catálogo 0710-0531). Quatro bibliotecas foram individualmente enriquecidas com um painel com tamanho de 2000 kb e 80 bp de ssDNA (1-plex) e as mesmas quatro bibliotecas foram enriquecidas novamente com o mesmo painel conforme o formato multiplex (4-plex). As bibliotecas foram sequenciadas no NovaSeq 6000 System a uma profundidade média de leitura de 400 milhões de leituras únicas ( $\geq 35.000\times$  de cobertura no alvo). Os dados foram analisados com o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub. As três amplificações e fusões de genes na amostra de referência foram detectadas em todas as réplicas de bibliotecas enriquecidas de 1-plex e 4-plex na alteração de vezes e frequência de alelos indicadas. Discrepâncias no VAF para fusões são atribuídas a diferenças entre métodos de teste. Observação: O SeraCare não verifica a amplificação do gene *MYC* por métodos NGS.

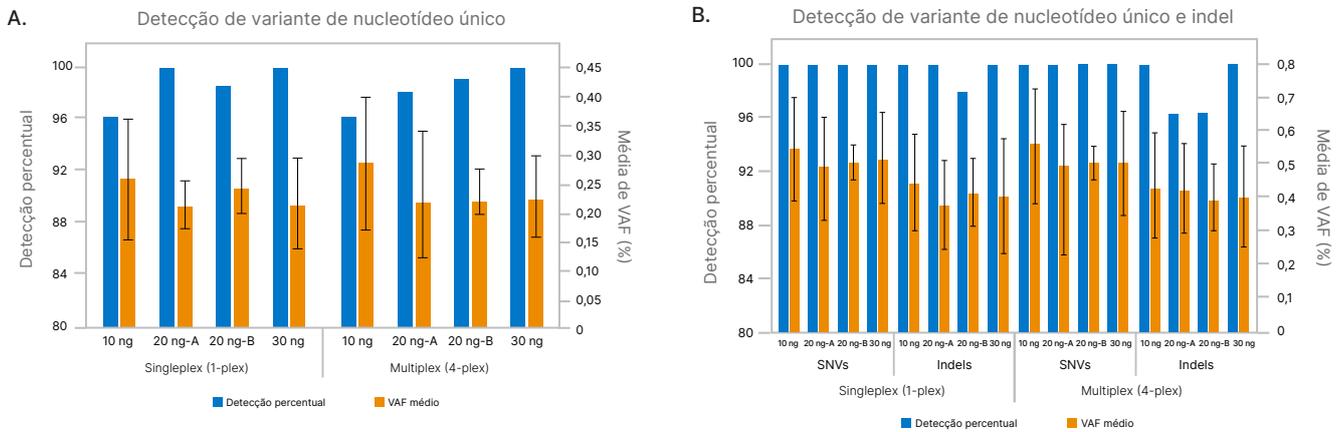


Figura 6: Detecção de variantes sensíveis com bibliotecas enriquecidas de 1-plex e 4-plex: as bibliotecas Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment foram preparadas a partir de amostras de cfDNA (10 ng, 20 ng ou 30 ng) enriquecidas com SNVs a (A) 0,2% VAF ou (B) 0,5% VAF usando cfDNA de SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, nº de catálogo 0710-0531). Quatro bibliotecas foram individualmente enriquecidas com um painel de 180 kb e 80 bp de ssDNA (10 ng, 20 ng-A e 30 ng) ou painel de 180 kb e 80 bp de dsDNA (20 ng-B) para o formato singleplex (1-plex). As mesmas quatro bibliotecas foram enriquecidas novamente com o mesmo painel para o formato multiplex (4-plex). As bibliotecas foram sequenciadas no NextSeq 550 System a uma profundidade média de leitura de 33 milhões de leituras únicas ( $\geq 30.000\times$  de cobertura no alvo). O aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub foi usado para analisar dados e identificar variantes.

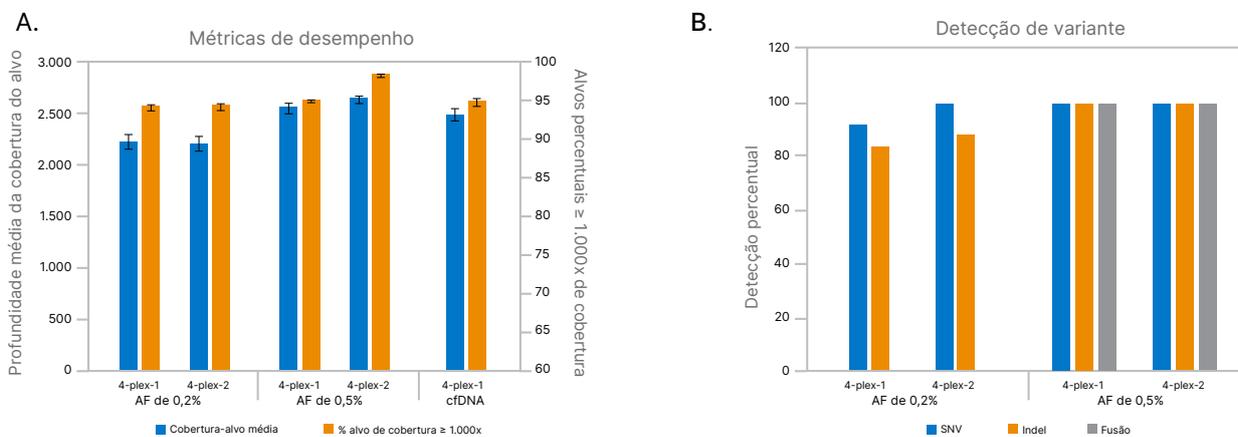


Figura 7: Compatibilidade de bibliotecas enriquecidas de 4-plex com o NovaSeq X Series: as bibliotecas do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment foram preparadas a partir de 20 ng de cfDNA de doadores saudáveis (cfDNA), cfDNA enriquecido com SNVs a uma VAF de 0,2% (0,2% AF) ou SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (0,5% AF). As bibliotecas foram indexadas com IDT para os índices Illumina UMI DNA/RNA UD (0,2% AF e cfDNA) ou índices Illumina UMI DNA/RNA UD v3 (0,5% AF) e enriquecidas com um painel de 250 kb e 120 bp de dsDNA conforme o formato de enriquecimento 4-plex. As bibliotecas foram sequenciadas em uma lâmina de fluxo 1.5B do NovaSeq X System a uma profundidade média de leitura de 46 milhões de leituras únicas ( $\geq 30.000\times$  de cobertura no alvo). As métricas de desempenho da biblioteca (A) e a análise de identificação de variantes esperadas (B) foram realizadas usando o aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub.

## Desempenho otimizado em todos os sistemas de sequenciamento da Illumina

Para demonstrar o excelente desempenho do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment nos sistemas de médio e alto rendimento da Illumina, as bibliotecas preparadas foram enriquecidas e sequenciadas em vários sistemas da empresa. A solução robusta e direta do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment produz resultados confiáveis em todos os sistemas de sequenciamento da Illumina, fornecendo mais de 1.500× profundidade de cobertura colapsada por UMI e alta uniformidade de cobertura, conforme avaliado pela porcentagem de alvos com mais 1.000× de cobertura (figura 8A). Uma alta taxa de detecção de variantes foi alcançada para todos os tipos de variantes nos diferentes sistemas de sequenciamento (figura 8B).

## Análise integrada de dados

O aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment usa algoritmos de bioinformática acelerados e totalmente integrados para garantir o desempenho ideal do ensaio. O software realiza correção de erros baseada em UMI, alinhamento de sequências e identificação de variantes somáticas de pequenas variantes, CNVs e fusões de genes. O aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment é executado localmente no Illumina DRAGEN Server v4.0.3

de fase 4 ou integrado ao NovaSeq 6000Dx System (no modo de pesquisa). O pipeline de análise também pode ser executado como um aplicativo em nuvem no BaseSpace Sequence Hub ou acessado por meio do Illumina Connected Analytics (ICA), uma plataforma genômica segura e baseada em nuvem para expandir a análise secundária sem a necessidade de adquirir e manter mais infraestrutura local.

O pipeline de análise integrado oferece aos usuários a flexibilidade de analisar seus dados com base nos painéis usados para o enriquecimento do alvo, com opções para alinhar seus dados de sequenciamento ao hg19 ou hg38, e realizar análises específicas e personalizar fluxos de trabalho para atender aos objetivos de pesquisa. Arquivos de tratamento de ruído fornecidos pelo usuário podem ser usados para filtrar ruídos específicos do local e melhorar a detecção de pequenas variantes. O software também permite que os usuários marquem variantes de hematopoesse clonal, excluam regiões especificadas de pequenas identificações de variantes, realizem identificações precisas de CNV e detectem hotspots somáticos com alta sensibilidade analítica usando um arquivo de hotspot somático personalizado ou, alternativamente, usem as regiões de hotspots somáticos DRAGEN integradas. Os usuários que acessam o aplicativo baseado na nuvem DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment podem explorar ainda mais opções para otimizar a análise modificando limites para o colapso de UMI e de identificações de pequenas variantes.

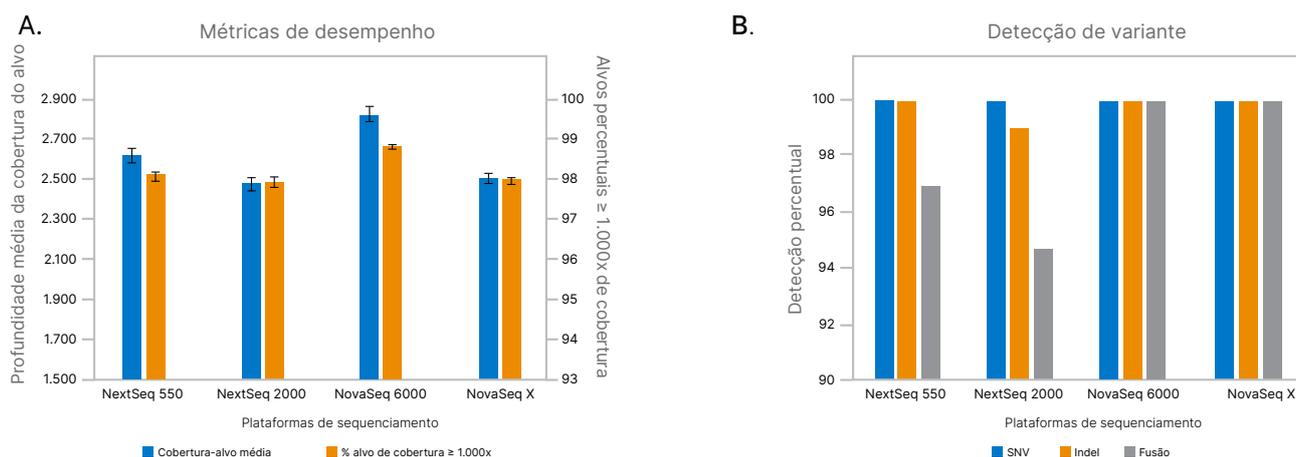


Figura 8: Compatibilidade com sistemas de médio e alto rendimento da Illumina: as bibliotecas do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment foram preparadas a partir de 20 ng de cfDNA do Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, nº de catálogo 0710-0531) e enriquecidas com um painel de 250 kb e 120 bp de dsDNA. As bibliotecas foram sequenciadas no NextSeq 550, no NextSeq 2000, no NovaSeq 6000 ou no NovaSeq X Systems a uma profundidade média de leitura de 46 milhões de leituras únicas e cobertura no alvo ≥ 30.000x. Oito bibliotecas foram agrupadas para a execução do NextSeq 550 System, 25 bibliotecas para a execução do NextSeq 2000 System, 51 bibliotecas em uma cavidade da lâmina de fluxo S4 para a execução do NovaSeq 6000 System e 27 bibliotecas em uma cavidade única de uma lâmina de fluxo 10B para a execução do NovaSeq X System. O aplicativo DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment no BaseSpace Sequence Hub foi usado para analisar dados e identificar variantes.

Os laboratórios podem aproveitar o Illumina Connected Insights para fornecer suporte à interpretação e à análise definidas pelo usuário. Arquivos de identificação de variantes produzidos localmente ou na nuvem com o DRAGEN no Illumina Connected Analytics podem ser automaticamente ingeridos no Illumina Connected Insights. Quando combinado com a integração do sistema de sequenciamento e com os recursos de inicialização automática do Illumina Connected Analytics, o fluxo de trabalho de análise pode ser totalmente automatizado, eliminando a necessidade de pontos de contato manuais, o que simplifica o fluxo de trabalho do sequenciamento em insights e na geração de relatórios preliminares.

## Fluxo de trabalho habilitado para automação

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é compatível com sistemas de manuseio de líquidos para automatizar a preparação de bibliotecas, permitindo que os laboratórios se ajustem às necessidades de produtividade variável. Com um fluxo de trabalho automatizado, os laboratórios podem alcançar um manuseio de amostras altamente reproduzível, manter resultados consistentes e impulsionar a eficiência. A automação também permite o dimensionamento rápido da produtividade sem a necessidade de tempo de manuseio adicional. Ganhos adicionais de eficiência podem ser obtidos adotando métodos qualificados da Illumina, disponíveis em nossos parceiros de automação\* e revisados pela Illumina para garantir o desempenho do método e a qualidade dos dados.

---

\* Métodos qualificados da Illumina disponíveis no H1 de 2025.

## Atributos aprimorados de produtos

A Illumina oferece serviços e suporte de alto nível para garantir o sucesso operacional dos laboratórios. Para proporcionar mais eficiência, o Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment oferece:

- **Prazo de validade estendido:** o prazo de validade mínimo garantido para reagentes do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment foi estendido para seis meses, reduzindo o risco de expiração do produto e possibilitando que os laboratórios utilizem os reagentes de acordo com as necessidades de teste específicas.
- **Notificação avançada de mudanças:** a Illumina notifica os laboratórios seis meses antes de qualquer alteração significativa em um produto do Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment kit.

## Resumo

O Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment é uma solução versátil de preparação de bibliotecas otimizada e de fornecedor único para uso com cfDNA de baixa entrada extraído de amostras de plasma. A solução, fácil de utilizar, é compatível com uma variedade de tamanhos de painéis, tanto com painéis de enriquecimento da Illumina quanto com painéis de terceiros, proporcionando uma flexibilidade total no conteúdo. Com a solução Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, os pesquisadores podem detectar variação somática de baixa frequência com sensibilidade analítica excepcional. A solução Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment de alto desempenho, combinada com sequenciamento em poderosos sistemas de sequenciamento Illumina e análise acelerada de dados, oferece um fluxo de trabalho de sequenciamento de cfDNA de alta qualidade, abrangendo do processamento de amostras à análise de dados, de um único parceiro confiável.

## Saiba mais

[Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment](#)

[Illumina Connected Insights](#)

## Informações para pedidos

Produto	N.º do catálogo
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 samples)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 samples)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep, Enrichment (16 reactions)	20104107
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex)	20104103
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex) On-premises	20104104
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120 bp)	20073953
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120 bp)	20073952

Produto	N.º do catálogo
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1536 µl, 120 bp)	20111339
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20034702
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126237
Illumina Connected Insights—Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Illumina Connected Insights Starter Implementation Package	20071787
Illumina Connected Insights Expanded Implementation Package	20071787 (conforme escopo)



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566  
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-GL-02096 PTB v3.0