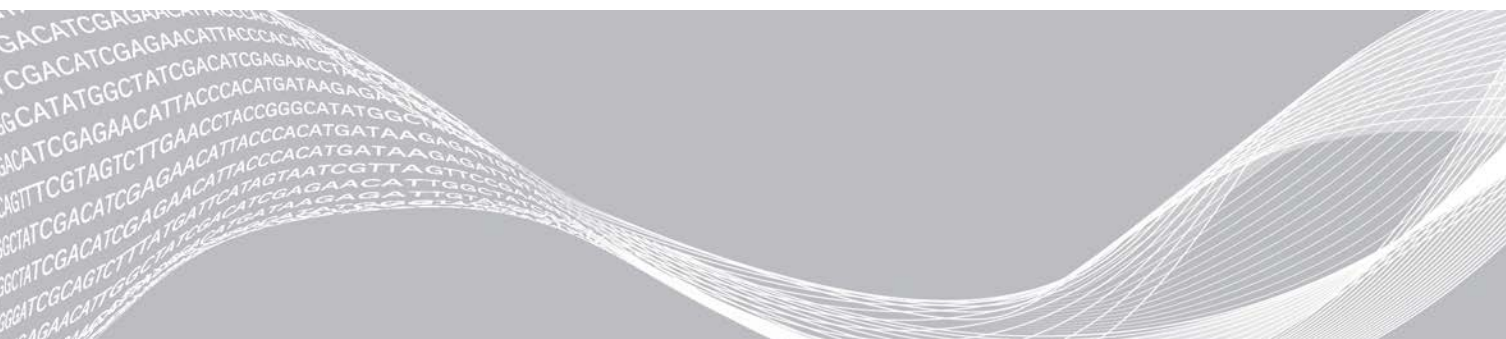


Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx Analysis Module

Munkafolyamati útmutató MiSeqDx NextSeq 550Dx készülékhez

IN VITRO DIAGNOSZTIKAI HASZNÁLATRA

Áttekintés	3
Futtatási adatok megadása	3
Elemzési módszerek	5
Futtatás és eredmények megtekintése	6
Eredmények jelentése	6
Elemzési kimeneti fájlok	7
Módosítási előzmények	11
Műszaki támogatás	12



A jelen dokumentum és annak tartalma az Illumina, Inc. és annak leányvállalatai („Illumina”) tulajdonát képezi, és kizárólag a jelen dokumentumban ismertetett termék(ek) szerződésszerű működtetéséhez használható. Egyéb célokra nem használható. A dokumentum és annak tartalma az Illumina előzetes írásos engedélye nélkül ettől eltérő célokra nem használható és forgalmazható, továbbá semmilyen formában nem kommunikálható, hozható nyilvánosságra vagy reprodukálható. Az Illumina a jelen dokumentummal nem biztosít licencet a termék vásárlójának a harmadik felek szabadalmi, védjegyjogi, szerzői jogi, szokásjogi vagy egyéb oltalom alatt álló jogosultságaihoz.

A jelen dokumentumban szereplő utasításokat a kvalifikált és megfelelően képzett személyzetnek szigorúan be kell tartania az itt ismertetett termék(ek) megfelelő és biztonságos használata érdekében. A termék(ek) használata előtt a felhasználó köteles átolvasni és értelmezni a jelen dokumentumban leírtakat.

AZ ITT SZEREPLŐ INFORMÁCIÓK ELOLVASÁSÁNAK VAGY AZ UTASÍTÁSOK BETARTÁSÁNAK ELMULASZTÁSA ESETÉN A TERMÉK(EK) MEGSÉRÜLHETNEK, ILLETVE SZEMÉLYI SÉRÜLÉS KÖVETKEZHET BE, IDEÉRTVE A FELHASZNÁLÓKAT ÉS MÁSOKAT IS, ILLETVE EGYÉB ANYAGI KÁROK KÖVETKEZHETNEK BE. EZENFELÜL ILYEN ESETEKBEN A TERMÉK (EK)RE VONATKOZÓ GARANCIA ÉRVÉNYÉT VESZTI.

AZ ILLUMINA SEMMIFÉLE FELELŐSSÉGET NEM VÁLLAL AZ ITT BEMUTATOTT TERMÉK(EK) HELYTELEN HASZNÁLATÁBÓL FAKADÓ KÁROKÉRT (AZ ALKATRÉSZEKET ÉS A SZOFTVERT IS IDEÉRTVE).

© 2022 Illumina, Inc. Minden jog fenntartva.

Minden védjegy az Illumina, Inc., illetve az adott tulajdonosok tulajdonát képezi. A védjegyekkel kapcsolatos információkat lásd a www.illumina.com/company/legal.html oldalon.

Áttekintés

A Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx modul először elvégzi az indexelt beolvasások demultiplexelését. Ha jelen van, a DNA GenerateFASTQ Dx modul FASTQ fájlformátumú közbenső kimeneti fájlokat hoz létre, majd kilép a munkafolyamattól. Ez után nem történik illesztés vagy további elemzés. A FASTQ fájlok a harmadik féltől származó elemzőeszközökkel történő elemzéshez szükséges bemenetet képezik.

A Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx modul a Local Run Manager 3.1.0-s (vagy újabb) verziójával futtatható, és kompatibilis a NextSeq 550Dx Operating Software (NOS) 1.4-es (vagy későbbi) verziójával. Az elemzési modul támogatja az Illumina DNA Prep With Enrichment Dx vizsgálathoz szükséges szekvenálást és elemzést.

Néhány szó a jelen útmutatóról

Ez az útmutató a DNA GenerateFASTQ Dx vizsgálati modul szekvenálási és elemzési paramétereit beállításának utasításait tartalmazza. A szoftver használata az aktuális Windows operációs rendszer és a webböngésző-alapú felhasználói felület alapszintű ismeretét igényli. A Local Run Manager infópultjával és rendszer-beállításával kapcsolatos információkat lásd: *NextSeq 550Dx referencia-útmutató* (dokumentumszám: 100000009513).

Futtatási adatok megadása

Paraméterek beállítása

- 1 Jelentkezzen be a Local Run Managerbe.
- 2 Válassza a **Create Run**, majd a **DNA GenerateFASTQ Dx** lehetőséget.
- 3 Írja be a futtatás egyedi nevét (legfeljebb 40 karakter), amely azonosítja a futtatást a szekvenálástól az elemzésig.
A futtatás neve tartalmazhat alfanumerikus karaktereket, szóközőket és a ``.~!@#$%_-_{}` speciális karaktereket. Nem használható egy korábbi futtatás neve.
- 4 **[Választható]** Adja meg a futtatás leírását a futtatás azonosításához (legfeljebb 150 karakter). A futtatás leírása tartalmazhat alfanumerikus karaktereket, szóközőket és a következő speciális karaktereket:
``.~!@#$%_-_{}.`
- 5 Állítsa be a futtatási beállításokat:
 - ▶ Indexlemez: Válassza ki a könyvtárkészítés során használt indexlemez-elrendezést. Választhat az Index Set A, az Index Set B és az Index Set AB közül. Az indexlemez-elrendezéssel kapcsolatos további információkért olvassa el az *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx terméktájékoztatót*. Az A és B indexkészletek 96 mintát és a hozzájuk tartozó egyedi kétszeres primereket (UDP) tartalmazzák. Az AB indexkészlet 192 mintát és a megfelelő UDP-eket tartalmazza.
 - ▶ Read Type (Beolvasás típusa) – Válassza a Single Read (Egy beolvasás) vagy a Paired End (Párosított vég) lehetőséget. Az alapértelmezett beolvasási típus páros végű.
 - ▶ Beolvasási hossz - Adja meg a beolvasások hosszát. Az alapértelmezett beolvasási hossz 151.
- 6 A Module-Specific Settings (Modulspecifikus beállítások) alatt állítsa be az Adapter Trimming (Adapter szétvágása) opciót.
Az adapter szétvágása alapértelmezés szerint engedélyezve van.

- 7 Válassza ki a szekvenálandó minták számát. A kiválasztott mintaszám tartalmazza az automatikusan kitöltött UDP-ajánlásokat. Ha nem szeretné UDP-ajánlásokat használni, válassza a **Custom** (Egyéni) lehetőséget.
- Ha a szekvenálandó minták száma nem szerepel a legördülő listában, válassza ki a legközelebbi mintaszámot. A kiválasztott szám legyen kisebb, mint a szekvenálandó minták száma, és szükség esetén adjon hozzá további UDP-eket. Például 18 minta teszteléséhez válassza a 16 minta lehetőséget.

Minták megadása a futtatáshoz

Adja meg a futtatásban szereplő mintákat az alábbi lehetőségek egyikével.

- ▶ **Enter samples manually** (Minták manuális bevitele) – A Create Run (Futtatás létrehozása) képernyőn található üres táblázat használatával.
- ▶ **Import samples** (Minták importálása) – Egy külső, vesszővel elválasztott értékek (*.csv) formátumú fájl megkeresésével. Egy sablon letölthető a Create Run (Futtatás létrehozása) képernyőn.

Minták manuális bevitele

- 1 Adjon meg egy egyedi mintaazonosítót a Sample ID (Mintaazonosító) lapon. Használhat alfanumerikus karaktereket, illetve kötőjelet (legfeljebb 40 karakter).
A minta azonosítója és a megfelelő minta leírása és UDP-pozíciója kékkel van kiemelve, hogy jelezze, hogy a minta bevitele történik.
- 2 **[Opcionális]** Pozitív és negatív kontrollminták kiválasztásához kattintson a jobb gombbal a mintaüregekre.
- 3 **[Opcionális]** Adja meg a minta leírását a Sample Description (Minta leírása) lapon. A minta leírása tartalmazhat alfanumerikus karaktereket, pontokat és a `~!@#\$_-_{}` speciális karaktereket. Nem tartalmazhat szóközt.
Ha a minta leírásához tartozó mintaazonosító egy későbbi futtatás során újra felhasználásra kerül, az eredeti minta leírása felülíródik.
- 4 Szükség szerint módosítsa az ajánlott UDP-pozíciókat. A javasolt mintaüreg-helyek sárga, lila, narancssárga és rózsaszín színnel vannak kiemelve.
Ha a javasolt mintaüregeket használja, a szoftver automatikusan feltölti az indexek diverzitási követelményeinek megfelelő UDP-indexadaptereket. Ha a kiválasztott minták száma nem pontosan annyi, mint amennyi mintát vizsgálni kíván, ne felejtse el a további mintaüregekhez UDP-indexadaptert választani.
- 5 **[Opcionális]** Válassza az **Export Samples** (Minták exportálása) lehetőséget a mintainformációs fájl exportálásához.
- 6 Válassza ki a **Save Run** (Futtatás mentése) lehetőséget.

Mintalap importálása

A mintainformációkat importálhatja a DNS GenerateFASTQ Dx modulból korábban exportált mintainformációs fájlból a Export Samples (Minták exportálása) funkcióval vagy egy sablonfájlból, amely a Create Run (Futtatás létrehozása) képernyőn a **Template** (Sablon) lehetőség kiválasztásával hozható létre. A mintainformációk létrehozására és exportálására vonatkozó utasításokat lásd a *Minták manuális bevitele*, 4. oldal.

A sablonfájl nem tartalmaz automatikusan kitöltött UDP-ajánlásokat.

A sablonfájl szerkesztése:

- 1 Válassza a **Template** Sablon lehetőséget a Create Run (Futtatás létrehozása) képernyőn egy új lemezelrendezés készítéséhez. A sablonfájl tartalmazza a megfelelő oszlopcímeket az importáláshoz. Szerkessze a fájlt a következőképpen.
 - a Nyissa meg a mintalapot egy szövegszerkesztőben.
 - b Írja be a szükséges mintaadatokat.
 - c Mentse a fájlt vesszővel elválasztott értékek (*.csv) formátumban. Győződjön meg arról, hogy a mintaazonosítók egyediek.

Mintainformációk importálása:

- 2 Válassza az **Import Samples** (Minták importálása) lehetőséget, majd válassza a CSV-fájlt.
- 3 **[Opcionális]** Válassza az **Export** (Exportálás) lehetőséget a mintainformációk külső fájlba történő exportálásához.
- 4 Válassza ki a **Save Run** (Futtatás mentése) lehetőséget.

Futtatás szerkesztése

A szekvenálás előtt a futtatás adatainak szerkesztésére vonatkozó utasítások a *NextSeq 550Dx referencia-útmutató* (dokumentumszám: 1000000009513) című dokumentumban található.

Elemzési módszerek

A DNA GenerateFASTQ Dx elemző modul elvégzi a következő elemzési lépéseket, majd az elemzés kimeneti fájljait az Alignment mappába írja.

- ▶ Demultiplexeli az indexleolvasásokat
- ▶ FASTQ fájlokat hoz létre

Demultiplexelés

A demultiplexelés összehasonlítja az egyes indexleolvasási szekvenciákat a futtatáshoz megadott indexszekvenciákkal. Ebben a lépésben nem történik minőségi értékek figyelembevétele.

Az indexleolvasások azonosítása a következő lépésekben történik:

- ▶ A rendszer számozza a mintákat 1-től kezdődően, a futtatáshoz való felsorolás sorrendjében.
- ▶ A 0-s mintaszám a mintához nem rendelt klaszterek számára van fenntartva.
- ▶ A klaszterek akkor kerülnek hozzárendelésre egy mintához, ha az indexszekvencia pontosan megegyezik, vagy ha indexleolvasásonként legfeljebb egy eltérés van.

FASTQ-fájlok létrehozása

A demultiplexelés után a szoftver közbenső elemzési fájlokat hoz létre a FASTQ formátumban, amely a szekvenciák megadására használt szöveges formátum. A FASTQ-fájlok tartalmazzák az egyes minták leolvasásait és a hozzájuk tartozó minőségi pontszámokat. A futtatáshoz használt kontrollminták és a szűrő feltételeinek meg nem felelő klaszterek kizárásra kerülnek.

Minden FASTQ-fájl csak egy minta leolvasásait tartalmazza, és a minta neve szerepel a FASTQ-fájl nevében. A FASTQ-fájlok tartalmazzák az illesztéshez használt elsődleges bemenő adatokat.

Futtatás és eredmények megtekintése

- 1 A Local Run Manager infópultján válassza ki a futtatás nevét.
- 2 A Run Overview (Futtatás áttekintése) lapon tekintse át a szekvenálási futtatás mérőszámait.
- 3 A kiválasztott futtatás későbbi ismételt ütemezéséhez szükséges elemzésiadat-fájlok helyének módosításához válassza az **Edit** (Szerkesztés) ikont, és szerkessze a futtatási kimeneti mappa elérési útját.
A futtatási kimeneti mappa nevét nem lehet megváltoztatni.
- 4 **[Opcionális]** A kimeneti futtatási mappa elérési útjának másolásához válassza a **Copy to Clipboard** (Másolás a vágólapra) lehetőséget.
- 5 A futtatási paraméterek és a fogyóeszközök adatainak megtekintéséhez válassza a Sequencing Information (Szekvenálási adatok) lapot.
- 6 Az elemzési jelentés megtekintéséhez válassza a Samples & Results (Minták és eredmények) lapot.
 - ▶ Ha újraütemezett elemzés történt, válassza ki Select Analysis (Válassza ki az elemzést) legördülő listából a megfelelő elemzést.
 - ▶ Egy másik minta jelentésének megtekintéséhez a bal oldali navigációs sávban válassza ki a minta azonosítóját.
- 7 **[Opcionális]** Az elemzési mappa elérési útjának másolásához válassza a **Copy to Clipboard** (Másolás a vágólapra) lehetőséget.

Eredmények jelentése

Az eredmények összefoglalása a Samples and Results (Minták és eredmények) lapon található.

Samples (Minták)

1. táblázat: Minták táblázata

Oszlop fejléce	Leírás
Sample ID (Mintaazonosító)	A futtatás létrehozásakor hozzárendelt mintaazonosító.
Lemez	A futtatás létrehozásakor az indexlemezrel együtt megadott lemez. Az oszlop csak akkor jelenik meg, ha az AB indexlemez van kiválasztva.
Index ürege	A futtatás létrehozásakor a mintaüreg helyéhez együtt megadott indexüreg.
Leírás	A futtatás létrehozásakor a mintához megadott leírás.
UDP	A mintával használt UDP.
Control (Kontroll)	A mintával együtt használt pozitív vagy negatív kontroll.

Indexing (Indexelés)

2. táblázat: Indexelési táblázat

Oszlop fejléce	Leírás
Index száma	A mintatáblázatban felsorolt minták sorrendje alapján hozzárendelt azonosító.
Sample ID (Mintaazonosító)	A futtatás létrehozásakor hozzárendelt mintaazonosító.
UDP	A mintával használt UDP.
% Azonosított beolvasások (PF)	A szűrők feltételeinek megfelelt beolvasások százalékos aránya.

Elemzési kimeneti fájlok

A DNS GenerateFASTQ Dx elemzési modul a következő elemzési kimeneti fájlokat hozza létre.

Fájl neve	Leírás
Demultiplexelés (*.demux)	A demultiplexelési eredményeket tartalmazó, az adatfeldolgozás közbülső lépése során létrehozott fájlok.
FASTQ (*.fastq.gz)	A minőségi pontszámmal ellátott bázisazonosításokat tartalmazó, az adatfeldolgozás közbülső lépése során létrehozott fájlok. A FASTQ-fájlok tartalmazzák az illesztési lépéshez használt elsődleges bemenő adatokat.

Demultiplexelési fájl formátuma

A demultiplexelés során történik az egyes klaszterekhez tartozó indexszekvencia leolvasása annak meghatározására, hogy melyik mintából származik a klaszter. A klaszterek és a mintaszámok egymáshoz rendelése az áramlási cella mindegyik csempéjéhez külön demultiplexelési fájlba íródik.

A demultiplexelési fájl nevének formátuma **s_1_X.demux**, ahol X a csempeszám.

A demultiplexelési fájlok egy fejléccel kezdődnek:

- ▶ Verzió (4 byte-os egész szám), jelenleg 1
- ▶ Klaszterszám (4 byte-os egész szám)

A fájl fennmaradó része a csempe egyes klasztereihez tartozó mintaszámokból áll.

Amikor a demultiplexelési lépés befejeződött, a szoftver létrehoz egy demultiplexelési fájlt

DemultiplexSummaryF1L1.txt néven.

- ▶ A fájlnevében az **F1** az áramlási cella száma.
- ▶ A fájlnevében az **L1** a sor száma.
- ▶ A demultiplexelés eredménye egy olyan táblázat, amelyben csempénként egy sor és mintánként egy oszlop található, beleértve a 0. mintát is.
- ▶ Az indexleolvasásokban leggyakrabban előforduló szekvenciák.

FASTQ fájl formátuma

A FASTQ egy szövegalapú fájlformátum, amely az egyes beolvasások bázisazonosításait és a minőségi értékeiket tartalmazza. Minden bejegyzés 4 sort tartalmaz:

- ▶ Az azonosító
- ▶ A szekvencia
- ▶ Egy pluszjel (+)
- ▶ A Phred minőségi pontszám ASCII + 33 kódolt formátumban

Az azonosító formátuma a következő:

@Instrument:RunID:FlowCellID:Lane:Tile:X:Y ReadNum:FilterFlag:0:SampleNumber

Példa:

```
@SIM:1:FCX:1:15:6329:1045 1:N:0:2
TCGCACTCAACGCCCTGCATATGACAAGACAGAATC
+
<>;##=><9=AAAAAAAAAA9#:<#<;<<<?????#=#
```

Kiegészítő kimeneti fájlok

A következő kimeneti fájlok kiegészítő információkat nyújtanak, illetve összefoglalják a futtatás eredményeit és az elemzés hibáit. Bár ezek a fájlok nem szükségesek az elemzési eredmények értékeléséhez, hibaelhárítási célokra használhatók. Ha nincs másképp megadva, minden fájl az Alignment mappában található.

Fájl neve	Leírás
AdapterTrimming.txt	Az egyes csempékhez tartozó levágott bázisok számát és százalékos arányát tartalmazza. Ez a fájl csak akkor van jelen, ha a futtatáshoz az adapter levágását adták meg.
AnalysisLog.txt	Feldolgozási napló, amely leír minden lépést, amely az aktuális futtatási mappa elemzése során történt. Ez a fájl nem tartalmaz hibaüzeneteket. A futtatási mappa gyökérszintjén található.
AnalysisError.txt	Feldolgozási napló, amely felsorolja az elemzés során felmerült hibákat. Ez a fájl üresen marad, ha nem történt hiba. A futtatási mappa gyökérszintjén található.
CompletedJobInfo.xml	Az elemzés befejezése után íródik, tartalmazza a futtatásra vonatkozó információkat, például a dátumot, az áramlási cella azonosítóját, a szoftver verzióját és egyéb paramétereket. A futtatási mappa gyökérszintjén található.
Checksum.csv	Tartalmazza a meghatározott és nem meghatározott FASTQ-fájlok, a BCL-fájlok és a SampleSheetUsed.csv fájl neveit és egyedi ellenőrzőösszegeit.
DemultiplexSummaryF1L1.txt	A demultiplexelési eredmények egy táblázatban jelennek meg, amelyben csempénként 1 sor és mintánként 1 oszlop található.
GenerateFASTQRunStatistics.xml	A futásra vonatkozó összefoglaló statisztikai adatokat tartalmazza. A futtatási mappa gyökérszintjén található.

Analysis Folder (Elemzési mappa)

Az Analysis (elemzés) mappa tartalmazza a Local Run Manager szoftver által létrehozott fájlokat.

A kimeneti mappa és az elemzési mappa közötti kapcsolat a következőképpen foglalható össze:

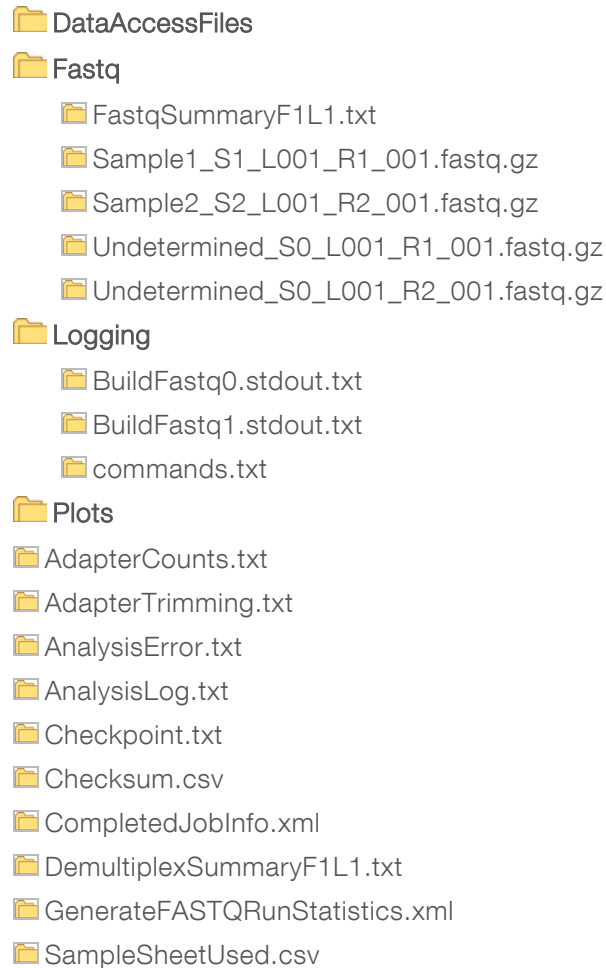
- ▶ A szekvenálás során a Real-Time Analysis (RTA) feltölti a kimeneti mappát a képelemzés, a bázisazonosítás és a minőségi pontszám készítése során létrehozott fájlokkal.
- ▶ Az RTA valós időben másolja a fájlokat az elemzési mappába. Miután az RTA mindegyik ciklushoz hozzárendeli a minőségi pontszámot, a szoftver mindkét mappába beírja az RTAComplete.xml fájlt.
- ▶ Ha az RTAComplete.xml fájl jelen van, az elemzés megkezdődik.
- ▶ Az elemzés során a Local Run Manager kimeneti fájlokat ír az elemzési mappába, majd visszamásolja a fájlokat a kimeneti mappába.

Az Alignment mappák

Az elemzés minden elindítása alkalmával a Local Run Manager létrehoz egy **Alignment_N** nevű illesztési mappát, ahol N egy sorszám.

A mappa szerkezete

- 📁 Data
- 📁 Alignment_## vagy Alignment_Imported_##
 - 📁 [Futtatás időbélyegzője]



Bázisazonosítás és indexdiverzitás

A NextSeq 550Dx készülékkel végzett szekvenálás során a bázismeghatározás egy bázis (A, C, G vagy T) meghatározását jelenti minden ciklusban, egy csempe minden klaszteréhez, vagyis az áramlási cellán lévő képkalkító területhez. A NextSeq 550Dx készülék kétcsatornás szekvenálást végez, amelynek során két kép szükséges a négyféle DNS-bázis azonosításához, egy kép a piros és egy kép a zöld csatornából.

Az indexek leolvasására szolgáló bázisazonosítási folyamat eltér az egyéb leolvasások során végzett bázisazonosítástól.

Az indexleolvasásoknak az első két ciklus valamelyikében legalább egy, a G-től eltérő bázissal kell kezdődniük. Ha az indexleolvasás két G bázissal kezdődik, akkor nem keletkezik jelintenzitás. A demultiplexelési teljesítmény biztosítása érdekében a jelnek jelen kell lennie az első két ciklus valamelyikében.

A futtatás létrehozása során az indexek kiválasztásakor megjelenik egy alacsony diverzitási figyelmeztetés, ha az indexek nem felelnek meg a diverzitási követelményeknek. Az alacsony diverzitásra vonatkozó figyelmeztetés elkerülése érdekében válasszon olyan indexszekvenciákat, amelyek minden ciklusban mindkét csatornán jelet szolgáltatnak.

- ▶ Piros csatorna: A vagy C
- ▶ Zöld csatorna: A vagy T

Ez a bázisazonosítási folyamat biztosítja a pontosságot az alacsony multiplexitású minták elemzése esetén. Az indexek szekvenciáival kapcsolatos további információkért olvassa el az *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx terméktájékoztatót*.

A futtatás létrehozása során a Local Run Managerben ki kell választania a vizsgálandó minták számát. A szoftver automatikusan feltölti a javasolt indexkombinációkat, amelyek megfelelnek az indexek diverzitási követelményeinek. A javasolt UDP-indexkombinációk használata nem kötelező, de ajánlott.

Módosítási előzmények

Dokumentum	Dátum	Módosítások leírása
Dokumentumszám: 200015671 v01	május 2022.	Az ausztráliai szponzor címének hozzáadása. A minta leírására vonatkozó korlátozások pontosítása.
Dokumentumszám: 200015671 v00	2022. február	Első kiadás

Műszaki támogatás

Ha műszaki támogatásra van szüksége, vegye fel a kapcsolatot az Illumina műszaki ügyfélszolgálatával.

Weboldal: www.illumina.com
E-mail: techsupport@illumina.com

Az Illumina ügyfélszolgálati telefonszámjai

Régió	Ingyenesen hívható	Regionális
Észak-Amerika	+1-800-809-4566	
Ausztrália	+1-800-775-688	
Ausztria	+43 800006249	+43 19286540
Belgium	+32 80077160	+32 34002973
Dánia	+45 80820183	+45 89871156
Dél-Korea	+82 80 234 5300	
Egyesült Királyság	+44 8000126019	+44 2073057197
Finnország	+358 800918363	+358 974790110
Franciaország	+33 805102193	+33 170770446
Hollandia	+31 8000222493	+31 207132960
Hongkong, Kína	800960230	
Írország	+353 1800936608	+353 016950506
Japán	0800.111.5011	
Kína	400.066.5835	
Németország	+49 8001014940	+49 8938035677
Norvégia	+47 800 16836	+47 21939693
Olaszország	+39 800985513	+39 236003759
Spanyolország	+34 911899417	+34 800300143
Svájc	+41 565800000	+41 800200442
Svédország	+46 850619671	+46 200883979
Szingapúr	+1.800.579.2745	
Tajvan, Kína	00806651752	
Új-Zéland	0800.451.650	
Egyéb országok	+44.1799.534000	

Biztonsági adatlapok (SDS-ek) – Az Illumina support.illumina.com/sds.html címen elérhető weboldalán találhatóak.

A termék dokumentációja letölthető a support.illumina.com weboldalról.



Illumina
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (Észak-Amerikán kívül)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

CE



Illumina Netherlands B. V.
Steenoven 19
5626 DK Eindhoven
Hollandia

Ausztrál szponzor

Illumina Australia Pty Ltd
Nursing Association Building
Level 3, 535 Elizabeth Street
Melbourne, VIC 3000
Ausztrália

IN VITRO DIAGNOSZTIKAI HASZNÁLATRA

© 2022. Illumina, Inc. Minden jog fenntartva.

illumina®