

# illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2

Rendimiento de WES optimizado  
con cobertura de exoma mejorada



Logre un enriquecimiento eficiente del exoma con la tagmentación en bolas.



Analice regiones genómicas ricas en variantes y complejas con un diseño de panel optimizado.



Amplíe la cobertura utilizando contenido mitocondrial y de adición personalizado opcional.

## Introducción

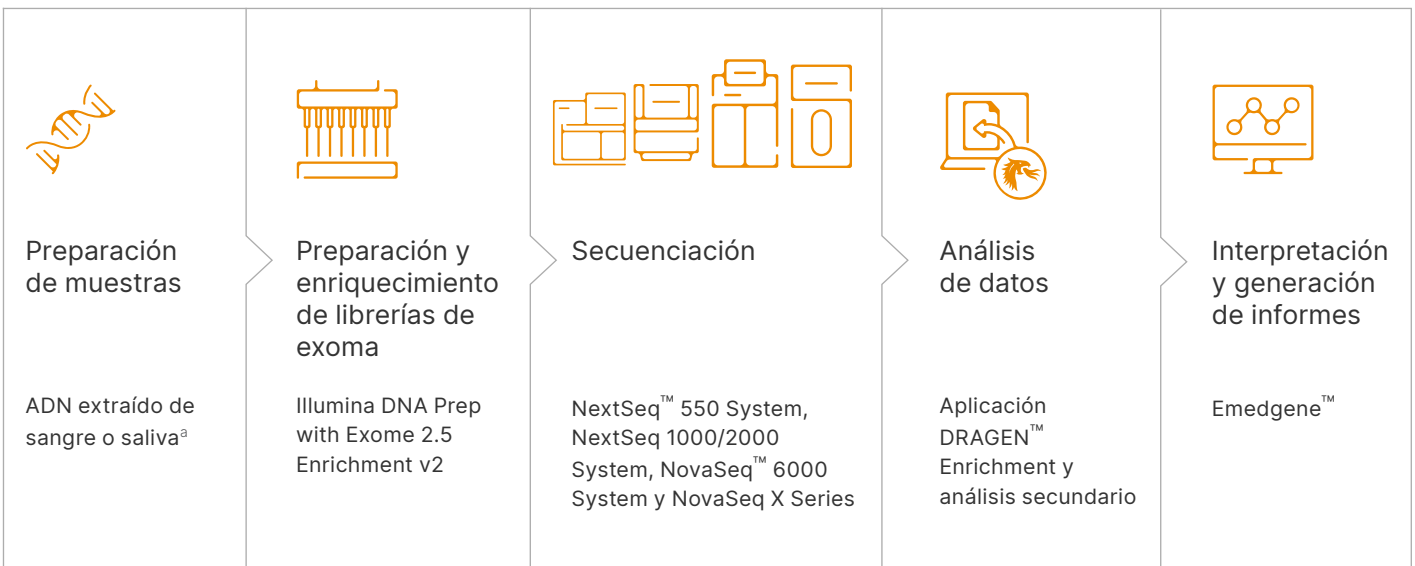
La secuenciación del exoma completo (WES, whole-exome sequencing) es una herramienta esencial para descubrir la base genética de enfermedades hereditarias y el cáncer.<sup>1-3</sup> A medida que crecen las necesidades de investigación, los laboratorios requieren soluciones de WES que proporcionen un enriquecimiento coherente, una sólida representación de regiones ricas en GC y variables, y flujos de trabajo eficientes que puedan ampliarse sin aumentar las demandas de secuenciación.

El ensayo original Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment proporcionó un flujo de trabajo de WES optimizado mediante procesos de enriquecimiento por captura híbrida y fácilmente automatizables. Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 proporciona una química actualizada para mejorar el rendimiento con una menor demanda de capacidad de secuenciación. El ensayo v2 ofrece un mejor enriquecimiento selectivo y reduce al mínimo las lecturas fuera del objetivo, al tiempo que aborda una menor cobertura de GC y mejora la uniformidad de cobertura en los exones objetivo.

Es compatible con el enriquecimiento mitocondrial y el contenido de adición personalizado opcionales, lo que permite a los laboratorios perfeccionar o ampliar la cobertura del objetivo dentro del mismo flujo de trabajo.

La solución de preparación y enriquecimiento de librerías forma parte de un flujo de trabajo integral que abarca desde la preparación de muestras hasta la creación de informes (figura 1). El ensayo utiliza la misma preparación de librerías basada en tagmentación y enriquecimiento de captura híbrida que el ensayo original, manteniendo un flujo de trabajo fácilmente automatizable con un rendimiento reproducible (figura 2).

En conjunto, los avances en Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 ofrecen un rendimiento de enriquecimiento optimizado, una cobertura mejorada de las regiones de GC y opciones de contenido flexibles, al tiempo que hacen posible estudios ampliables sin complejidad adicional.



**Figura 1: Flujo de trabajo de WES de principio a fin**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 forma parte de un flujo de trabajo completo que admite la secuenciación del exoma completo (WES) desde la preparación de muestras hasta el análisis y la interpretación de datos. El ADN genómico extraído se prepara y enriquece con Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2, con un tiempo de participación activa reducido gracias a flujos de trabajo fácilmente automatizables. Se secuencian las librerías enriquecidas y se realiza el análisis de enriquecimiento con la aplicación DRAGEN Enrichment. Para la llamada de variantes se utiliza el análisis secundario DRAGEN.<sup>4</sup> La interpretación se puede realizar con herramientas como Emedgene.

a. La extracción del ADN se lleva a cabo con Flex Lysis Reagent Kit.

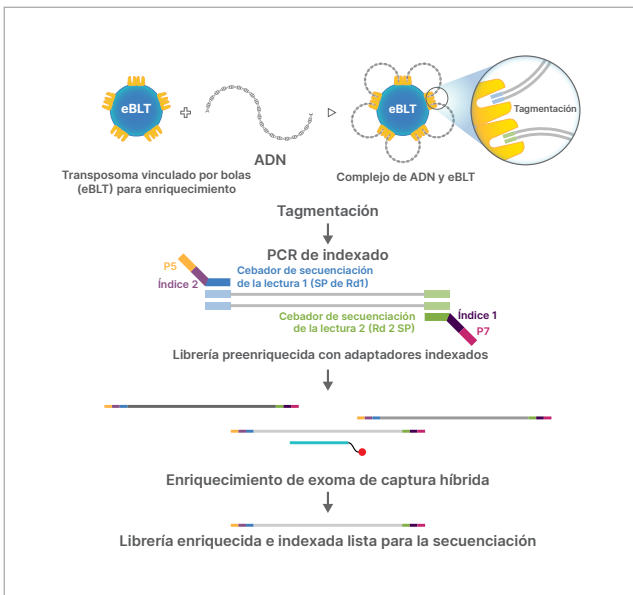


Figura 2: Preparación de librerías con tagmentación optimizada con enriquecimiento del exoma

La química de tagmentación en bolas participa en una fragmentación uniforme y un marcado de adaptadores con una alta tolerancia a la variación en las cantidades de aporte de ADN.<sup>5</sup> Tras el enriquecimiento mediante captura híbrida, las librerías preparadas están listas para la secuenciación y la estrategia de normalización integrada contribuye a garantizar un rendimiento uniforme de la secuenciación en las librerías enriquecidas.

## Cobertura completa y centrada de variantes asociadas a enfermedades

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 utiliza un panel de exoma actualizado que logra un equilibrio entre la amplitud y la eficiencia concentrando la capacidad de secuenciación en regiones con mayor relevancia para la investigación de enfermedades humanas. El kit completo incluye Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel, que ofrece una cobertura seleccionada de secuencias de codificación de recursos públicos ampliamente utilizados, incluidos RefSeq, CCDS, ACMG, COSMIC y OMIM\* (tabla 1).<sup>6-11</sup> Esta estrategia selectiva refleja el conocimiento actual de los genes asociados a enfermedades a la vez que mantiene un diseño optimizado enfocado en preservar la eficiencia de la secuenciación.

\* ACMG: American College of Medical Genetics and Genomics; CCDS: secuencia codificante consenso (Consensus Coding Sequence); COSMIC: Catalogue of Somatic Mutations in Cancer; OMIM: Online Mendelian Inheritance in Man.

Además de una cobertura completa a nivel génico, el panel se dirige a regiones exónicas en las que las variantes patógenas y probablemente patógenas se notifican con frecuencia en bases de datos como ClinVar y ACMG (tabla 2). Esto respalda los estudios que dependen de una representación coherente de los sitios de variantes bien caracterizados en todo el exoma.

El diseño también da prioridad al rendimiento en regiones difíciles, incluidos segmentos ricos en GC y exones de difícil cobertura. Las mejoras en la colocación de las sondas y la selección de objetivos ayudan a mantener la uniformidad de cobertura y a reducir al mínimo el abandono, lo que permite una detección de variantes fiable en una amplia gama de contextos genómicos.

Tabla 1: Cobertura de regiones codificantes representadas en bases de datos clave con Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel

Panel de exoma	Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel	Illumina Exome Panel
Tamaño	37,5 Mb	42,21 Mb
CDS de RefSeq <sup>6</sup>	99,1 %	98,2 %
CDS de CCDS <sup>7</sup>	99,9 %	99,5 %
CDS de 73 genes de ACMG <sup>8</sup>	99,9 %	99,3 %
CDS de COSMIC Cancer Gene Census <sup>9,10</sup>	99,9 %	99,3 %
OMIM <sup>11</sup>	99,1 %	97,7 %

Tabla 2: Cobertura de sitios de variantes patógenas y probablemente patógenas incluidas en bases de datos de variantes genéticas relacionadas con enfermedades

CDS de variantes patógenas/posiblemente patógenas de ClinVar <sup>a,12</sup>	98,6 %
CDS de 73 variantes patógenas/posiblemente patógenas de ACMG <sup>b,8</sup>	99,9 %

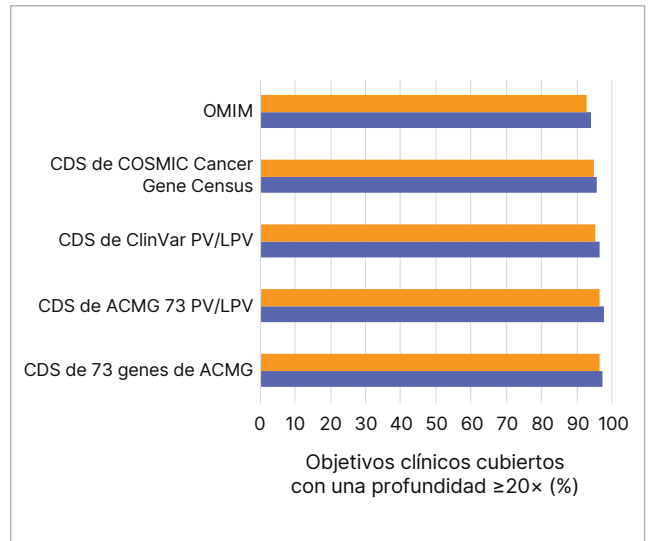
a. El archivo público ClinVar informa de relaciones entre variaciones y fenotipos humanos con evidencia de apoyo. Las variantes patógenas/posiblemente patógenas se notifican según las guías de clasificación de ClinVar.

b. La lista de variantes patógenas/posiblemente patógenas de ACMG incluye las variantes coincidentes entre las secuencias codificantes seleccionadas de genes de ACMG y las variantes patógenas/posiblemente patógenas de ClinVar.

Al centrar la cobertura en la parte más informativa del exoma y limitar la representación de regiones de bajo valor o bajo rendimiento, el panel permite un uso eficiente de la capacidad de secuenciación al tiempo que mantiene la profundidad donde esta reviste mayor importancia. Esta huella selectiva admite el análisis flexible de lotes en todas las plataformas de secuenciación de Illumina, mejorando así la productividad y el coste por muestra de los laboratorios en función del tamaño del proyecto y las necesidades experimentales (tabla 3).

### Amplia cobertura de objetivos seleccionados

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 ofrece una amplia cobertura en recursos clínicos y de investigación seleccionados en condiciones de hibridación rápida y ampliada (figura 3). Este nivel de cobertura ayuda a garantizar que los genes y las regiones utilizados habitualmente en la investigación de enfermedades humanas estén representados de forma coherente, lo que reduce la probabilidad de brechas en el contenido exónico clave.



**Figura 3: Cobertura uniforme de objetivos asociados a enfermedades en todas las condiciones de hibridación**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 logra altos porcentajes de objetivos que alcanzan una cobertura  $\geq 20\times$  en condiciones de hibridación de 1,5 h (naranja) y 16 h (azul). Se muestran resultados representativos para genes y variantes enumerados en las principales bases de datos públicas, incluidas ACMG, ClinVar, OMIM y COSMIC.<sup>8-13</sup>

ACMG: American College of Medical Genetics and Genomics; CDS: secuencia codificante (Coding Sequence); COSMIC: Catalogue of Somatic Mutations in Cancer; OMIM: Online Mendelian Inheritance in Man; PV/LPV: variantes patógenas/posiblemente patógenas (Pathogenic/Likely Pathogenic Variant).

**Tabla 3: Capacidad de la muestra para WES en función del sistema de secuenciación y la celda de flujo<sup>a</sup>**

Profundidad de cobertura media de objetivos deseada	N.º de muestras										
	NextSeq 550 System <sup>b</sup>		NextSeq 2000 System		NovaSeq 6000 System				NovaSeq X System		
	Rendimiento medio	Alto rendimiento	P2 <sup>c</sup>	P3	SP	S1	S2	S4	1.5B	10B	25B
50x	6	19	19	57	25	50	128	310 <sup>d</sup>	62	380	944
100x	3	9	9	28	12	25	64	155	31	190	497
200x	1	4	4	14	6	12	32	77	15	95	248

a. Las estimaciones se basan en una longitud de lectura de  $2 \times 100$  pb, calculada según experimentos internos habituales. El número de muestras puede variar en función del manejo del flujo de trabajo, la calidad de la muestra o la librería de entrada y del rendimiento de secuenciación real de cada plataforma y celda de flujo. Los datos reales se obtuvieron en NovaSeq 6000 System y NovaSeq X System utilizando celdas de flujo S4 y 10B, respectivamente, y se extrapolaron a otros instrumentos y celdas de flujo.

b. Los kits de reactivos de NextSeq 550 son compatibles con longitudes de lectura de  $2 \times 150$  pb.

c. También hay disponibles celdas de flujo P2 con la misma productividad de muestras para NextSeq 1000 System.

d. Para la agrupación de librerías a esta escala son necesarios índices adicionales.

## Rendimiento de enriquecimiento

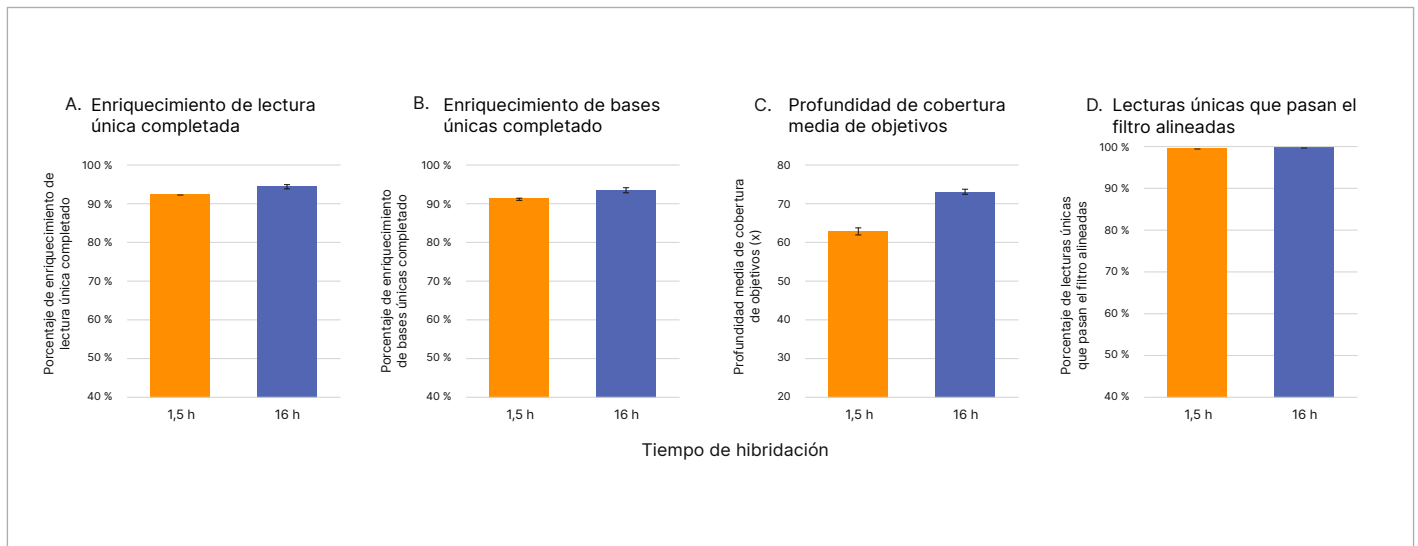
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 demuestra un sólido rendimiento de enriquecimiento tanto para condiciones de hibridación de 1,5 horas como de 16 horas (figura 4). El diseño perfeccionado de la sonda permite una captura híbrida eficiente, reflejada en altas proporciones de lecturas únicas completadas y bases únicas completadas alineadas con las regiones objetivo.

La cobertura media de objetivos es igualmente estable en ambas condiciones, lo que indica una representación fiable de los exones objetivo. El porcentaje de lecturas únicas que pasan el filtro alineadas con las regiones objetivo también sigue siendo alto, lo que respalda una detección fiable de variantes en locus biológicamente relevantes.

## Uniformidad de cobertura y representación de objetivos

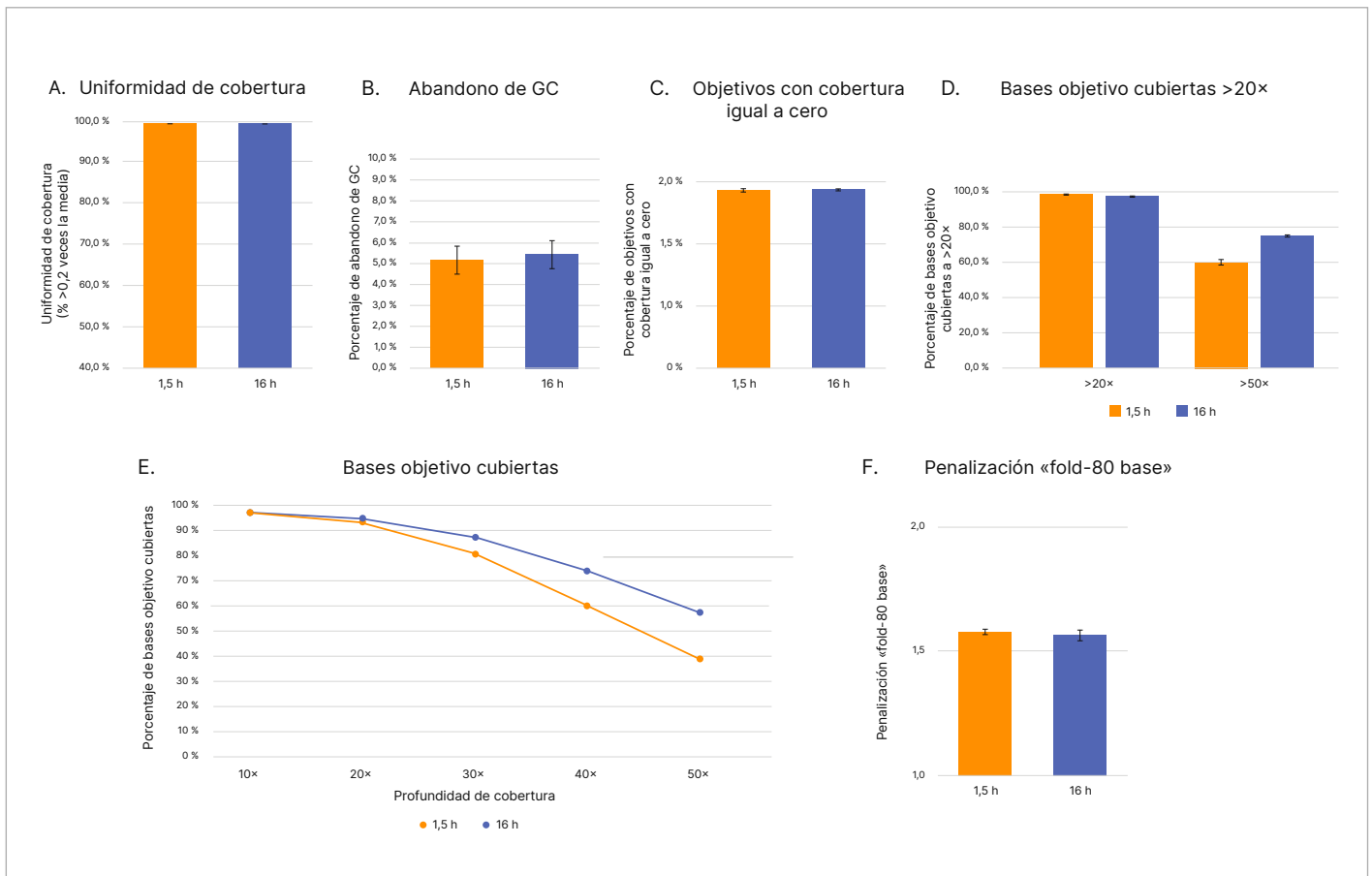
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 también demuestra una cobertura uniforme y fiable en todos los exones objetivo tanto para condiciones de hibridación de 1,5 horas como de 16 horas (figura 5). El diseño del panel admite una distribución de lectura uniforme en todas las regiones objetivo, lo que produce valores bajos de penalización «fold-80». Los segmentos ricos en GC, que tradicionalmente son difíciles de enriquecer con métodos de captura híbrida, muestran una mejor representación, con una reducción del abandono de GC y un bajo porcentaje de objetivos con cobertura igual a cero en diversos contextos genómicos.

En comparación con la versión original, Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 muestra una mayor uniformidad de cobertura, un menor abandono de GC y valores reducidos de penalización «fold-80» (figura 6). Estos criterios de medición demuestran un rendimiento más equilibrado y una detección de variantes fiable en los exones con una composición de secuencias variada.



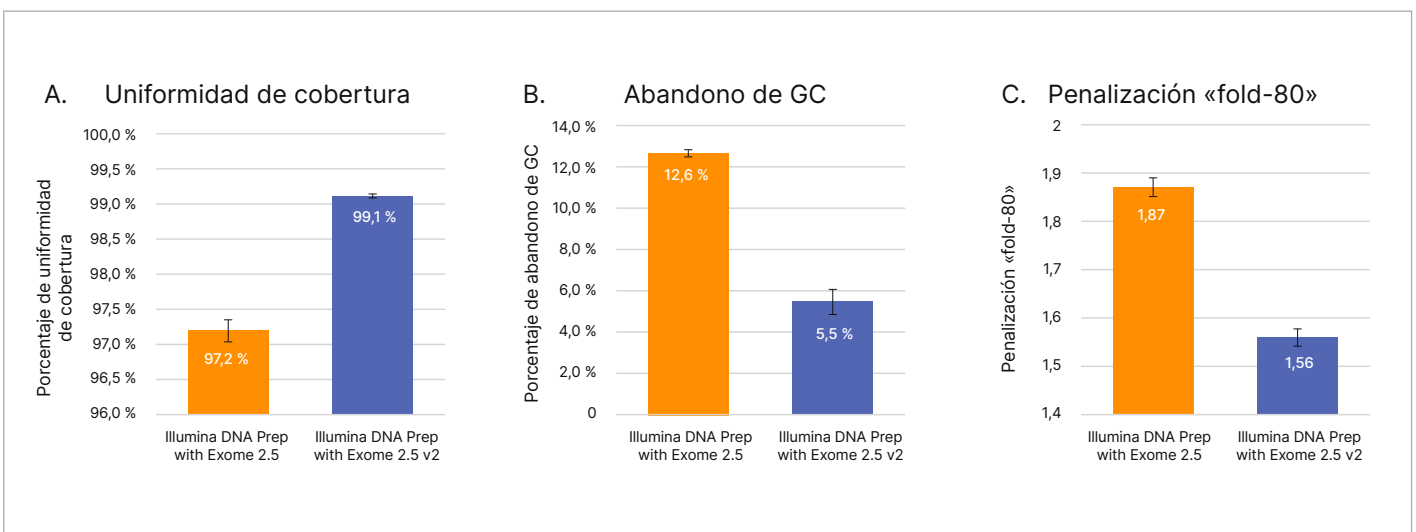
**Figura 4: Rendimiento de enriquecimiento según los tiempos de hibridación**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 demuestra un rendimiento de enriquecimiento uniforme tanto para condiciones de hibridación de 1,5 horas como de 16 horas. (A) Enriquecimiento de lectura única completada uniformemente alto, (B) sólido enriquecimiento de base única completado en los objetivos, (C) profundidad de cobertura media estable del objetivo, (D) porcentajes altos de lecturas únicas que pasan el filtro alineadas con las regiones objetivo.



**Figura 5: Uniformidad de cobertura según los tiempos de hibridación**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 proporciona una cobertura equilibrada y uniforme tanto para los tiempos de hibridación de 1,5 h como de 16 h. (A) Uniformidad de la cobertura en las regiones objetivo, (B) porcentaje bajo de abandono de GC, (C) porcentaje bajo de objetivos con cobertura igual a cero, (D) porcentaje alto de objetivos con una profundidad de cobertura  $\geq 50\times$ , (E) porcentaje alto de bases objetivo cubiertas en los umbrales de profundidad indicados, (F) valores bajos de penalización «fold-80».



**Figura 6: Mejora de los criterios de medición de la cobertura con Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 muestra (A) una mayor uniformidad de cobertura, (B) una reducción del abandono de GC y (C) valores de «fold-80» más bajos, lo que refleja un mejor rendimiento en los objetivos estándar y ricos en GC en comparación con la versión original.

## Contenido de enriquecimiento opcional

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 admite contenido de enriquecimiento adicional que permite a los investigadores ampliar o perfeccionar la cobertura de la WES en función de los requisitos específicos del estudio. Estas adiciones se integran directamente en el flujo de trabajo estándar sin necesidad de cambios en la preparación de librerías ni en los pasos de hibridación. La flexibilidad de poder incluir contenido genómico personalizado hace que el flujo de trabajo sea adecuado para diversas aplicaciones de investigación, incluido el descubrimiento de genes relacionados con enfermedades, la genómica del cáncer y estudios mecanísticos de rasgos complejos.

### Enriquecimiento del genoma mitocondrial

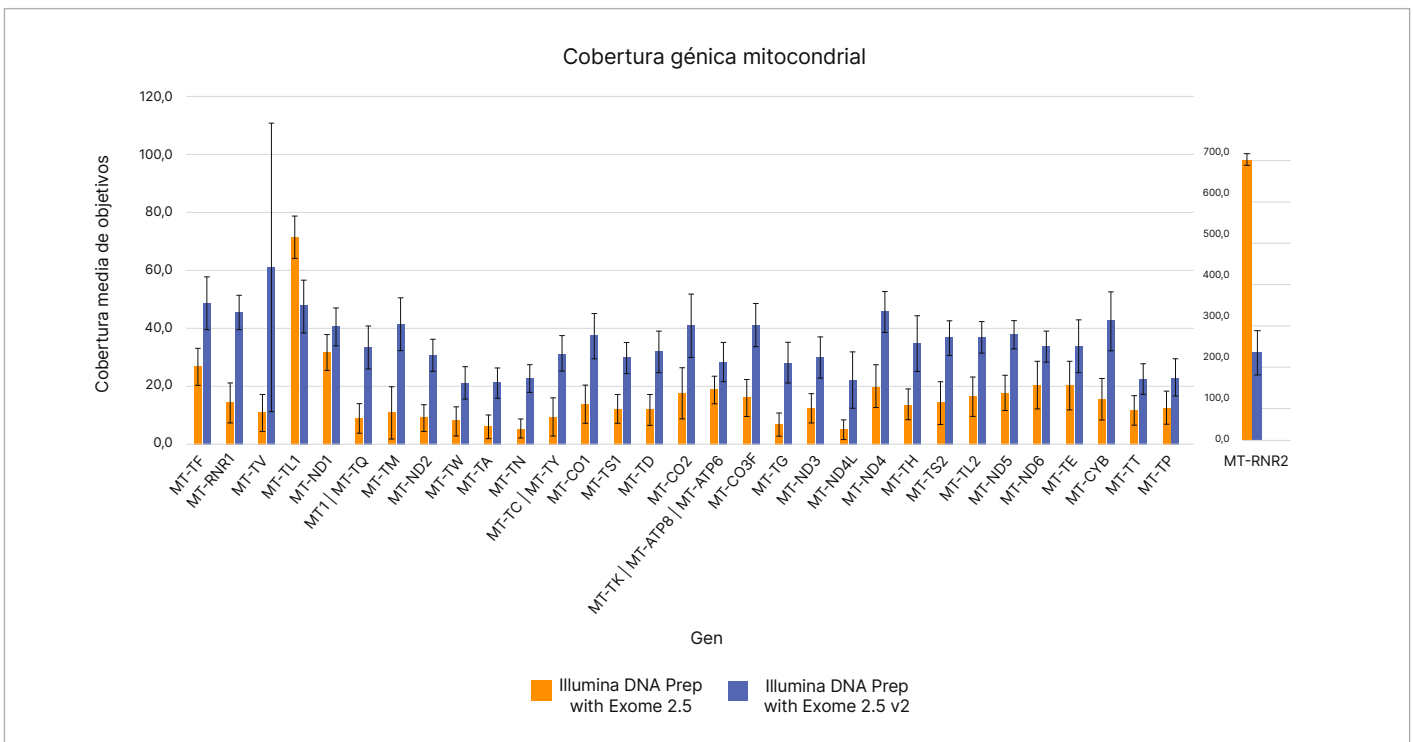
Se puede añadir Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel para ampliar la cobertura del genoma mitocondrial dentro del flujo de trabajo de Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2. La incorporación de este panel aumenta la representación de los objetivos mitocondriales sin reducir la cobertura del panel del exoma estándar (figura 7).

Ambos tipos de datos se pueden generar a partir de un único experimento de secuenciación con una única preparación de librería.

### Contenido de adición personalizado

Los investigadores pueden ampliar la cobertura de WES con Illumina Custom Enrichment Panel v2, que permite incorporar regiones genómicas definidas por el usuario en la reacción de captura híbrida. Esto es valioso para estudios que requieren genes de enfermedades emergentes, regiones candidatas de proyectos de descubrimiento, objetivos específicos de la institución u otros locus no incluidos en diseños de exoma estándar. El panel personalizado se añade como complemento al paso de hibridación existente y no altera el flujo de trabajo principal.

El contenido de adición aumenta la cobertura en regiones seleccionadas a la vez que mantiene el rendimiento en todo el panel de exomas de base (tabla 4). Esto proporciona una forma eficiente de incorporar objetivos adicionales en un flujo de trabajo de WES sin ejecutar un ensayo independiente, lo que admite diseños de estudio flexibles a la vez que preserva el rendimiento de cobertura del panel principal.



**Figura 7: Cobertura génica con Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2**

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 proporciona una cobertura uniforme en todos los genes mitocondriales, lo que demuestra una representación estable del objetivo en todo el panel de exoma actualizado.

Tabla 4: El panel de adición Illumina Custom Enrichment Panel v2 aumenta la cobertura del objetivo<sup>a</sup>

Parámetro	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 más el panel de adición personalizado
Cobertura media de objetivos	66x	154x
Porcentaje de objetivos cubiertos a 30x	86,90 %	98,60 %
Porcentaje de objetivos cubiertos a 50x	71,10 %	94,40 %

a. El protocolo Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 se realizó con y sin un panel de adición personalizado dirigido a regiones cubiertas por Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel y, a continuación, se analizó la cobertura de las regiones objetivo mediante el panel de adición. Las librerías enriquecidas se secuenciaron en NovaSeq 6000 System mediante el uso de una celda de flujo S4 (50 millones de lecturas «paired-end», 25 millones de grupos) y el análisis de enriquecimiento se realizó mediante la aplicación de DRAGEN Enrichment.

## Resumen

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 ofrece un flujo de trabajo de WES optimizado y flexible con un sólido rendimiento en todo el exoma humano. El actual diseño del panel proporciona cobertura de genes biológicamente relevantes y favorece la optimización de la capacidad de secuenciación. El enriquecimiento de objetivos eficiente, los criterios de medición de enriquecimiento coherentes y la cobertura uniforme en condiciones de hibridación rápida y a largo plazo ayudan a garantizar una representación fiable de los exones objetivo, incluidas las regiones ricas en GC y tradicionalmente complejas. Este rendimiento se refleja en valores bajos de penalización «fold-80» y un abandono mínimo. El enriquecimiento mitocondrial y el contenido de adición personalizado opcionales permiten a los laboratorios ampliar o perfeccionar la cobertura dentro del mismo flujo de trabajo. En conjunto, estas características hacen de Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2 una solución flexible y fiable para estudios de WES en enfermedades hereditarias, cáncer y otras investigaciones del genoma.

## Más información →

[Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2](#)

[Automatización de la preparación de librerías](#)

[Análisis secundario de DRAGEN](#)

[Análisis terciario de Emedgene](#)

[Herramienta de diseño de ensayos DesignStudio](#)

## Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de catálogo
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2, (S) Tagmentation Set B (96 samples, 12-plex) <sup>a</sup>	20155541
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment v2, (S) Tagmentation Set D (96 samples, 12-plex) <sup>a</sup>	20155543
Flex Lysis Reagent Kit (96 reactions) <sup>b</sup>	20018706
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) <sup>c</sup>	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) <sup>c</sup>	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) <sup>c</sup>	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) <sup>c</sup>	20091650
Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel (96 samples, 12-plex) <sup>d</sup>	20093180
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120 bp) <sup>e</sup>	20073953
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120 bp) <sup>e</sup>	20073952
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1536 µl, 120 bp) <sup>e</sup>	20111339

a. Los kits incluyen la preparación de librerías y los reactivos de hibridación de Illumina DNA Prep with Enrichment v2, Illumina Purification Beads para la limpieza y selección por tamaños, las sondas de enriquecimiento de Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel y una placa de adaptadores (placa de índices).

b. Kit necesario para la entrada directa de sangre.

c. Seleccione un juego de índices diferente si así lo prefiere.

d. Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel contiene 32 µl de panel de oligonucleótidos, suficiente material para 8 reacciones de hibridación a 4 µl cada una.

e. Los paneles de enriquecimiento personalizados para muestras humanas se pueden diseñar con la herramienta Illumina DesignStudio. El equipo de diseño de Illumina Concierge permite la compatibilidad con el diseño de contenido no humano. Póngase en contacto con su representante de ventas de Illumina para obtener más información sobre los servicios de diseño de Concierge.

## Bibliografía

- Clark MM, Stark Z, Farnaes L, et al. [Meta-analysis of the diagnostic and clinical utility of genome and exome sequencing and chromosomal microarray in children with suspected genetic diseases](#). *NPJ Genom Med*. 2018;3:16. doi:10.1038/s41525-018-0053-8
- Heydt C, Rehker J, Pappesch R, et al. [Analysis of tumor mutational burden: correlation of five large gene panels with whole exome sequencing](#). *Sci Rep*. 2020;10(1):11387. doi:10.1038/s41598-020-68394-4
- Kopetz S, Mills Shaw KR, Lee JJ, et al. [Use of a targeted exome next-generation sequencing panel offers therapeutic opportunity and clinical benefit in a subset of patients with advanced cancers](#). *JCO Precis Oncol*. 2019;3:PO.18.00213. doi:10.1200/PO.18.00213
- Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN wins at PrecisionFDA Truth Challenge V2 showcase accuracy gains from alt-aware mapping and graph reference genomes. [illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains](#). Fecha de publicación: 2 de junio de 2021. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- Illumina. Hoja de datos de Illumina DNA Prep with Enrichment. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-dna-prep-for-enrichment-770-2020-010/illumina-dna-prep-enrichment-data-sheet-770-2020-010.pdf](#). Fecha de publicación: 29 de octubre de 2020. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- NIH National Library of Medicine. RefSeq: Base de datos de secuencias de referencia del NCBI. Sitio web del NCBI. [ncbi.nlm.nih.gov/refseq](#). Fecha de actualización: 18 de julio de 2023. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- CCDS: Base de datos de secuencias consenso (CCDS). Sitio web del NCBI. [ncbi.nlm.nih.gov/projects/CCDS/CcidsBrowse.cgi](#). Fecha de actualización: 9 de noviembre de 2022. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- NIH National Library of Medicine. ACMG Recommendations for Reporting of Secondary Findings in Clinical Exome and Genome Sequencing. Sitio web del NCBI. [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/docs/acmg](#). Fecha de actualización: 27 de junio de 2023. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- Catalog of Somatic Mutations in Cancer (COSMIC). Sitio web del COSMIC. [cancer.sanger.ac.uk/cosmic/download](#). Fecha de publicación: 23 de mayo de 2023. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- Cancer Gene Census. Sitio web de COSMIC. [cosmickb.org/about](#). Año de publicación: 2025. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- Catalog of Human Genes and Genetic Disorders. Sitio web del OMIM. [omim.org](#). Fecha de actualización: 26 de julio de 2023. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- NIH National Library of Medicine. Base de datos ClinVar. [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar](#). Fecha de actualización: 24 de julio de 2023. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.
- GATK Team. [CollectHsMetrics \(Picard\)](#). Fecha de publicación: 7 de enero de 2020. Fecha de consulta: 19 de noviembre de 2025.



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

© 2026 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](#).  
M-GL-03952 ESP v2.0