

NextSeq™ 1000 Sequencing System e NextSeq 2000 Sequencing System

Scopri le applicazioni attuali ed emergenti con efficienza più elevata e minori limitazioni

- Flessibilità e scalabilità per ampliare il numero di applicazioni eseguite su un sistema da banco
- Semplicità operativa con cartucce "carica e vai" e informatica integrata
- Economia della corsa migliorata con output elevato per supportare ampi studi e metodi con grosse quantità di dati

illumina®

Solo a uso di ricerca. Non usare in procedimenti diagnostici.



Introduzione

Grazie alle innovazioni offerte dal sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing) la comunità genomica è in grado di porsi domande, e dare risposte, su quesiti scientifici sempre più complessi. In ambito oncologico, di ricerca sul microbioma, degli studi di singole cellule e di altre applicazioni emergenti, i ricercatori hanno bisogno di un sequenziamento efficace per sviluppare studi più ampi su un numero di campioni più grande a una profondità di sequenziamento superiore e a costi più bassi.

L'impegno di Illumina nel supportare questa espansione nella ricerca consente l'esplorazione del genoma, del trascrittoma e dell'epigenoma fornendo agli utenti tecnologia e sistemi dotati di progressi innovativi. Negli ultimi 20 anni, il lavoro di Illumina è stato dedicato a migliorare le funzionalità del sequenziamento sull'intero flusso di lavoro, facilitandone l'utilizzo e riducendone i costi sia per bassa processività sia per elevata processività.

Questa tradizione continua con il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System (Figura 1, Tabella 1). Queste piattaforme hanno cambiato lo scenario offrendo sistemi dal design all'avanguardia, innovazioni nella chimica e compatibilità con un'ampia gamma di opzioni per la preparazione delle librerie e informatica integrata sullo strumento che consente una rapida analisi secondaria. Diversi tipi di cella a flusso e di kit supportano i clienti con esigenze di elaborazione in batch e di processività, dal bulk RNA-Seq al sequenziamento 16S e alla metagenomica Shotgun.

Il risultato: il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System di Illumina sono piattaforme scalabili con un'ampia scelta di celle a flusso che supportano la ricerca di oggi e di domani.

Flessibilità per fare di più, scalabilità per crescere di più

Il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System sfruttano le ultime innovazioni nell'ottica, nel design dello strumento e nella chimica dei reagenti per ridurre al minimo il volume della reazione di sequenziamento aumentando al contempo l'output e riducendo i costi per corsa. Gli utenti possono ora ottenere processività, qualità e costi richiesti per andare incontro alle proprie esigenze, a partire da dimensioni di batch più piccole e processività inferiore fino a processività superiore e applicazioni a elevata intensità, il tutto su un sistema di sequenziamento da banco.



Figura 1. NextSeq 2000 Sequencing System: il NextSeq 2000 System offre design innovativo, chimica avanzata, bioinformatica semplificata e un flusso di lavoro intuitivo per la più ampia gamma di applicazioni e flessibilità di scala su un sistema di sequenziamento da banco.

Innovazioni nella tecnologia per prestazioni migliorate

Il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System utilizzano celle a flusso preconfigurate (patterned) simili a quelle utilizzate dal NovaSeq™ 6000 System. Il risultato è un sistema da banco altamente flessibile, efficace e scalabile, che offre celle a flusso dotate di elevata densità dei cluster e che fa scendere il costo per gigabase (Gb) della corsa di sequenziamento.

Per sfruttare al massimo queste celle a flusso a elevata densità, il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System offrono un innovativo sistema ottico dotato di straordinaria risoluzione in grado di fornire dati di imaging altamente accurati, risoluzione superiore e sensibilità più elevata rispetto ai tradizionali sistemi da banco. La reazione di sequenziamento così ridotta permette di scalare in base a diverse quantità di output, mantenendo gli stessi standard elevati a livello di qualità dei dati di cui fruiscono gli utenti del NextSeq 550 System e del MiSeq™ System

Grazie alla nostra decennale esperienza, il NextSeq 1000 System e il NextSeq 2000 System utilizzano la chimica di sequenziamento mediante sintesi (SBS, Sequencing By Synthesis) leader nel settore, ottimizzata per aumentare la nitidezza dei cluster, ridurre le interferenze tra i canali e migliorare il rapporto segnale-rumore. Grazie a questo avanzamento e alla formulazione migliorata è stata ridotta

la dimensione dell'attuale reazione; in questo modo i reagenti NextSeq 1000/2000 consentono di ottenere dati di elevata qualità e una riduzione complessiva nel volume e negli scarti dei reagenti, riducendo al minimo i requisiti di conservazione fisica. Inoltre, la migliorata robustezza e stabilità consentono la spedizione a temperatura ambiente della cella a flusso.

Tabella 1: Parametri delle prestazioni del NextSeq 1000 Sequencing System e del NextSeq 2000 Sequencing System

Lunghezza lettura	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Output per cella a flusso^a			
Lecture CPF	100 milioni	400 milioni (300 milioni per 2 × 300 bp)	1,2 miliardi
1 × 50 bp	–	–	60 Gb
2 × 50 bp	10 Gb	40 Gb	120 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb
2 × 300 bp	60 Gb	180 Gb (300 milioni di lecture CPF)	–
Punteggi qualitativi^b			
1 × 50 bp	≥90% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 50 bp	≥90% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 100 bp	≥85% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 150 bp	≥85% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 300 bp	≥80% delle basi con punteggio superiore a Q30		
Durata della corsa			
1 × 50 bp	–	–	Circa 11 ore
2 × 50 bp	Circa 10 ore	Circa 13 ore	Circa 19 ore
2 × 100 bp	–	Circa 21 ore	Circa 33 ore
2 × 150 bp	Circa 19 ore	Circa 29 ore	Circa 48 ore
2 × 300 bp	Circa 34 ore	Circa 44 ore	–

a. Specifiche per gli output basate su una singola cella a flusso utilizzando la libreria del campione di controllo PhiX di Illumina a densità cluster supportate; CPF: cluster che attraversano il filtro.
 b. I punteggi qualitativi si basano sulla libreria del campione di controllo PhiX di Illumina; le prestazioni possono variare a seconda del tipo e della qualità della libreria, della dimensione dell'inserito, della concentrazione di caricamento e di altri fattori sperimentali.

Protagonista di studi rivoluzionari grazie a funzionalità più ampie

Grazie a risultati accurati e veloci, alla possibilità di generare da 10 Gb fino a 360 Gb di dati e a opzioni informatiche flessibili, il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System sono l'ideale per un'ampia gamma di applicazioni (Tabella 2) come metagenomica, trascrittomica spaziale, oncologia, malattie genetiche e altro. Aggiungete un solido supporto esperto e i laboratori sono pronti per il carico di lavoro di oggi e per le applicazioni emergenti di domani.

Un flusso di lavoro efficace e semplificato trainato da un sistema integrato e informatica avanzata

Per Illumina, l'esperienza del cliente è al centro di ogni innovazione per semplificare il più possibile la preparazione dei campioni, il sequenziamento e l'analisi dei dati. Gli utenti principianti ed esperti possono avvalersi del NextSeq 1000 Sequencing System e del NextSeq 2000 Sequencing System che offrono un flusso di lavoro semplificato che unisce la semplicità di un sistema "carica e vai" a informatica avanzata inclusa (Figura 2 e Figura 3).

Semplice piattaforma basata su cartuccia

Il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System sfruttano una cartuccia integrata che include i reagenti, la fluidica e il supporto per gli scarti per semplificare il caricamento delle librerie e l'utilizzo degli strumenti. È sufficiente scongelare la cartuccia di reagenti, inserire la cella a flusso nella cartuccia, caricare la libreria nella cartuccia e inserire la cartuccia assemblata nello strumento. Le fasi di denaturazione e diluizione avvengono automaticamente sullo strumento.

Oltre alla semplicità, il design della cartuccia completamente integrata migliora l'efficienza per tutta la durata della corsa di sequenziamento. La riduzione di molte reazioni di sequenziamento permette al design unico di offrire:

- Riduzione dei costi operativi
- Aumento della riciclabilità
- Riduzione del volume degli scarti

Poiché i reagenti non lasciano mai la cartuccia, lo strumento con procedimento "secco" non richiede lavaggi e consente una manutenzione semplificata ottimizzando l'efficienza.

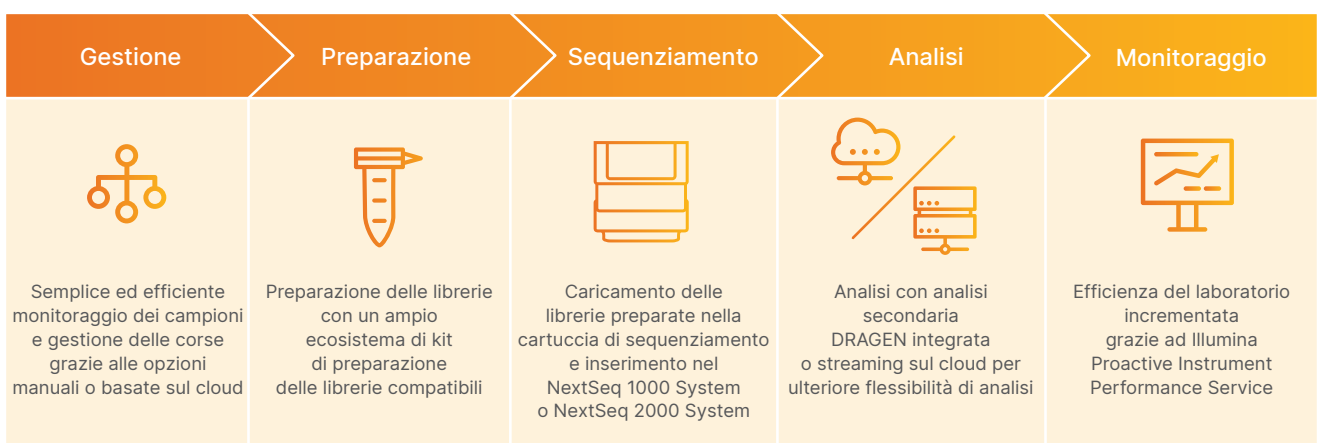


Figura 2. Flusso di lavoro intuitivo dalla libreria all'analisi: il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System forniscono un flusso di lavoro completo che include una semplice impostazione della corsa, un ampio ecosistema di kit di preparazione delle librerie compatibili, funzionamento "carica e vai" e analisi secondaria integrata sullo strumento.

Tabella 2: Alcune delle ampie scelte di applicazioni disponibili sul NextSeq 1000 Sequencing System e sul NextSeq 2000 Sequencing System

Applicazione ^a	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata
Sequenziamento dell'intero genoma piccolo (300 cicli) 130 Mb genoma; >30x copertura	7	Circa 19 ore	30	Circa 29 ore	90	Circa 48 ore
Sequenziamento dell'intero esoma (200 cicli) 50x di copertura media sul target; 90% di copertura sul target a 20x	4 ^b	Circa 19 ore	16	Circa 21 ore	48	Circa 33 ore
Total RNA-Seq (200 cicli) 50 milioni di coppie di letture per campione	2 ^{b,c}	Circa 19 ore	16	Circa 21 ore	24	Circa 33 ore
mRNA-Seq (200 cicli) 25 milioni di coppie di letture per campione	4 ^{b,c}	Circa 19 ore	32	Circa 21 ore	48	Circa 33 ore
Single-cell RNA-Seq (100 cicli) ^a 5.000 cellule, 20.000 letture/cellula	1 ^d	Circa 10 ore	4	Circa 13 ore	11	Circa 19 ore
Analisi miRNA-Seq o RNA piccolo (50 cicli) 11 milioni letture/campione	9 ^e	Circa 10 ore	36 ^f	Circa 13 ore	108	Circa 11 ore
Sequenziamento del gene 16S RNA (600 cicli)	384 ^g	Circa 34 ore	384 ^g	Circa 44 ore	-	-

- a. La profondità di sequenziamento raccomandata dipenderà in larga parte dal tipo di campione e dall'obiettivo sperimentale e dovrà essere ottimizzata per ogni studio.
- b. Utilizzare il kit P1 da 300 cicli.
- c. Le lunghezze di lettura raccomandate sono 2 x 75 bp per Illumina Stranded Total RNA Prep e Illumina Stranded mRNA Prep e 2 x 100 bp per Illumina RNA Prep with Enrichment.
- d. I reagenti P1 sono una buona soluzione per gli esperimenti di controllo qualità di singola cellula.
- e. Utilizzare il kit P1 da 100 cicli.
- f. Utilizzare il kit P2 da 100 cicli.
- g. È disponibile un massimo di 384 doppi indici unici.

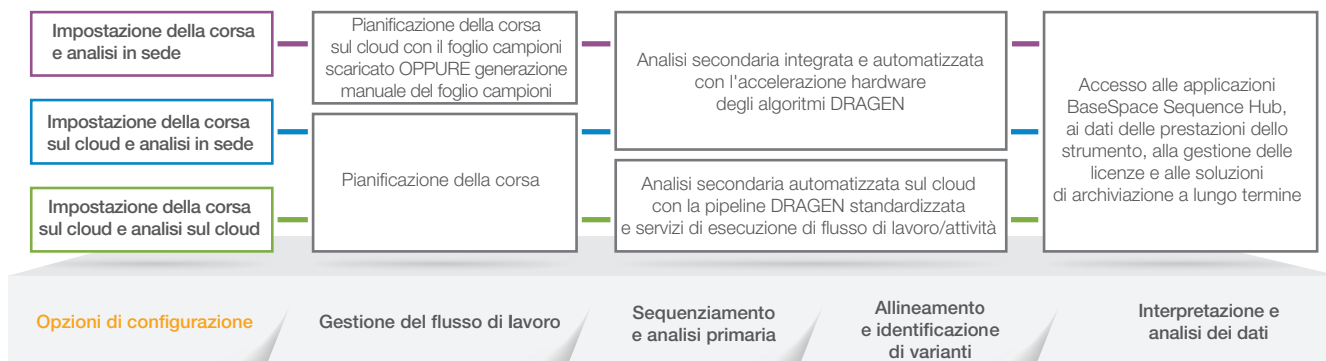


Figura 3. Suite informatica flessibile: il NextSeq 1000 System e il NextSeq 2000 System dispongono di opzioni in sede e sul cloud per l'impostazione della corsa, la gestione della corsa e l'analisi dei dati per consentire agli utenti di eseguire il proprio sequenziamento nel modo che desiderano.

Analisi semplificata, opzioni flessibili

Il NextSeq 1000 System e il NextSeq 2000 System offrono accesso a software di analisi integrati disponibili in sede e sul cloud, per analizzare i dati in modo flessibile e soddisfare le esigenze dei clienti.

È possibile impostare le corse in sede o sul cloud. Per l'impostazione in sede, gli utenti possono creare il proprio foglio campioni o sfruttare un conveniente modello preimpostato da Illumina. L'impostazione basata sul cloud utilizza l'applicazione Run Planner in BaseSpace™ Sequence Hub. Quando le informazioni sulle impostazioni della corsa sono pronte, queste vengono importate nel NextSeq 1000 System e nel NextSeq 2000 System. Quindi gli utenti selezionano e avviano la corsa di interesse. Rispetto ai sistemi da banco precedenti, il software dello strumento è ottimizzato e fornisce una semplice interfaccia con schermate facili da leggere, metriche della corsa semplici da capire, visualizzazione dello strumento e stato della corsa migliorati. I formati di file per gli output del NextSeq 1000 System e del NextSeq 2000 System sono standard nel settore e sono utilizzati da diversi sistemi per la gestione delle informazioni del laboratorio (LIMS, Laboratory Information Management System) per il monitoraggio dei campioni e la gestione delle informazioni in modo sicuro e automatizzato. L'analisi secondaria può essere configurata come parte dell'impostazione della corsa, riducendo il numero di interventi manuali.

Analisi accurata ed efficiente con analisi secondaria DRAGEN integrata

L'analisi secondaria DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) integrata offre una soluzione accurata ed efficiente per l'identificazione di varianti. La piattaforma DRAGEN utilizza algoritmi ottimizzati e con accelerazione hardware per un'ampia gamma di soluzioni di analisi genomiche, inclusi conversione dei file di identificazione delle basi (BCL), compressione, mappatura, allineamento, ordinamento, marcatura dei duplicati e identificazione di varianti. Le nuove pipeline saranno disponibili per applicazioni nuove ed emergenti. La soluzione integrata consente di accedere a determinate pipeline informatiche di DRAGEN (Tabella 3) e di generare risultati in appena due ore. Il sistema informatico DRAGEN utilizza i migliori algoritmi per aiutare utenti novizi ed esperti a superare le difficoltà dell'analisi dei dati riducendo il bisogno di affidarsi a esperti informatici esterni. Gli utenti possono così sprecare meno tempo e sforzi nella gestione delle pipeline a livello di produzione e concentrarsi invece sui risultati ottenuti. L'analisi DRAGEN integrata è inclusa nei costi dello strumento e non richiede l'acquisto di un'ulteriore licenza.

Tabella 3: La semplice pipeline informatica DRAGEN è integrata nel NextSeq 1000 System e nel NextSeq 2000 System

Pipeline ^a	Applicazioni	Funzionalità principale
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero esoma Risequenziamento mirato 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Modalità germinale e somatica (solo tumore) Identificazione di varianti strutturali (SV, Structural Variant) Identificazione di varianti del numero di copie (CNV, Copy Number Variant) File manifest personalizzati
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> Espressione genica dell'intero trascrittoma Rilevamento della fusione genica 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Rilevamento della fusione Espressione genica Espressione differenziale
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero trascrittoma di singola cellula 	<ul style="list-style-type: none"> Codici a barre delle cellule e correzione dell'errore Allineamento Espressione genica Filtraggio delle cellule Report di base e visualizzazione
Compressione DRAGEN ORA ^b	<ul style="list-style-type: none"> Compressione di file FASTQ 	<ul style="list-style-type: none"> Compressione senza perdita di dati Riduzione della dimensione del file fino a 5 volte
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero genoma 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Identificazione di SV/CNV^c Espansione di ripetizioni^c Regioni omozigotiche^c Genotipizzazione CYP2D6^c
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> Pannelli degli ampliconi di DNA Risequenziamento mirato 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Modalità germinale e somatica (solo tumore)

a. Sul cloud sono disponibili ulteriori pipeline informatiche DRAGEN; per un elenco completo, visitare la pagina web illumina.com/DRAGEN.
b. ORA, Original Read Archive; DRAGEN ORA Compression può essere attivato con qualsiasi pipeline DRAGEN.
c. Funzione disponibile solo per i genomi umani.
d. Supportato solo per campioni di DNA; disponibile a partire dalla versione 3.8 di DRAGEN.

Un ecosistema di applicazioni in BaseSpace Sequence Hub

Gli utenti che preferiscono utilizzare una soluzione di analisi sul cloud possono utilizzare BaseSpace Sequence Hub, una piattaforma di calcolo per genomica sul cloud che offre, direttamente ai ricercatori, un formato di facile utilizzo per la gestione semplificata dei dati e strumenti di sequenziamento analitico. Sul cloud, gli utenti hanno a disposizione un'ampia selezione di strumenti bioinformatici per condividere i dati in tutto il mondo. I dati generati dal NextSeq 1000 System e dal NextSeq 2000 System sono compatibili con i formati standard del settore per poterli importare facilmente nella soluzione scelta.

Servizio all'avanguardia per un maggiore controllo dei campioni e una riduzione dei tempi di fermo

Per contribuire a massimizzare l'investimento, supportare le prestazioni durante i picchi di lavoro e per ridurre al minimo le interruzioni, Illumina fornisce un team di supporto all'avanguardia costituito da scienziati esperti nella preparazione delle librerie, nel sequenziamento e nell'analisi. Questo team dedicato include tecnici dell'assistenza in loco (FSE) esperti, scienziati delle applicazioni tecniche (TAS), tecnici delle applicazioni in loco (FAS), ingegneri per il supporto dei sistemi, bioinformatici ed esperti di reti informatiche, tutti formati in modo approfondito sulla tecnologia NGS e sulle applicazioni che i clienti di Illumina utilizzano in tutto il mondo. L'Assistenza tecnica è disponibile telefonicamente cinque giorni la settimana oppure è disponibile online 24/7 in tutto il mondo e in diverse lingue. In entrambi i casi, i team di assistenza sono a vostra disposizione.

Architettura modulare per un supporto più facile e veloce

Il NextSeq 1000 System e il NextSeq 2000 System presentano un'architettura modulare che semplifica il servizio e l'assistenza. I sensori integrati monitorano le prestazioni del sistema e avvisano gli utenti in caso di possibili problemi. In questo modo viene semplificata la risoluzione dei problemi e le riparazioni da parte degli ingegneri dei servizi che consentono così di far risparmiare tempo e ridurre frustrazioni.

Ogni acquisto di un sistema include una garanzia di servizi per un anno. Sono disponibili anche manutenzione completa, riparazione e soluzioni di qualificazione. Illumina offre inoltre formazione in sede, assistenza continuativa, consulenze telefoniche, webinar e corsi in varie sedi di Illumina in tutto il mondo. Abbiamo a disposizione tutte le risorse che occorrono per accelerare il progresso.

Il servizio proattivo di Illumina è un servizio di supporto delle prestazioni dello strumento sicuro e a distanza progettato per rilevare in anticipo il rischio di un guasto, per risolvere i problemi delle corse in modo più efficiente e per impedire fallimenti durante la corsa. Il servizio contribuisce a ridurre al minimo i tempi di fermo non programmati e a evitare perdite di campione non necessarie anticipando le riparazioni e avvertendo il personale di Illumina al fine di programmare visite di manutenzione.

Guarda al futuro sfruttando le efficienze di oggi

Con più di 17.000 sistemi attivi, Illumina sta creando lo standard per le soluzioni NGS. Unendoti a questa comunità avrai accesso a un ampio ecosistema di applicazioni, protocolli e informatica creato in collaborazione con migliaia di ricercatori e leader esperti nel settore in tutto il mondo.

Illumina ha una comprovata esperienza nella produzione di soluzioni genomiche che permettono ai ricercatori di portare avanti studi alla processività, alla scala e al costo che soddisfano gli obiettivi della loro ricerca. Il NextSeq 2000 System fornisce una più ampia gamma di opzioni di processività per andare incontro alle applicazioni nuove ed emergenti ottenendo al contempo corse più convenienti per le attuali applicazioni. Il NextSeq 1000 System offre una processività inferiore rispetto al NextSeq 2000 System ed è disponibile a un prezzo inferiore. Per garantirsi una scalabilità flessibile per il futuro, i clienti che acquistano il NextSeq 1000 System sanno che potranno poi facilmente passare al NextSeq 2000 System.

Riepilogo

Il NextSeq 1000 Sequencing System e il NextSeq 2000 Sequencing System rivoluzionano ciò che è possibile ottenere da un sistema di sequenziamento da banco. Grazie a elevata flessibilità e scalabilità che supportano un'ampia gamma di applicazioni, i laboratori sia piccoli sia grandi avranno a disposizione funzionalità senza precedenti per ricercare e scoprire di più.

Maggiori informazioni

NextSeq 1000 Sequencing System e NextSeq 2000 Sequencing System, [illumina.com/NextSeq2000](https://www.illumina.com/NextSeq2000).

Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (100 cycles)	20074933
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (300 cycles)	20050264
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (600 cycles)	20075294
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 cycles)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 cycles)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 cycles)	20046813
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (600 cycles)	20075295
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 cycles)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 cycles)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 cycles)	20040560
NextSeq 2000 P3 Reagents (300 cycles)	20040561
NextSeq 1000/2000 Read and Index Primers	20046115
NextSeq 1000/2000 Index Primer Kit	20046116
NextSeq 1000/2000 Read Primer Kit	20046117

Specifiche del NextSeq 1000 System e del NextSeq 2000 System

Specifiche

Configurazione dello strumento

Strumento "secco", compatto con analisi secondaria DRAGEN mediante scheda di matrici di porte logiche programmabili sul campo (FPGA, Field-Programmable Gate Array) integrata

Computer di controllo dello strumento

Unità base: microserver 2U all'interno dello strumento
Memoria: 288 GB
Disco rigido: SSD da 3,8 TB
Sistema operativo: Linux CentOS 7.6

Ambiente operativo

Temperatura: 15 °C-30 °C
Umidità: umidità relativa 20%-80%, senza condensa
Altitudine: 0-2.000 metri
Per uso esclusivo in interni

Laser

Lunghezza d'onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm
Sicurezza: prodotto laser di Classe 1

Dimensioni

L x P x A: 55 cm x 65 cm x 60 cm
Peso: 141 kg

Dimensioni della cassa di spedizione

L x P x A imballato: 92 cm x 120 cm x 118 cm
Peso con imballaggio: 232 kg

Requisiti di alimentazione

Tensione in entrata dello strumento: da 100 V c.a. a 240 V c.a.
Frequenza di entrata dello strumento: 50/60 Hz

Larghezza di banda per la connessione di rete

200 MB/s/strumento per i caricamenti interni sulla rete
200 Mb/s/strumento per i caricamenti di BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s/strumento per i caricamenti operativi dello strumento

Sicurezza e conformità del prodotto

Certificato secondo IEC da un NRTL (Nationally Recognized Testing Laboratory)
Marcatura 61010-1 CE
Approvato FCC/IC



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-NA-00008 ITA v5.0