

# Infinium<sup>TM</sup> Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0

Array de genotipado de alta resolución para estudios de farmacogenómica e investigación clínica

- Estructura que abarca todo el genoma para detectar variantes comunes y poco frecuentes en toda una gama de fenotipos
- Cobertura completa de aproximadamente 1,2 millones de variantes anotadas de bases de datos públicas
- Aproximadamente 35 000 marcadores adicionales que respaldan la investigación avanzada en farmacogenómica
- Flujo de trabajo automatizado para necesidades de productividad media y alta

**illumina**<sup>®</sup>

## Introducción

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 es un BeadChip de alta densidad desarrollado para la investigación en farmacogenómica (PGx), el desarrollo de puntuaciones del riesgo poligénico y la investigación en enfermedades genéticas. Cada BeadChip proporciona una evaluación precisa de aproximadamente 1,2 millones de marcadores principales y 41 875 marcadores centrados en la farmacogenómica para un máximo de 24 muestras humanas (figura 1, tabla 1).

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 incluye más de 35 900 marcadores de absorción, distribución, metabolismo y excreción (ADME) que abarcan más de 2000 genes y una cobertura excepcional de variantes del Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC) de nivel de prioridad A y B (figura 2, tabla 2).<sup>1,2</sup> El flujo de trabajo de Infinium EX con farmacogenómica también incluye un paso de amplificación génica selectiva que permite detectar genes de farmacogenómica de alto impacto, como *CYP2D6*, *CYP2C19* y *DPYD*, que históricamente han sido difíciles de evaluar.

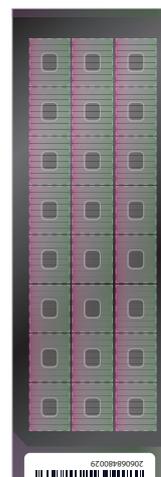


Figura 1: Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0. Cuenta con una estructura multiétnica con aproximadamente 1,2 millones de marcadores de relevancia clínica. El BeadChip utiliza la química de Infinium EX para obtener resultados rápidos y precisos.

Tabla 1: Especificaciones del producto

Característica	Descripción
Especie	Humana
Número total de marcadores <sup>a</sup>	1 185 155
Marcadores farmacogenómicos mejorados	41 875
Número de muestras por BeadChip	24
Cantidad necesaria de aporte de ADN	200 ng
Capacidad para tipos de bolas personalizadas	10 000
Proceso químico del ensayo	Infinium EX
Compatibilidad con instrumentos <sup>a</sup>	iScan™ System Infinium Amplification System Infinium Automated Pipetting System con ILASS
Productividad de muestras máxima de iScan System	~5760 muestras/semana
Tiempo de lectura por BeadChip <sup>b</sup>	~30 minutos

a. Se necesitan iScan System e Infinium Automated Pipetting System con ILASS para que la solución sea totalmente compatible. Infinium Amplification System es opcional.  
b. Los valores aproximados, los tiempos de lectura y la productividad máxima variarán en función del laboratorio y las configuraciones del sistema.

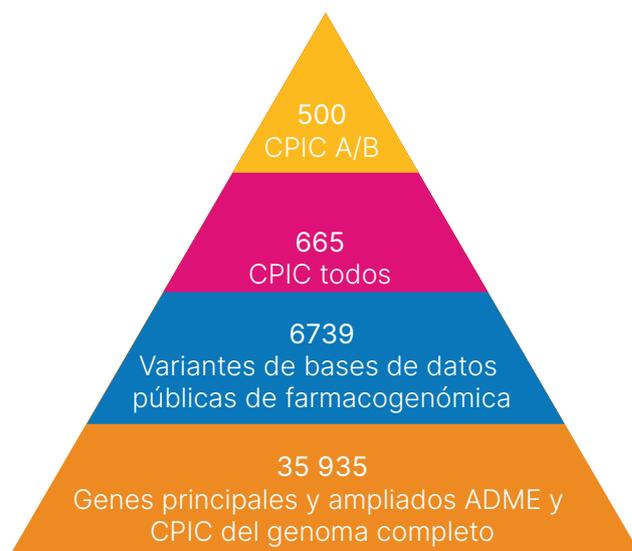


Figura 2: Amplio espectro de marcadores de farmacogenómica. Contenido de investigación clínica desarrollado a partir de una lista exhaustiva de marcadores de farmacogenómica basada en las directrices del CPIC y la base de datos PharmGKB.<sup>1,2</sup> El contenido incluye variantes anotadas en PharmGKB, cobertura de farmacogenómica de genoma completo, genes ADME ampliados,<sup>3</sup> genes CPIC de nivel A y SNP marcadores de atribución selectiva.

Tabla 2: Contenido de alto valor procedente de bases de datos de investigación clave

Contenido	N.º de marcadores <sup>a</sup>	Aplicación en investigación/ nota	Contenido	N.º de marcadores <sup>a</sup>	Aplicación en investigación/nota
Cobertura de genes de ACMG <sup>4</sup> 59 2016	31 996		Genes GO <sup>9</sup> CVS	204 889	Enfermedades cardiovasculares
Todas las anotaciones de ACMG 59	47 677		Base de datos de variantes genómicas <sup>10</sup>	926 764	Variación genómica estructural
ACMG 59 patógeno	11 580	Variantes de importancia clínica conocida identificadas a partir de muestras clínicas de secuenciación del genoma completo (WGS, whole-genome sequencing) y secuenciación del exoma completo (WES, whole-exome sequencing)	eQTL <sup>11</sup>	4783	Locus genómicos que regulan los niveles de expresión del ARNm
ACMG 59 probablemente patógeno	4789		SNP en la huella genética <sup>12</sup>	435	Identificación humana
ACMG 59 benigno	3629		Exoma de gnomAD <sup>13</sup>	134 595	Resultados de WES y WGS de personas no relacionadas de diferentes estudios
ACMG 59 probablemente benigno	10 072		Genes del HLA <sup>14</sup>	1286	Defensa frente a las enfermedades, rechazos de trasplantes y trastornos autoinmunitarios
VUS de ACMG 59	12 213		MHC ampliado <sup>14 c</sup>	13 711	Defensa frente a las enfermedades, rechazos de trasplantes y trastornos autoinmunitarios
Genes principales y ampliados ADME <sup>3</sup> y CPIC	35 935	Absorción, distribución, metabolismo y eliminación del fármaco	Genes KIR <sup>5</sup>	61	Trastornos autoinmunitarios y defensa frente a las enfermedades
Genes principales y ampliados ADME y CPIC +/-10 kb	41 875	Incluye regiones de regulación	SNP de neandertal <sup>15</sup>	2775	Ascendencia neandertal y migración de las poblaciones humanas
AIM <sup>6</sup>	2853	Marcadores informativos de ascendencia	Cobertura genética de cribado de portadores/recién nacidos	48 837	Genes asociados a enfermedades infantiles incluidas en TruSight™ Inherited Disease Sequencing Panel <sup>16</sup>
APOE <sup>5</sup>	20	Enfermedades cardiovasculares, enfermedad de Alzheimer y funciones intelectuales	Catálogo GWAS del NHGRI-EBI <sup>17</sup>	48 904	Marcadores del GWAS publicado
Genes del fenotipo sanguíneo <sup>6</sup>	2337	Fenotipos sanguíneos	PharmGKB <sup>1,4</sup> todos	5296	Variación genética humana asociada a respuestas a fármacos
Variantes de ClinVar <sup>7</sup>	123 136	Relaciones entre variación, fenotipos y salud humana	PharmGKB nivel 1A	46	
ClinVar patógeno	33 695		PharmGKB nivel 1B	8	
ClinVar probablemente patógeno	16 328		PharmGKB nivel 2A	59	
ClinVar benigno	26 944		PharmGKB nivel 2B	51	
ClinVar probablemente benigno	18 806		PharmGKB nivel 3	1955	
ClinVar VUS	21 297		PharmGKB nivel 4	489	
Genes COSMIC <sup>8</sup>	553 745		Mutaciones somáticas del cáncer	UTR 3' de RefSeq <sup>18</sup>	24 302
CPIC <sup>2</sup> todos	665	Variantes con posibles pautas para optimizar la terapia farmacológica	UTR 5' de RefSeq	11 663	Regiones no traducidas 5' <sup>d</sup>
CPIC-A	468		Todas las UTR de RefSeq	34 928	Regiones no traducidas <sup>d</sup>
CPIC-A/B	500		RefSeq	615 027	Todos los genes conocidos
CPIC-B	29		RefSeq +/- 10 kb	715 588	Regiones de regulación <sup>d</sup>
CPIC-C	45		Promotores de RefSeq	26 878	2 kb secuencia arriba para abarcar las regiones promotoras <sup>d</sup>
CPIC-C/D	2		Regiones de corte y empalme de RefSeq	6993	Variantes en las ubicaciones de corte y empalme <sup>d</sup>
CPIC-D	61				

a. El número de marcadores de cada categoría puede cambiar.  
 b. Según cálculos internos.  
 c. El MHC ampliado es una región de 8 Mb.  
 d. De todos los genes conocidos.

Abreviaturas: ACMG: American College of Medical Genetics; ADME: absorción, distribución, metabolismo y excreción; AIM (ancestry-informative marker): marcador informativo de ascendencia; APOE: apolipoproteína E; COSMIC (catalog of somatic mutations in cancer): catálogo de mutaciones somáticas en el cáncer; CPIC: Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium; EBI: European Bioinformatics Institute; eQTL (expression quantitative trait loci): locus de rasgos cuantitativos de la expresión; gnomAD (Genome Aggregation Database): base de datos de agregación de genomas; GO CVS (gene ontology annotation of the cardiovascular system): anotación ontológica de genes del sistema cardiovascular; GWAS (genome-wide association study): estudio de asociación de genoma completo; HLA (human leukocyte antigen): antígeno leucocitario humano; KIR (killer cell immunoglobulin receptor): receptor inmunoglobulinicoide de linfocitos citotóxicos; MHC (major histocompatibility complex): complejo principal de histocompatibilidad; NHGRI: National Human Genome Research Institute; PharmGKB: Pharmacogenomics Knowledgebase; RefSeq: base de datos de secuencias de referencia de NCBI; UTR (untranslated region): región no traducida; VUS (variant of unknown significance): variante de importancia desconocida; WES (whole-exome sequencing): secuenciación del exoma completo; WGS (whole-genome sequencing): secuenciación del genoma completo.

## Flujo de trabajo químico de Infinium EX

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 utiliza la química avanzada de Infinium EX para lograr un flujo de trabajo de ensayo rápido y preciso. El flujo de trabajo químico de Infinium EX utiliza reactivos sin formamida y es compatible con Infinium Amplification System e Infinium Automated Pipetting System con ILASS. El flujo de trabajo automatizado mejora considerablemente la flexibilidad, reduce el tiempo de participación activa y reduce la posibilidad de errores humanos. El flujo de trabajo de farmacogenómica también incluye un paso de amplificación génica selectiva que aumenta el rendimiento para la detección de objetivos difíciles, como *CYP2D6*, *CYP2B6* y *TPMT*.

## Columna diversa con cobertura exónica mejorada

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 se basa en una columna de SNP de alta densidad global optimizada para la cobertura de atribución entre poblaciones. El contenido del genoma completo incluye un marcado mejorado en regiones exónicas y una cobertura enriquecida de locus de estudios de asociación del genoma completo (GWAS, genome-wide association studies) con asociaciones conocidas de enfermedades o rasgos (figura 2, tabla 3).

Tabla 3: Información sobre los marcadores

Categorías de marcadores		N.º de marcadores	
Marcadores exónicos <sup>a</sup>		161 451	
Marcadores intrónicos <sup>a</sup>		492 186	
Marcadores sin sentido <sup>b</sup>		7088	
Marcadores con cambio de sentido <sup>b</sup>		53 660	
Marcadores sinónimos <sup>b</sup>		14 806	
Marcadores mitocondriales <sup>b</sup>		1038	
Indels <sup>c</sup>		20 048	
Cromosomas sexuales <sup>c</sup>	X	Y	PAR/homólogo
	39 005	4435	824

a. RefSeq: Base de datos de secuencias de referencia del NCBI.<sup>18</sup>

b. En comparación con el navegador UCSC Genome Browser.<sup>5</sup>

c. NCBI Genome Reference Consortium, versión GRCh38.<sup>19</sup>

Se han seleccionado más de 130 000 marcadores de exomas de personas que representan grupos étnicos diversos, incluidos afroestadounidenses, hispanos, isleños del Pacífico, asiáticos orientales, europeos y personas de ascendencia mixta. La array también incorpora contenido exómico de poblaciones de la base de datos ExAC, incluidos marcadores interpoblacionales y específicos de poblaciones con funcionalidad o pruebas sólidas de asociación (tabla 4). El diseño inclusivo posibilita varias aplicaciones, incluidos la puntuación del riesgo poligénico, la investigación nutrigenómica y los estudios de validación clínica basados en variantes identificadas.

Tabla 4: Cobertura exónica entre poblaciones

Poblaciones <sup>a,b</sup>	N.º de marcadores
EUR	102 826
EAS	52 568
AMR	78 427
AFR	72 275
SAS	70 708
EUR/EAS/AMR/AFR/SAS	36 289

a. [www.internationalgenome.org/category/population](http://www.internationalgenome.org/category/population).

b. Basado en gnomAD, [gnomad.broadinstitute.org/](http://gnomad.broadinstitute.org/).

Abreviaturas: EUR: europeo; EAS: asiático oriental; AMR (Ad Mixed American): americano mestizo; AFR: africano; SAS: sudasiático.

## Amplia cobertura de variantes con asociaciones conocidas de enfermedades

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 está diseñado para aplicaciones de investigación clínica de alto valor. Proporciona cobertura de variantes seleccionadas del catálogo de estudios de asociación del genoma completo del National Human Genome Research Institute Genome-Wide Association Studies (NHGRI-GWAS)<sup>17</sup> que representan una amplia gama de fenotipos y clasificaciones de enfermedades. Este contenido es una gran oportunidad para los investigadores interesados en estudiar poblaciones diversas.

El contenido de investigación clínica de la array permite validar asociaciones con enfermedades identificadas con anterioridad, perfiles de riesgo, investigaciones para el cribado preventivo y estudios de farmacogenómica.

La selección de variantes incluye una amplia variedad de clasificaciones patológicas basadas en anotaciones de ClinVar y el American College of Medical Genetics (ACMG).<sup>3</sup> El contenido abarca una amplia gama de fenotipos y clasificaciones patológicas basada en ClinVar y el catálogo del NHGRI-GWAS (figura 3). Los marcadores cubren las variantes del ACMG y la base de datos ClinVar con diversos fenotipos patógenos, probablemente patógenos y variantes de importancia desconocida (VUS, variants of unknown significance), además de variantes benignas (figura 4).

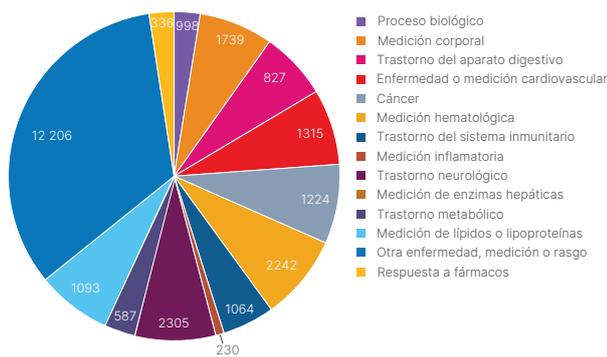


Figura 3: Contenido de investigación de enfermedades que abarca diversas poblaciones. Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 incluye una amplia cobertura de fenotipos y clasificaciones patológicas basadas en categorías de bases de datos de NHGRI-GWAS.

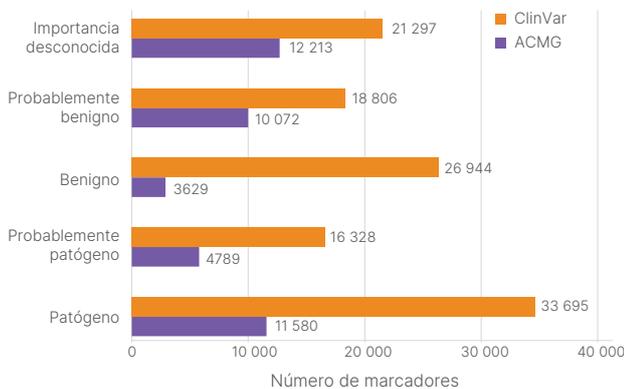


Figura 4: Distribución de clasificaciones patológicas de variantes según las anotaciones de ClinVar y ACMG. Las variantes cubren diversas evidencias patógenas y no patógenas.

## Contenido de investigación actualizado

Las bases de datos, como ClinVar, evolucionan de forma constante a medida que se añaden nuevas variantes y que la designación de estas cambia a «patógena» o «probablemente patógena». Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 proporciona una cobertura actualizada para muchas de estas variantes de alto valor que se incluyen en estas bases de datos anotadas. Las variantes incluidas en la array están compuestas por marcadores con asociación patológica conocida seleccionados de ClinVar, PharmGKB y la base de datos del NHGRI-EBI.<sup>8,18</sup> La array también proporciona SNP marcadores basados en la atribución para alelos del HLA, la región ampliada del MHC, el gen KIR y contenido exónico de la base de datos gnomAD<sup>5,13,14</sup> (tabla 2, figura 5).

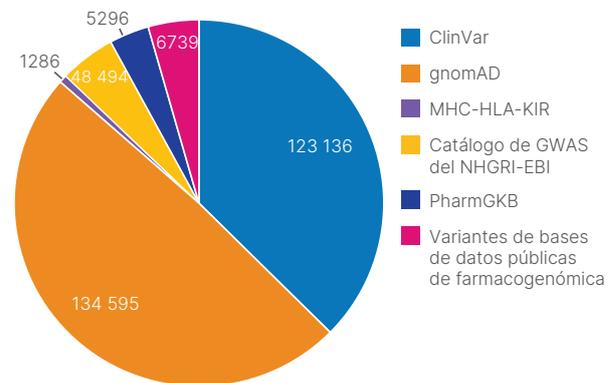


Figura 5: Contenido de investigación clínica. El contenido de investigación clínica seleccionado por expertos de bases de datos clave admite una amplia gama de aplicaciones.

## Marcadores de CC para el seguimiento y la identificación de muestras

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 incluye aproximadamente 9000 marcadores de control de calidad (CC). Los marcadores de CC en la array se han seleccionado para facilitar los estudios de alto rendimiento y posibilitar las funciones de seguimiento de las muestras, como la determinación de la ascendencia y la estratificación (figura 6).

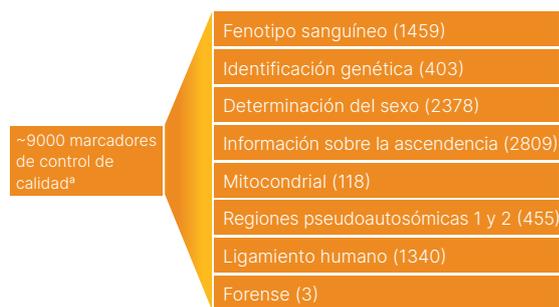


Figura 6: Contenido de CC por categoría. Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 contiene aproximadamente 9000 marcadores que posibilitan diversas funciones de seguimiento de muestras, como la determinación del sexo, la ascendencia continental y el ligamiento humano, entre otras.

a. Los recuentos contienen algunos marcadores que se representan en varias categorías de CC.

## Ensayo de alto rendimiento

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 emplea la fiable química de Infinium EX para proporcionar una solución de genotipado precisa y de alto rendimiento (tabla 5). Además, la elevada relación señal/ruido de las llamadas de genotipado individuales del ensayo permite acceder a llamadas de CNV y a la anotación de alelos marcados con asterisco mediante el análisis secundario de DRAGEN™ Array. El flujo de trabajo de Infinium EX también es rápido y proporciona resultados en aproximadamente 2,5 días.

Tabla 5: Rendimiento de los datos y separación

Rendimiento de los datos	Observadaª		Especificación del producto <sup>b</sup>
	Media	Mediana	Percentil 90 <sup>c</sup>
Índice de llamada	99,6 %		>99,0 % de media
Reproducibilidad	99,99 %		>99,9 %
Desviación de log R	0,14 <sup>c</sup>		<0,30 de media <sup>d</sup>
Separación entre sondas	2,6 kb	1,3 kb	6 kb

a. Valores derivados del genotipado de 1394 muestras de referencia de HapMap.  
 b. Se excluyen los marcadores del cromosoma Y en muestras femeninas.  
 c. Basado en los resultados del conjunto de muestras de GenTrain.  
 d. Valor previsto para proyectos típicos con protocolos estándar de Illumina.

## Análisis secundario preciso y eficiente

Se recomienda el análisis secundario de DRAGEN Array para el análisis de Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0. DRAGEN Array es un software bioinformático de gran capacidad que usa herramientas de análisis de datos de vanguardia para aumentar al máximo la información genómica. El software incluye análisis de SNP, cobertura de variantes y alelos marcados con asterisco de farmacogenómica en más de 2400 objetivos de más de 50 genes, detección de números de copias híbridas y específicas de alelos, y cobertura de CNV de farmacogenómica en siete genes objetivo en diez regiones objetivo, entre otras opciones.

El análisis secundario de DRAGEN Array es rápido, ya que genera resultados precisos en varios formatos de archivo de salida para facilitar los análisis sucesivos, incluida la capacidad de generar archivos VCF a partir de ensayos con array de Infinium, en tan solo 15 segundos por muestra, así como resultados completos del análisis de farmacogenómica en aproximadamente 26 segundos por muestra.

El análisis secundario de DRAGEN Array tiene dos opciones de implementación. Una opción de análisis local proporciona una interfaz de línea de comandos para un control granular. No se requiere ningún servidor DRAGEN especializado ni hardware FPGA para la solución de instalación local. Asimismo, dispone de un paquete en la nube con una interfaz de usuario intuitiva a través de BaseSpace™ Sequence Hub. Esta opción ofrece un acceso sencillo y una funcionalidad adicional, como la puntuación de riesgos poligénicos para arrays.

## Resumen

Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 proporciona un ensayo de genotipado preciso y de alta resolución optimizado para aplicaciones de farmacogenómica e investigación clínica. Cuando se combina con Infinium Automated Pipetting System, Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0 ofrece una opción de alto rendimiento para los laboratorios que buscan procesar un gran número de muestras, con un tiempo de participación activa ínfimo para los ensayos.

## Más información

[Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0](#)

[Paquetes de opciones de automatización de Infinium](#)

[Análisis secundario de DRAGEN Array](#)

## Datos para realizar pedidos

Kit de Infinium Global Clinical Research Array with Enhanced PGx-24 v1.0	N.º de catálogo
24 samples	20065216
96 samples	20068339
1152 samples	20068340
Análisis secundario de DRAGEN Array	
DRAGEN Array Local - star allele annotation	20109885
DRAGEN Array Cloud - star allele annotation <sup>a</sup>	20109886

a. Se requiere una suscripción anual a Illumina Connected Analytics para el análisis en la nube, así como iCredits para el almacenamiento y análisis de datos.

## Bibliografía

- Whirl-Carrillo M, Huddart R, Gong L, et al. [An Evidence-Based Framework for Evaluating Pharmacogenomics Knowledge for Personalized Medicine](#). *Clin Pharmacol Ther*. 2021;110(3):563-572. doi:10.1002/cpt.2350
- Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC). [cpicpgx.org](#). Fecha de consulta: 23 de septiembre de 2024.
- Gaedigk A, Casey ST, Whirl-Carrillo M, Miller NA, Klein TE. [Pharmacogene Variation Consortium: A Global Resource and Repository for Pharmacogene Variation](#). *Clin Pharmacol Ther*. 2021; 110(3): 542-545. doi:10.1002/cpt.2321.
- Green RC, Berg JS, Grody WW, et al. [ACMG recommendations for reporting of incidental findings in clinical exome and genome sequencing](#). *Genet Med*. 2013; 15(7): 565-574. doi:10.1038/gim.2013.73.
- Kent WJ, Sugnet CW, Furey TS, et al. [The human genome browser at UCSC](#). *Genome Res*. 2002;12(6):996-1006. doi:10.1101/gr.229102
- National Center for Biotechnology Information. Reference Sequence Blood Group Antigen Gene Mutation Database. <https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/mhc/rbc/Final%20Archive/>. Fecha de consulta: 23 de septiembre de 2024.
- National Center for Biotechnology Information. ClinVar Database. [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/). Fecha de consulta: 25 de abril de 2024.
- Forbes SA, Bhamra G, Bamford S, et al. [The Catalogue of Somatic Mutations in Cancer \(COSMIC\)](#). *Curr Protoc Hum Genet*. 2008;Chapter 10:Unit-10.11. doi:10.1002/0471142905.hg1011s57
- Ashburner M, Ball CA, Blake JA, et al. [Gene ontology: tool for the unification of biology](#). *The Gene Ontology Consortium*. *Nat Genet*. 2000; 25(1): 25-29. doi:10.1038/75556.
- MacDonald JR, Ziman R, Yuen RK, Feuk L, Scherer SW. [The Database of Genomic Variants: a curated collection of structural variation in the human genome](#). *Nucleic Acids Res*. 2014;42(Database issue):D986-D992. doi:10.1093/nar/gkt958
- National Center for Biotechnology Information. eQTL Database. [www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/gap/eql/index.cgi](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/gap/eql/index.cgi). Fecha de consulta: 23 de enero de 2020.
- Rajeevan H, Osier MV, Cheung KH, et al. [ALFRED: an allele frequency database for diverse populations and DNA polymorphisms--an update](#). *Nucleic Acids Res*. 2003; 31(1): 270-271. doi:10.1093/nar/gkg043.

13. Karczewski KJ, Francioli LC, Tiao G, et al. [The mutational constraint spectrum quantified from variation in 141,456 humans](#). *Nature*. 2020;581(7809):434-443. doi:10.1038/s41586-020-2308-7
14. 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
15. Green RE, Krause J, Briggs AW, et al. [A draft sequence of the Neandertal genome](#). *Science*. 2010; 328(5979): 710-722. doi:10.1126/science.1188021.
16. Illumina (2017). TruSight Inherited Disease Sequencing Panel Data Sheet (Hoja de datos de TruSight Inherited Disease Sequencing Panel). [support.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/apac/china/documents/datasheet\\_trusight\\_inherited\\_disease.pdf](https://support.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/apac/china/documents/datasheet_trusight_inherited_disease.pdf). Fecha de consulta: julio de 2016.
17. National Human Genome Research Institute. [genome.gov](https://www.genome.gov). Fecha de consulta: 23 de septiembre de 2024.
18. Base de datos RefSeq, NCBI Reference Sequence Database, [ncbi.nlm.nih.gov/refseq](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq). Fecha de consulta: 23 de enero de 2020.
19. NCBI Genome Reference Consortium. Version GRCh38. [ncbi.nlm.nih.gov/grc/human](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/grc/human). Fecha de consulta: 23 de septiembre de 2024.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 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, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](https://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-00710 ESP v1.0