

# Infinium™ PsychArray-24 v1.3 BeadChip

Untersuchen Sie die mit den häufigsten psychischen Erkrankungen assoziierten genetischen Varianten mit bewährter Infinium-Array-Technologie.

## Überblick

Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip ([Abbildung 1](#)) ist ein kostengünstiger Array mit hoher Dichte. Er wurde in Zusammenarbeit mit dem [Psychiatric Genomics Consortium](#) und mehreren führenden Forschungsinstituten für genetische Studien in großem Umfang zu Prädispositionen und Risiken für psychische Erkrankungen entwickelt. Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip enthält ca. 271.000 bewährte Tag-SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms, Einzelnukleotid-Polymorphismen), die auch im Infinium Core-24 BeadChip enthalten sind, sowie ca. 277.000 Marker des Infinium Exome-24 v1.1 BeadChip und ca. 50.000 Marker, die häufig vorkommenden psychischen Erkrankungen zugeordnet werden. Diese Marker umfassen genetische Varianten, die mit folgenden häufig auftretenden psychischen Erkrankungen assoziiert sind:

- Schizophrenie
- Bipolare Störung
- Autismus-Spektrum-Störungen
- Aufmerksamkeitsdefizit-/Hyperaktivitätsstörung (ADHS)
- Depression
- Zwangsstörung
- Magersucht
- Tourette-Syndrom

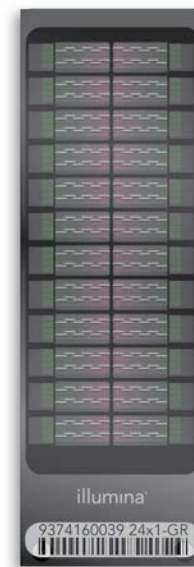
Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip ist die ideale Ausgangsbasis für Genomstudien zu psychischen Erkrankungen.

## Zuverlässiger und bewährter Assay von hoher Qualität

Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip nutzt die bewährte Infinium-Assay-Chemie, um reproduzierbare Daten mit demselben Qualitätsanspruch zu generieren ([Tabelle 1](#)), den die Genotypisierungsarrays von Illumina seit über 10 Jahren erfüllen. Sie ist mit dem Infinium FFPE QC und dem DNA Restoration Kit kompatibel, sodass formalinfixierte, in Paraffin eingebettete (FFPE) Proben genotypisiert werden können. Mit dem hohen Signal-Rausch-Verhältnis der einzelnen Genotypisierungs-Calls des Infinium-Assays besteht darüber hinaus Zugang zu einem genomweiten Kopienzahlvarianten-Calling (CNV) mit einem mittleren Sondenabstand von ca. 4,88 kb.

## Workflow mit hohem Durchsatz

Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip nutzt das hochgradig skalierbare Infinium HTS-Format mit 24 Proben, das Labors eine effiziente Steigerung des Durchsatzes für Forschung und Varianten-Screening für Gesamtbevölkerungen ermöglicht. Das HTS-Format umfasst zwei unterschiedliche Assay-Optionen, die anhand des Verarbeitungsdurchsatzes optimiert wurden. Der Infinium HTS-Assay sorgt mit einem möglichen Durchsatz von mehreren Hunderttausend Proben pro Woche für Flexibilität bei der Verarbeitung. Der Infinium HTS-Assay bietet außerdem einen schnellen Workflow von nur drei Tagen, sodass Anbieter von Genotypisierungs-Services und klinische Forscher Daten schnell erfassen und Studien vorantreiben können.



**Abbildung 1:** Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip – Der Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip ist ein umfassender Array, der eine hervorragende Coverage der von einem Konsortium ausgewählten entsprechenden Marker für häufig vorkommende psychische Erkrankungen bietet.

**Tabelle 1: Produktinformationen**

| Merkmal  | Beschreibung                |                                   |                    |
|--|-----------------------------|-----------------------------------|--------------------|
| Spezies  | Mensch                      |                                   |                    |
| Anzahl Marker insgesamt                        | 595.427                     |                                   |                    |
| Kapazität für anwendungsspezifische Bead-Typen | 60.000                      |                                   |                    |
| Anzahl Proben pro BeadChip                     | 24 Proben                   |                                   |                    |
| Erforderliche DNA-Zugabe                       | 200 ng                      |                                   |                    |
| Assay-Chemie                                   | Infinium HTS                |                                   |                    |
| Geräteunterstützung                            | iScan-System                |                                   |                    |
| Probendurchsatz <sup>a</sup>                   | ca. 2.304 Proben/Woche      |                                   |                    |
| Scandauer je Probe                             | iScan-System<br>1,3 Minuten |                                   |                    |
| Datenleistung                                  | Wert <sup>b</sup>           | Produktspezifikation <sup>d</sup> |                    |
| Call-Rate                                      | 99,8 %                      | > 99 % im Durchschn.              |                    |
| Reproduzierbarkeit                             | 99,99 %                     | > 99,9 %                          |                    |
| Log-R-Abweichung                               | 0,09                        | < 0,30 <sup>e</sup>               |                    |
| Abstand  |                             |                                   |                    |
| Abstand (kb)                                   | Mittel                      | Median                            | 90. % <sup>c</sup> |
|  | 4,88                        | 1,74                              | 13,19              |

- a. Schätzung basiert auf einem iScan-System, einem AutoLoader 2.x, zwei Tecan-Robotern und einer Fünf-Tage-Arbeitswoche.
- b. Werte stammen aus der Genotypisierung von 327 HapMap-Referenzproben.
- c. Der erwartete Wert für typische Projekte, bei denen Illumina-Standardprotokolle verwendet werden. Tumor-Proben und Proben, die mit anderen Methoden als den Standardprotokollen von Illumina vorbereitet wurden, sind hiervon ausgeschlossen.
- d. Bei weiblichen Proben sind Y-Chromosomenmarker ausgeschlossen.

Die optionale Integration des Laborinformations- und Managementsystems von Illumina (LIMS) in den Workflow maximiert die Laboreffizienz mit automatisierten Funktionen sowie Prozess- und Qualitätssicherungsdatenverfolgung. Der Illumina ArrayLab Consulting Service bietet maßgeschneiderte Lösungen für Hochdurchsatz-Genotypisierungslabors, die ihre Effizienz und die gesamten Arbeitsabläufe optimieren möchten.

**Tabelle 2: Marker-Informationen**

| Marker-Kategorien                   | Markeranzahl |       |             |
|-------------------------------------|--------------|-------|-------------|
| Nonsense-Marker <sup>a</sup>        | 25.880       |       |             |
| Missense-Marker <sup>a</sup>        | 221.268      |       |             |
| Synonyme Marker <sup>a</sup>        | 14.994       |       |             |
| Mitochondriale Marker <sup>b</sup>  | 350          |       |             |
| Indels <sup>b</sup>                 | 12.458       |       |             |
| Geschlechtschromosomen <sup>b</sup> | X            | Y     | PAR/homolog |
|                                     | 14.405       | 2.054 | 259         |

- a. Verglichen mit dem [Genome Browser der University of California, Santa Cruz \(UCSC\)](#). Abgerufen im Oktober 2019.
- b. [NCBI Genome Reference Consortium](#), Version GRCh37. Abgerufen im Oktober 2019.

Abkürzungen: Indel: Insertion/Deletion, PAR: Pseudoautosomal Region (pseudoautosomale Region).

**Tabelle 3: LD  $r^2 \geq 0,80$  aus 1000G<sup>a</sup> bei unterschiedlichen MAF-Grenzwerten**

| 1000G-Bevölkerungsgruppe <sup>b</sup> | LD-Abdeckung ( $r^2 \geq 0,80$ ) |                |
|---------------------------------------|----------------------------------|----------------|
|                                       | MAF $\geq 5\%$                   | MAF $\geq 1\%$ |
| AFR                                   | 0,47                             | 0,31           |
| AMR                                   | 0,71                             | 0,53           |
| EAS                                   | 0,77                             | 0,64           |
| EUR                                   | 0,75                             | 0,60           |
| SAS                                   | 0,72                             | 0,56           |

a. Verglichen mit Phase 3, Version 5 des [1000 Genomes Project](#) (1000G). Aufgerufen im Juli 2016.

b. Siehe [www.1000genomes.org/category/frequently-asked-questions/population](http://www.1000genomes.org/category/frequently-asked-questions/population)

Abkürzungen: MAF: Minor Allele Frequency (Häufigkeit des seltenen Allels), LD: Linkage Disequilibrium (Kopplungsungleichgewicht); AFR: afrikanisch, AMR: gemischt amerikanisch, EAS: ostasiatisch, EUR: europäisch, SAS: südasiatisch.

## Bestellinformationen

| Infinium PsychArray-24 v1.3 Kit               | Katalog-Nr. |
|---|-------------|
| 48 Proben                                     | 20024692    |
| 288 Proben                                    | 20024693    |
| 1.152 Proben                                  | 20024694    |
| Infinium PsychArray-24+ v1.3 Kit <sup>a</sup> | Katalog-Nr. |
| 48 Proben                                     | 20024695    |
| 288 Proben                                    | 20024696    |
| 1.152 Proben                                  | 20024697    |

a. Anwendungsspezifischer Inhalt möglich.

## Weitere Informationen

Weitere Informationen zum Infinium PsychArray-24 v1.3 BeadChip finden Sie unter [www.illumina.com/genotyping](http://www.illumina.com/genotyping)

**Illumina, Inc.** • USA (gebührenfrei) 1.800.809.4566 • Tel. außerhalb Nordamerikas +1.858.202.4566 • [techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com) • [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

©2019 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Weitere Informationen zu Marken finden Sie unter [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html). Pub.-Nr. 370-2014-006-D DEU QB8452

