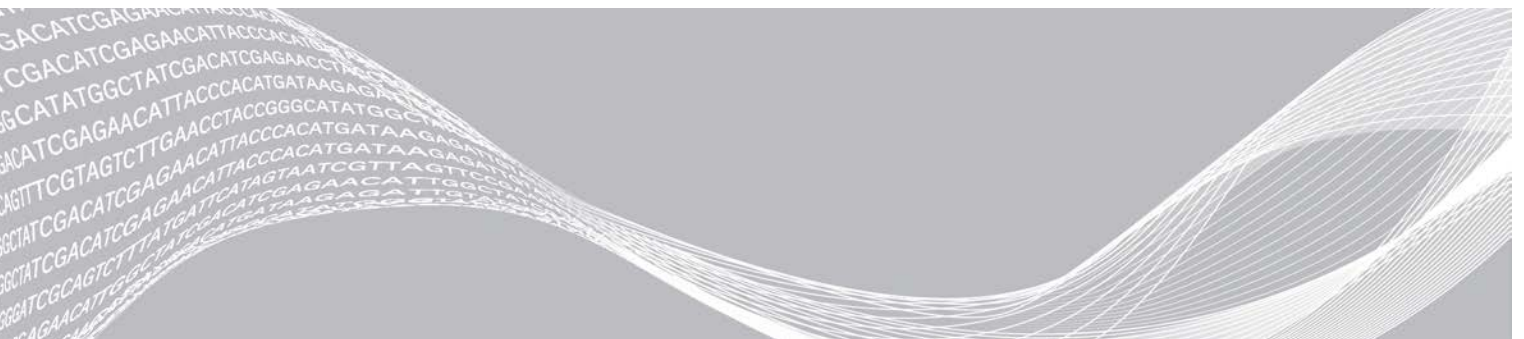


Local Run Manager CF Clinical Seq 2.0 -analyysimoduuli

Työnkulkuopas

IN VITRO -DIAGNOSTISEEN KÄYTTÖÖN

Yleiskatsaus	3
Ajotietojen syöttäminen	3
Analyysimenetelmät	5
Ajon ja tulosten tarkasteleminen	5
Erän seurantatietotiedosto	6
Tulosraportti	6
Tekninen tuki	9



Tämä asiakirja ja sen sisältö ovat Illumina, Inc:n ja sen tytäryhtiöiden ("Illumina") omaisuutta, ja ne on tarkoitettu ainoastaan Illuminan asiakkaiden sopimuskäyttöön tässä kuvattujen tuotteiden käyttöön liittyen eikä mihinkään muuhun tarkoitukseen. Tätä asiakirjaa ja sen sisältöä ei saa käyttää tai jakaa missään muussa tarkoituksessa ja/tai välittää, paljastaa tai jäljentää millään muulla tavoin ilman Illuminalta ennakoon saatua kirjallista lupaa. Illumina ei tällä asiakirjalla luovuta mitään käyttöoikeuksia sen patenti-, tavaramerkki-, tekijänoikeus- tai tapaoikeuksien nojalla eikä vastaavien kolmansien osapuolten oikeuksien nojalla.

Tässä kuvattuja tuotteita saa käyttää vain pätevä ja asianmukaisesti koulutettu henkilökunta noudattamalla täsmällisesti tässä asiakirjassa annettuja ohjeita, jotta tuotteiden asianmukainen ja turvallinen käyttö voidaan taata. Asiakirjan sisältö on luettava ja ymmärrettävä kokonaisuudessaan ennen näiden tuotteiden käyttöä.

MIKÄLI TÄSSÄ ANNETTUJA OHJEITA EI LUETA JA TÄSMÄLLISESTI NOUDATETA, SEURAUKSENA VOI OLLA TUOTTEIDEN VAURIOITUMINEN, HENKILÖVAHINKOJA JOKO KÄYTTÄJILLE TAI MUILLE JA MUITA OMAISUUSVAHINKOJA, MINKÄ LISÄKSI TUOTTEITA MAHDOLLISESTI KOSKEVAT TAKUUT MITÄTÖITYVÄT.

ILLUMINA EI OLE VASTUUSSA TÄSSÄ KUVATTUJEN TUOTTEIDEN VÄÄRINKÄYTÖSTÄ (MUKAAN LUKIEN TUOTTEEN OSAT JA OHJELMISTO).

© 2021 Illumina, Inc. Kaikki oikeudet pidätetään.

Kaikki tavaramerkit ovat Illumina, Inc:n tai niiden vastaavien omistajien omaisuutta. Tarkemmat tavaramerkkitiedot annetaan osoitteessa www.illumina.com/company/legal.html.

Yleiskatsaus

Local Run Manager CF Clinical Seq 2.0 -analyysimoduuli on tarkoitettu käytettäväksi kystisen fibroosin kliinisen TruSight-sekvenssimäärityksen kanssa. Määritys havaitsee mutaatiot proteiinikoodausalueilla ja kystisen fibroosin kudostenvälisen johtumisen säätelyn geenin (*CFTR*) intron-/exon-rajoilla, mukaan lukien kaksi suurta deleetiota ja kaksi syvää intronista mutaatiota. Analyysimoduuli suorittaa toissijaisen analyysin ja raportin luonnin sekvensointiajoista, jotka käyttävät kystisen fibroosin TruSight-määritystä. Katso lisätietoja pakkausselosteesta *Kystisen fibroosin TruSight-sarja (asiakirjanro 1000000097720)*.

Analyysimoduulilla arvioidaan lyhyitä alueita, joilla on varianttien amplifioitua DNA:ta tai amplikoneja. Amplikonien fokusoidun sekvensoinnin avulla tiettyjen alueiden suuri kattavuus on mahdollinen suuressa näytemäärässä.

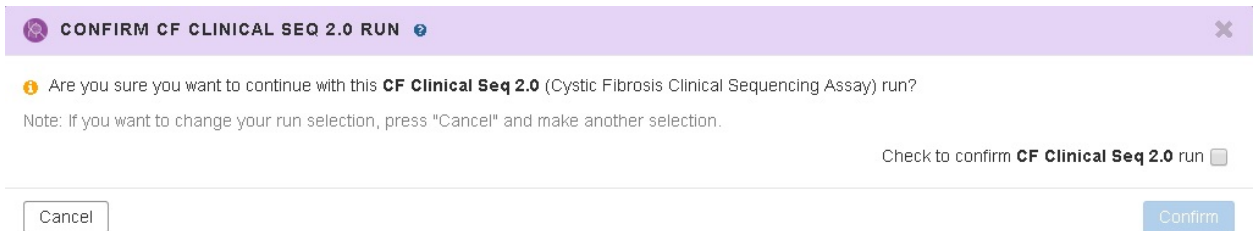
Tietoa tästä oppaasta

Tässä oppaassa annetaan ohjeet ajoparametrien määrittämiseksi CF Clinical Seq 2.0 -analyysimoduulin avulla tapahtuvaa sekvensointia ja analysointia varten. Ohjelmiston käyttäminen edellyttää perustietoja Windows-käyttöjärjestelmän uusimmasta versiosta ja verkkoselainpohjaisesta käyttöliittymästä. Tietoa Local Run Managerin koontinäyttö- ja järjestelmäasetuksista on asiakirjassa *Local Run Manager -ohjelmiston viiteopas MiSeqDx-järjestelmälle (asiakirjanro 1000000011880)*.

Ajotietojen syöttäminen

Parametrien määrittäminen

- 1 Kirjautu sisään Local Run Manageriin.
- 2 Valitse **Create Run** (luo ajo) ja valitse sitten **CF Clinical Seq 2.0**. Ponnahdusikkuna näyttää, että CF Clinical Seq 2.0 on tarkoitettu valinta.



- 3 Jatka valitsemalla valintaruutu ja valitse **Confirm** (Vahvista) (tai valitse **Cancel** (Peruuta) palataksesi päänäyttöön).
- 4 Anna ajon nimi, jonka perusteella ajo tunnistetaan sekvensoinnin ja analyysin aikana. Käytä aakkosnumeerisia merkkejä, välilyöntejä, alaviivoja tai väliviivoja (enintään 40 merkkiä).
- 5 **[Valinnainen]** Anna ajon kuvaus. Käytä aakkosnumeerisia merkkejä, välilyöntejä, alaviivoja tai väliviivoja (enintään 150 merkkiä).
- 6 Anna kirjaston valmistelusarjan eränumero ja vanhentumispäivä.

Näytteiden määrittäminen ajoa varten

Määritä näytteet ajoa varten käyttämällä jompaakumpaa seuraavista vaihtoehdoista.

- ▶ **Enter Samples Manually** (Syötä näytteet manuaalisesti) – Käytä Create Run (Luo ajo) -näytön tyhjää taulukkoa.
- ▶ **Import Samples** (Tuo näytteet) – Siirry ulkoiseen tiedostoon, jossa arvot on erotettu toisistaan pilkkulla (*.csv). Create Run (Luo ajo) -näytössä on saatavilla ladattava malli.

Näytteiden syöttäminen manuaalisesti

- 1 Syötä ainutkertainen näytenimi Sample Name (Näytenimi) -kenttään.
Käytä aakkosnumeerisia merkkejä, väliviivoja tai alaviivoja (enintään 40 merkkiä).
- 2 Napsauta hiiren kakkospainiketta ja valitse positiivisia ja negatiivisia kontrollinäytteitä.
Ajon tallentaminen edellyttää vähintään yhden positiivisen ja yhden negatiivisen kontrollinäytteen valitsemista.
- 3 **[Valinnainen]** Syötä näytekuvaus näytteen Description (Kuvaus) -välilehteen.
Käytä aakkosnumeerisia merkkejä, väliviivoja tai alaviivoja (enintään 50 merkkiä).
- 4 **[Valinnainen]** Valitse indeksin 1 sovitin avattavasta Index 1 (i7) (Indeksi 1 (i7)) -luettelosta.
Tämä vaihe on valinnainen, koska i7- ja i5-indeksiyhdistelmät määritetään oletusasettelussa automaattisesti.
- 5 **[Valinnainen]** Valitse indeksin 2 sovitin avattavasta Index 2 (i5) (Indeksi 2 (i5)) -luettelosta.
Tämä vaihe on valinnainen, koska i7- ja i5-indeksiyhdistelmät määritetään oletusasettelussa automaattisesti.
- 6 Tuo näyttöön levyasettelu valitsemalla **Print** (Tulosta) -kuvake.
- 7 Valitse **Print** (Tulosta) levyasettelun tulostamiseksi viitteeksi kirjastojen valmistelua varten.
- 8 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Export** (Vie) voit viedä näytetietotiedoston.
- 9 Valitse **Save Run** (Tallenna ajo).
Jos olet määrittänyt alle 24 näytettä, näkyviin tulee Insufficient Sample (Riittämätön näyte) -ikkuna.
Jatka valitsemalla **Proceed** (Jatka) tai muokkaa näytteitä valitsemalla **Cancel** (Peruuta).



VAROITUS

Illumina ei vahvista toimintaa, jos jatkat, kun näytteitä on määritetty alle 24. Lisätietoja on Kystisen fibroosin TruSight-pakkausselosteessa (asiakirjanro 1000000097720).

Näytteiden tuonti

Näytteet voidaan tuoda kahdentyyppisistä tiedostoista:

- ▶ Näytetieto tiedostosta, joka on viety aiemmin CF Clinical Seq 2.0 -moduulista Export (Vienti) -ominaisuuden avulla.
- ▶ Mallitiedostosta, joka voidaan luoda valitsemalla Create Run (Luo ajo) -näytössä **Template** (Malli).
Mallitiedosto sisältää tuontia varten tarvittavat oikeat sarakeotsikot, ja kukin sarake sisältää paikkamerkkiedot. Voit mukauttaa mallitiedostoa käyttämällä ulkoista editoria:

- 1 Lisää ajon kunkin näytteen näytetiedot.

- 2 Kun kaikki näytetiedot on lisätty, poista paikkamerkkiedot käyttämättömistä soluista.
- 3 Tallenna mallitiedosto.

Voit tuoda näytetiedot seuraavasti:

- 1 Valitse **Import Samples** (Tuo näytteet) ja etsi sitten tiedosto selaamalla ja valitse se.
- 2 Tuo näyttöön levyasettelu valitsemalla **Print** (Tulosta) -kuvake.
- 3 Valitse **Print** (Tulosta) levyasettelun tulostamiseksi viitteeksi kirjastojen valmistelua varten.
- 4 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Export** (Vie) voit viedä näytetiedot ulkoiseen tiedostoon.
- 5 Valitse **Save Run** (Tallenna ajo).
Jos olet määrittänyt alle 24 näytettä, näkyviin tulee Insufficient Sample (Riittämätön näyte) -ikkuna.
Jatka valitsemalla **Proceed** (Jatka) tai muokkaa näytteitä valitsemalla **Cancel** (Peruuta).



VAROITUS

Illumina ei vahvista toimintaa, jos jatkat, kun näytteitä on määritetty alle 24. Lisätietoja on Kystisen fibroosin TruSight-pakkausselosteessa (asiakirjanro 1000000097720).

Ajon muokkaaminen

Katso ennen sekvensointia tapahtuvaa ajon tietojen muokkausta koskevat ohjeet asiakirjasta *Local Run Manager -ohjelmiston viiteopas MiSeqDx-järjestelmälle* (asiakirjanro 1000000011880).

Analyysimenetelmät

Kuvaus kystisen fibroosin TruSight-analyysimenetelmistä on pakkausselosteessa *Kystisen fibroosin TruSight-sarja* (asiakirjanro 1000000097720).

Ajon ja tulosten tarkasteleminen

- 1 Napsauta ajon nimeä Local Run Managerin päänäytössä.
- 2 Tarkista sekvensointiajon mittarit Run Overview (Ajon yleiskatsaus) -välilehdestä.
- 3 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Copy to Clipboard** (Kopioi leikepöydälle) -kuvakkeen voit kopioida tuotosajon kansiopolon.
- 4 Valitsemalla Sequencing Information (Sekvensointitiedot) -välilehden voit tarkastella ajoparametreja ja tarviketietoja.
- 5 Valitsemalla Samples and Results (Näytteet ja tulokset) -välilehden voit tarkastella analyysin tuloksia. Välilehdessä on näyteluettelo, joka sisältää tunnistusasteen, suorituskyvyn, tunnistamattomat koordinaatit ja kontrollitietojen yhteenvedon.
 - ▶ Mikäli analyysi toistettiin, laajenna avattava Select Analysis (Valitse analyysi) -luettelo ja valitse asianmukainen analyysi.
- 6 **[Valinnainen]** Voit kirjoittaa luettelossa olevaa näytettä koskevan kommentin kaksoisnapsauttamalla Comment (Kommentti) -kenttää. Valitse **Save Changes** (tallenna muutokset).
- 7 Voit tuoda näyttöön tarkempia varianttietoja valitsemalla luettelosta näytteitä. Näytteen varianttiedot näkyvät näyteluettelon alapuolella.

- 8 **[Valinnainen]** Valitse jokin seuraavista vaihtoehdoista kaksoinapsauttamalla Interpretation (tulkinta) -sarakkeen kenttää:
- ▶ CF — CF-aiheuttaja
 - ▶ MVCC — Mutation of Varying Clinical Consequence (vaihtelevien kliinisten seurausten mutaatio)
 - ▶ MOUS — Mutation of Unknow Significance (merkitykseltään tuntematon mutaatio)
 - ▶ NCFCM — Non CF Causing Mutation (CF:ää aiheuttamaton mutaatio)
 - ▶ Unknown (tuntematon)
- Napsauta **Save Changes** (tallenna muutokset).



HUOMAUTUS

Aina, kun muutokset tallennetaan, analyysin tulostiedosto luodaan **Alignment** (Kohdistus) -kansioon. Tämän tiedoston tiedostonimen lopussa on aikaleima muodossa **VVKKPP_TTMSS**.

Lisätietoja Run Overview (Ajon yleiskatsaus)- ja Sequencing Information (Sekvensointitiedot) -välilehdistä ja analyysin asettamisesta uudelleen jonoon on asiakirjassa *Local Run Manager -ohjelmiston viiteopas MiSeqDx-järjestelmälle (asiakirjanro 1000000011880)*.

Erän seurantatietotiedosto

Kun analyysi on valmis, siirry tarkastelemaan **LotTracking.txt**-tiedostoa jommallakummalla seuraavista tavoista.

- ▶ Valitse **Sample and Results** (Näyte ja tulokset) -välilehdessä **Export Lot Tracking Data** (Vie erän seurantatiedot).
- ▶ Avaa **Alignment** (Kohdistus) -kansiossa oleva tiedosto. **Alignment** (Kohdistus) -kansion polku näkyy **Samples and Results** (Näytteet ja tulokset) -välilehden **Analysis Folder** (Analyysikansio) -kentässä.
 - ▶ **[Valinnainen]** Kopioi analyysikansion polku valitsemalla **Copy to Clipboard** (Kopioi leikepöydälle) -kuvake.

Kun analyysi on valmis, erän seurantatietotiedosto kirjoitetaan ajon **Alignment** (Kohdistus) -kansioon. Esimerkki: **MiSeqAnalysis\<ajokansion nimi>\Alignment_N\VVKKPP_TTMSS**. N edustaa järjestyslukua, joka kasvaa sen mukaan, onko analyysi ollut uudelleen jonossa. **VVKKPP_TTMSS** edustaa ajon aikaleimaa.

Tulosraportti

Kun toissijainen analyysi on valmis, analyysin tulosten yhteenveto esitetään **Samples and Results** (Näytteet ja tulokset) -välilehdessä. Lisäksi tulosten yhteenveto sisältyy analyysin tulostiedostoon, joka on sarkaineroteltu **TruSightCFClinicalSequencingAssay.txt**-tekstitiedosto.

Analyysin tulostiedosto sisältää samat tulostiedot, jotka esitetään **Sample and Results** (Näyte ja tulokset) -välilehdessä. Voit tarkastella analyysin tulostiedostoa **TruSightCFClinicalSequencingAssay.txt** jommallakummalla seuraavista tavoista:

- ▶ Valitse **Sample and Results** (Näyte ja tulokset) -välilehdessä **Export Data** (Vie tiedot).
- ▶ Avaa **Alignment** (Kohdistus) -kansiossa oleva tiedosto. **Alignment** (Kohdistus) -kansion polku näkyy **Samples and Results** (Näytteet ja tulokset) -välilehden **Analysis Folder** (Analyysikansio) -kentässä.



HUOMAUTUS

Kopioi analyysikansion polku valitsemalla **Copy to Clipboard** (Kopioi leikepöydälle).

Kaikkien sekvensointiajojen analyysitiedostot tallennetaan laitteessa sijainteihin MiSeqAnalysis\<<ajokansion nimi>\Data\Intensities\BaseCalls ja MiSeqAnalysis\<<ajokansion nimi>\Alignment_N\VVKKPP_TTMMSS. N edustaa järjestyslukua, joka kasvaa sen mukaan, onko analyysi ollut uudelleen jonossa. VVKKPP_TTMMSS edustaa ajon aikaleimaa.

Analyyysin tulostiedoston tiedot

Analyyysin tulostiedosto TruSightClinicalSequencingAssay.txt sisältää kolme osaa: tiedoston otsikon, näytteen tiedot ja näytteen varianttitiedot. Ensimmäisenä on tiedoston otsikko-osa, jossa on yleisiä tietoja ajosta. Huomaa, että ajoa kohden on vain yksi tiedoston otsikko-osa. Sitä vastoin jokainen analyysissa käytetty näyte sisältää näytteen tiedot ja näytteen varianttitiedot. Nämä osat näkyvät jokaisen näytteen kohdalla parittain.

Seuraavassa taulukossa on kuvaus ajon tiedot sisältävän tiedoston otsikko-osan riveistä:

Taulukko 1 Tiedoston otsikko-osa (Ajon tiedot)

Rivin otsikko	Kuvaus
Test (Testi)	Kuvailee testiä, joka suoritettiin.
Run ID (Ajon tunnus)	Ajon tunnus, joka luotiin MiSeq-käyttöjärjestelmässä (MOS) sekvensointiajon alussa.
Run Date (Ajon päivämäärä)	Päivämäärä (VVKKPP), jolloin sekvensointiajo aloitettiin MOS-järjestelmässä.
Analysis Version (Analyyysin versio)	Analyyysissa käytetty ohjelmistoversio.

Seuraavassa taulukossa on kuvaus näytetieto-osien riveistä:

Taulukko 2 Näytetiedot

Rivin otsikko	Kuvaus
Sample ID (Näytetunnus)	Näytteelle ajon luonnin yhteydessä annettu nimi sekä Local Run Manager -ohjelmiston määrittämä analyyysin tunnus. Jos ajo asetetaan uudelleen jonoon, näytetunnuksen nimiosa säilyy samana, mutta analyyysin tunnus muuttuu. Tämä kenttä sisältyy vain *.txt-tiedostoon.
Sample Name (Näytenimi)	Näytenimi, joka annettiin ajon luonnin yhteydessä.
Control (Kontrolli)	Kontrollityyppi, joka annettiin ajon luonnin yhteydessä. Arvot ovat positiivisia tai negatiivisia. Tyhjä kenttä merkitsee pelkkää näytettä.
Comment (Kommentti)	Valinnainen tekstikenttä kommentteja varten. Edellisen analyysiajon kommentit eivät siirry seuraavaan analyysiajoon.
Performance (Suorituskyky)	Hyväksytty tai hylätty tunnistusasteen perusteella. Positiivinen kontrollinäyte: <ul style="list-style-type: none"> • PASS (Hyväksytty) – tunnistusaste ≥ 99 % • FAIL (Hylätty) – tunnistusaste < 99 % Negatiivinen kontrollinäyte: <ul style="list-style-type: none"> • PASS (Hyväksytty) – tunnistusaste ≤ 10 % • FAIL (Hylätty) – tunnistusaste > 10 % Näyte, jota ei ole merkitty positiiviseksi tai negatiiviseksi kontrollinäytteeksi: <ul style="list-style-type: none"> • PASS (Hyväksytty) – tunnistusaste ≥ 99 % • FAIL (Hylätty) – tunnistusaste < 99 %
Sample Call Rate (Näytteen tunnistusaste)	Ennalta määritettyä luotettavuusraja-arvoa vastaavien varianttiasemien määrä jaettuna tutkittujen varianttiasemien kokonaismäärällä. Tunnistusaste kuvataan näytekohtaisesti, ja se ilmoitetaan prosenttiosuutena, joka lasketaan siten, että luvusta 1 vähennetään sellaisten varianttiasemien määrä, joihin liittyy keskeneräisiä tunnistuksia, jaettuna sekvensoitujen varianttiasemien kokonaismäärällä.

Seuraavassa taulukossa on kuvaus näytteiden varianttieto-osien sarakkeista:

Taulukko 3 Näytteen varianttiedot

Sarakkeen otsikko	Kuvaus
Varianttityyppi	Variantin tyyppi. <ul style="list-style-type: none"> • SNV, Single Nucleotide Variant – yksittäinen nukleotidivariantti • DIV, Deletion Insertion Variant – deleetio-insertiovariantti • DEL – suuri deleetio • PolyTGPolyT – PolyTG-/PolyT-genotyyppi CF-geenissä
Coordinate (Koordinaatti)	Genomisijainti, josta variantti löydettiin. Kentän nimi on Coordinate *.txt tiedostossa.
Chromosome (Kromosomi)	Viitekromosomin tunnus. Kentän nimi on Chromosome *.txt tiedostossa.
Frequency (Taajuus)	Variantin sisältämien näytteen read-lukujen osuus. Jos esimerkiksi vertailuemäs tiettyssä sijainnissa on A ja näytteessä 1 on 60 A-readia ja 40 T-readia, SNV:n varianttiesiintymistäajuus on 0,4.
Syvyys	Tietyn sijainnin kattavien näytteen read-lukujen määrä.
cDNA Name (HGVS) (cDNA-nimi (HGVS))	Variantin DNA-tason kuvaus HGVS:n (Human Genome Variation Society) suositteleman cDNA-sekvenssiä koskevan nimeämistavan mukaisesti.
Protein Name (HGVS) (Proteiinin nimi (HGVS))	Variantin proteiinitason kuvaus HGVS:n (Human Genome Variation Society) suositteleman proteiinisekvenssiä koskevan nimeämistavan mukaisesti.
dbSNP rsID	Variantin dbSNP-tunnus. Kentän nimi on dbSNP ID *.txt tiedostossa.
Reference (Viite)	Vertailuemäs genomikoordinaatissa, jossa variantti esiintyy. Reference *.txt-tiedostossa.
Result (Tulos)	Variantin genotyyppi. <ul style="list-style-type: none"> • SNV tai DIV – Havaitut kaksi alleelia on kuvattu. Esimerkiksi A/T kuvaa SNV:tä, jossa havaitaan sekä A- että T-alleleja ja jotka ovat heterotsygoottisia. Villityypin alleeli on listattu ensin ja sen jälkeen variantti alleeli. • Pienet deleetiot – Variantti alleeli kuvaa alleelia deleetiolla. Esimerkiksi ATCT/A. • Lisäykset – Variantti alleeli kuvaa alleelia lisäyksellä. Esimerkiksi C/CT. • DEL – Tulos raportoidaan Het-deleetiona tai Hom-deleetiona. • PolyTGPolyT – Todellinen genotyyppi raportoidaan. Kentän nimi on Result *.txt tiedostossa.
Interpretation (Tulkinta)	Tämän kentän avulla lääketieteellinen geneetikko voi antaa kliinisen tulkinnan mutaatiosta kunkin näytteen osalta. <ul style="list-style-type: none"> • CF – CF-aiheuttaja • MVCC – Mutation of Varying Clinical Consequence (vaihtelevien kliinisten seurausten mutaatio) • MOUS – Mutation of Unknow Significance (merkitykseltään tuntematon mutaatio) • NCFCM – Non CF Causing Mutation (CF:ää aiheuttamaton mutaatio) • Unknown (tuntematon)

Sample Variants Information (Näytevarianttien tiedot) -osassa on myös `Coordinates Not Called` (Koordinaatit, joita ei kutsuta) -merkkintä, jossa luetellaan genomikoordinaatit kohdealueella, jossa kutsua ei raportoitu heikkojen luottamusarvojen vuoksi.

Tekninen tuki

Teknisissä kysymyksissä voit ottaa yhteyttä Illuminan tekniseen tukeen.

Verkkosivusto: www.illumina.com
Sähköposti: techsupport@illumina.com

Illuminan asiakastuen puhelinnumerot

Alue	Ilmainen	Alueellinen
Pohjois-Amerikka	+1 800 809 4566	
Alankomaat	+31 8000222493	+31 207132960
Australia	+1 800 775 688	
Belgia	+32 80077160	+32 34002973
Espanja	+34 911899417	+34 800300143
Etelä-Korea	+82 80 234 5300	
Hong Kong, Kiina	800960230	
Irlanti	+353 1800936608	+353 016950506
Italia	+39 800985513	+39 236003759
Itävalta	+43 800006249	+43 19286540
Japani	0800 111 5011	
Kiina	400 066 5835	
Norja	+47 800 16836	+47 21939693
Ranska	+33 805102193	+33 170770446
Ruotsi	+46 850619671	+46 200883979
Saksa	+49 8001014940	+49 8938035677
Singapore	+1 800 579 2745	
Suomi	+358 800918363	+358 974790110
Sveitsi	+41 565800000	+41 800200442
Taiwan, Kiina	00806651752	
Tanska	+45 80820183	+45 89871156
Uusi-Seelanti	0800 451 650	
Yhdistynyt kuningaskunta	+44 8000126019	+44 2073057197
Muut maat	+44 1799 534000	

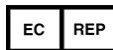
Käyttöturvallisuustiedotteet (KTT) – saatavilla Illuminan verkkosivustosta osoitteesta support.illumina.com/sds.html.

Tuotedokumentaatio – ladattavissa osoitteesta support.illumina.com.



Illumina

5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
+1 800 809.ILMN (4566)
+1 858 202 4566 (Pohjois-Amerikan ulkopuolella)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com



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

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

IN VITRO -DIAGNOSTISEEN KÄYTTÖÖN

© 2021 Illumina, Inc. Kaikki oikeudet pidätetään.

illumina®