

# Puce BeadChip Infinium<sup>MC</sup> OmniExpress-24 v1.4

Une puce à ADN de haute densité personnalisable pour des études de génotypage haut débit

- Puce à ADN puissante conçue pour les études d'association pangénomique
- Contenu optimisé de tags SNP issus des trois phases du projet HapMap pour capturer la plus grande quantité de variations courantes
- Données reproductibles de haute qualité s'appuyant sur une chimie Infinium dont la fiabilité a été établie avec un flux de travail évolutif

**illumina**<sup>MD</sup>

## Présentation

La puce personnalisable BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4 (figure 1) offre une plateforme économique pour réaliser des études de génotypage à grande échelle. Conçue en collaboration avec plusieurs établissements de recherche de premier ordre, la puce BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4 comprend tous les tags de polymorphismes mononucléotidiques (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) présents sur la puce BeadChip Infinium Core-24 et plus de 240 000 marqueurs provenant de la puce BeadChip Infinium HumanExome (tableau 1, tableau 2). De plus, la puce BeadChip Infinium OmniExpress-24+ v1.4 peut accumuler jusqu'à 30 000 marqueurs personnalisés.

Outre la possibilité de réaliser des études de génotypage à grande échelle, la puce BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4 peut être utilisée pour obtenir facilement et rapidement des données d'échantillon de référence pour diverses applications en aval, notamment les études sur les variants communs, l'ADN mitochondrial (ADNmt), l'ascendance, la détermination du sexe, la perte de variants et les insertions/délétions (indels).

Tableau 1 : Spécifications du produit

Fonctionnalité	Description
Espèce	Être humain
Nombre total de marqueurs	717 960
Capacité pour les types de billes personnalisés	30 000
Nombre d'échantillons par puce BeadChip	24
Exigence d'entrée d'ADN	200 ng
Chimie de test	HTS Infinium
Système prenant en charge la puce	Système iScan
Débit d'échantillons <sup>a</sup>	~ 2 304 échantillons/semaine
Durée de balayage par échantillon <sup>a</sup>	2,5 min

a. Les valeurs, les durées de balayage et les débits maximaux approximatifs varient selon le laboratoire et la configuration du système



Figure 1 : Puce BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4 – La puce BeadChip polyvalente dispose d'une couverture de la variation de SNP commune, comme l'a établi le projet HapMap international.

Tableau 2 : Renseignements relatifs aux marqueurs

Catégorie	Nombre de marqueurs		
Gènes RefSeq <sup>1</sup>	330 672		
Gènes RefSeq +/- 10 kb <sup>1</sup>	398 126		
Exons RefSeq <sup>1</sup>	49 434		
Régions promotrices RefSeq <sup>1</sup>	21 411		
Gènes ADME <sup>2</sup>	13 130		
Gènes ADME +/- 10 kb <sup>2</sup>	16 238		
Exons ADME <sup>2</sup>	1 631		
CMH <sup>3</sup>	7 306		
HLA <sup>3</sup>	4 927		
Gènes COSMIC <sup>4</sup>	301 426		
Gènes de Gene Ontology <sup>5</sup>	82 830		
Marqueurs de non-sens <sup>6</sup>	136		
Marqueurs de faux sens <sup>6</sup>	12 564		
Marqueurs de synonymes <sup>6</sup>	10 952		
Marqueurs de mutation silencieuse <sup>6</sup>	25 782		
Chromosomes sexuels <sup>6</sup>	X 17 714	Y 1 423	PAR/Homologue 718

Abréviations : ADME : absorption, distribution, métabolisme et excrétion;  
 HLA : antigène des leucocytes humains (human leukocyte antigen);  
 CMH : complexe majeur d'histocompatibilité; PAR : région pseudo-autosomique (pseudoautosomal region)

## Test de haute performance

La puce BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4 utilise la chimie éprouvée du test de dépistage à débit élevé (HTS, High-throughput Screening) Infinium pour fournir une solution de génotypage haute performance et précise. Associée au système iScan<sup>MC</sup>, cette puce BeadChip à haute densité de 24 échantillons fournit des renseignements abordables de haute qualité sur l'ensemble du génome dans diverses populations ([tableau 3](#), [tableau 4](#)).

Tableau 3 : Performance des données et espace

	Observé <sup>a</sup>	Spécifications du produit <sup>b</sup>	
Débit d'appel	99,81 %	> 99,0 %	
Reproductibilité	99,99 %	> 99,9 %	
Déviations de log R	0,10	< 0,30 <sup>c</sup>	
	Moyenne	Médiane	90e percentile <sup>c</sup>
Espacement des sondes	4,07 kb	2,23 kb	14,30
	Ciblé	Chaîne principale	
Résolution	~ 10 kb	~ 25 kb	

a. Les valeurs sont tirées du génotypage de 325 échantillons de référence du projet HapMap

b. La valeur attendue pour les projets typiques qui utilisent les protocoles standard d'Illumina; les échantillons préparés selon les protocoles non standard d'Illumina sont exclus

c. Les marqueurs du chromosome Y des échantillons féminins sont exclus

Tableau 4 : Couverture du DL  $r^2 \geq 0,80$  à différents seuils de FAM sur la base du Projet 1000 Genomes<sup>7</sup>

Population <sup>a</sup>	Couverture du DL ( $r^2 \geq 0,80$ )		
	FAM $\geq 1\%$	FAM $\geq 2,5\%$	FAM $\geq 5\%$
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](http://www.internationalgenome.org/category/population)

Abréviations : AFR : Africain; AMR : Américains aux origines mixtes; EAS : Asiatiques de l'Est; EUR : Européens; DL : déséquilibre de liaison; FAM : fréquence d'allèle mineur; SAS : Sud-Asiatiques

## En savoir plus

Puce BeadChip Infinium OmniExpress-24 v1.4, [illumina.com/products/by-type/microarray-kits/infinium-omni-express.html](http://illumina.com/products/by-type/microarray-kits/infinium-omni-express.html)

## Renseignements relatifs à la commande

Infinium OmniExpress-24 v1.4 Kit	N° de référence
48 échantillons	20062061
288 échantillons	20062062
1 152 échantillons	20062063
Infinium OmniExpress-24+ v1.4 Kit <sup>a</sup>	N° de référence
48 échantillons	20062058
288 échantillons	20062059
1 152 échantillons	20062060

a. Prend en charge du contenu personnalisé supplémentaire

## Références

- National Center for Biotechnology information. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database. [ncbi.nlm.nih.gov/refseq](http://ncbi.nlm.nih.gov/refseq). Accessed June 6, 2022.
- University of California, Santa Cruz (UCSC) Genome Browser. [genome.ucsc.edu](http://genome.ucsc.edu). Accessed June 6, 2022.
- 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
- Catalog of somatic mutations in cancer (COSMIC). [cancer.sanger.ac.uk/](http://cancer.sanger.ac.uk/). Revised May 31, 2022. Accessed June 6, 2022.
- Gene Ontology Consortium. The gene ontology resource. [geneontology.org](http://geneontology.org). Updated June 15, 2022. Accessed June 22, 2022.
- NCBI Genome Reference Consortium. Human genome overview. Version GRCh37. [ncbi.nlm.nih.gov/grc/human](http://ncbi.nlm.nih.gov/grc/human). Accessed June 6, 2022.
- The International Genome Sample Resource. [internationalgenome.org](http://internationalgenome.org). Accessed June 6, 2022.



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 |

Téléphone : + (1) 858 202-4566

techsupport@illumina.com | [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2023 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-00950 FRA v1.0