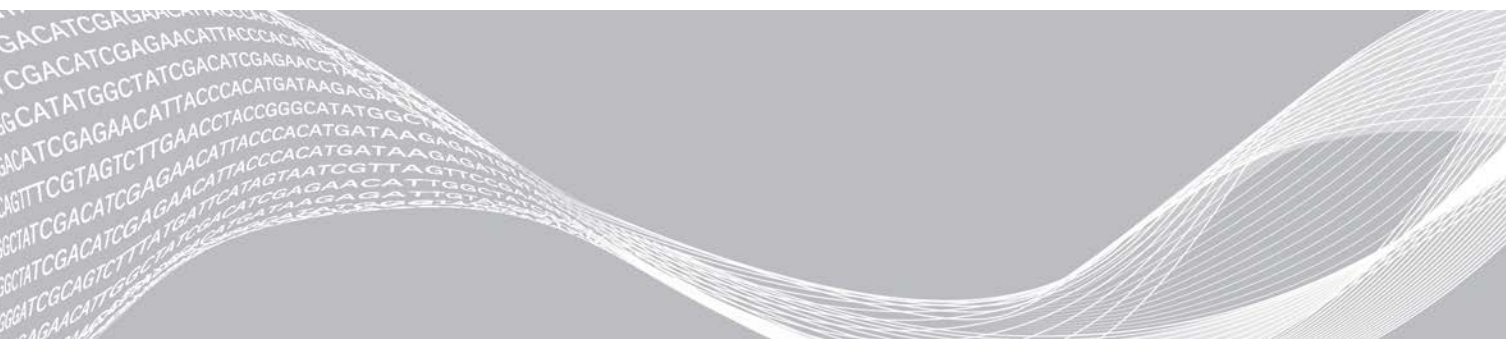


Modul za analizo za Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx

Navodila za potek dela za MiSeqDx

SAMO ZA DIAGNOSTIČNO UPORABO IN VITRO

Pregled	3
Vnos podatkov o izvedbi	3
Načini analize	5
Ogled izvedbe in rezultatov	5
Poročilo o rezultatih	6
Datoteke z odčitki analize	6
Zgodovina revizij	10
Tehnična podpora	11



Ta dokument in vsebina v njem sta last družbe Illumina, Inc. in njenih podružnic (»Illumina«) ter sta namenjena le pogodbeno določeni uporabi njenih strank v povezavi z uporabo izdelkov, ki so opisani v tem dokumentu, in za noben drug namen. Tega dokumenta in vsebine v njem ne smete uporabljati ali distribuirati za kateri koli drug namen in/ali ju kakor koli drugače posredovati, razkriti ali razmnoževati brez predhodnega pisnega soglasja družbe Illumina. Illumina vam s tem dokumentom ne podeljuje nobene licence v okviru svojega patenta, blagovne znamke, avtorskih pravic ali pravic iz običajnega prava in nobenih podobnih pravic tretjih oseb.

Ustrezno kvalificirano in usposobljeno osebje mora natančno in dosledno upoštevati navodila v tem dokumentu, da zagotovi pravilno in varno uporabo izdelkov, opisanih v njem. Pred uporabo teh izdelkov morate v celoti prebrati vsebino tega dokumenta in se seznaniti z njo.

ČE NE PREBERETE VSEH NAVODIL V TEM DOKUMENTU IN JIH NE UPOŠTEVATE DOSLEDNO, LAHKO POVZROČITE OKVARO IZDELKOV, TELESNE POŠKODBE OSEB, VKLJUČNO Z UPORABNIKI IN DRUGIMI OSEBAMI, TER POŠKODBE DRUGE LASTNINE IN RAZVELJAVITE KAKRŠNO KOLI JAMSTVO, KI VELJA ZA IZDELKE.

ILLUMINA NE PREVZEMA NOBENE ODGOVORNOSTI ZA NEPRAVILNO UPORABO IZDELKOV, OPISANIH V TEM DOKUMENTU (VKLJUČNO Z NJIHOVIMI DELI IN PROGRAMSKO OPREMO).

© 2022 Illumina, Inc. Vse pravice pridržane.

Vse blagovne znamke so last družbe Illumina, Inc. ali njihovih ustreznih lastnikov. Informacije o določenih blagovnih znamkah najdete na spletnem mestu www.illumina.com/company/legal.html.

Pregled

Modul Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx najprej izvede demultipleksiranje indeksnih odčitavanj. Če je na voljo ta možnost, DNA GenerateFASTQ Dx ustvari vmesne datoteke z odčitki v obliki zapisa datoteke FASTQ in nato zapre potek dela. Izveden ni noben nadaljnji postopek usklajevanja ali analize. Datoteke FASTQ so zahtevani vnos za izvajanje analize z orodji za analizo drugih izdelovalcev.

Modul Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx je mogoče izvajati v programski opremi Local Run Manager v3.1.0 (ali novejši različici) in je združljiv s sistemom Windows 10. Modul za analizo podpira postopek sekvenciranja in analize za določitev kemične sestave z Illumina DNA Prep with Enrichment Dx.

Več o teh navodilih

Ta priročnik vključuje navodila za nastavitve parametrov za izvajanje sekvenciranja in analize za modul za analizo DNA GenerateFASTQ Dx. Uporaba programske opreme zahteva osnovno poznavanje trenutnega operacijskega sistema Windows in spletnega uporabniškega vmesnika, ki temelji na brskalniku. Za informacije o nastavitvah nadzorne plošče Local Run Manager in sistemskih nastavitvah glejte *Referenčna navodila za programsko opremo Local Run Manager za MiSeqDx (dokument št. 200003931)*.

Vnos podatkov o izvedbi

Nastavitev parametrov

- 1 Prijavite se v Local Run Manager.
- 2 Izberite **Create Run** (Ustvari izvedbo) in izberite **DNA GenerateFASTQ Dx**.
- 3 Vnesite enolično ime izvedbe, da poimenujete izvedbo sekvenciranja in analize (40 znakov ali manj). Ime izvedbe lahko vsebuje alfanumerične znake, presledke in posebne znake `~!@#\$\$%-\_{}`. Ne smete uporabiti imena prejšnje izvedbe.
- 4 **[Izbirno]** Vnesite opis izvedbe za podrobnejšo opredelitev (150 znakov ali manj). Opis izvedbe lahko vsebuje alfanumerične znake, presledke in te posebne znake: `~!@#\$\$%-\_{}`.
- 5 Konfigurirajte te nastavitve izvedbe:
 - »Index Plate« (Indeksna ploščica) – izberite postavitev indeksne ploščice, ki je bila uporabljena med pripravo knjižnice. Izbirate lahko med možnostmi »Index Set A« (Komplet indeksov A), »Index Set B« (Komplet indeksov B) in »Index Set AB« (Komplet indeksov AB). Za informacije o postavitvah indeksne ploščice glejte *Navodila za uporabo za Illumina DNA Prep With Enrichment Dx*.
Kompleta indeksov A in B vključujeta 96 vzorcev in ustreznih enoličnih dvojnih začetnikov (UDP-jev). Komplet indeksov AB vključuje 192 vzorcev in ustreznih UDP-jev.
 - »Read Type« (Vrsta odčitavanja) – izberite eno odčitavanje ali odčitavaje v paru. Privzeta vrsta odčitavanja je odčitavanje v paru.
 - »Read Lengths« (Dolžine odčitavanja) – vnesite dolžino odčitavanja.
Privzeta dolžina odčitavanja je 151.
- 6 V razdelku »Module-Specific Settings« (Nastavitve za določeni model) izberite možnost »Adapter Trimming« (Obrezovanje vmesnika).
Obrezovanje vmesnika je privzeto omogočeno.

- Izberite število vzorcev, ki jih želite sekvencirati. Izbrano število vzorcev vključuje samodejno dopolnjena priporočila UDP. Če ne želite uporabiti priporočil UDP, izberite možnost **Custom** (Po meri). Če število vzorcev, ki jih želite sekvencirati, ni na voljo na spustnem seznamu, izberite najbližje število vzorcev. Zagotovite, da je izbrano število manjše kot število vzorcev za sekvenciranje, da lahko po potrebi dodate dodatne UDP-je. Če želite na primer testirati 18 vzorcev, izberite možnost 16 vzorcev.

Določanje vzorcev za izvedbo

Določite vzorce za izvedbo z uporabo ene od teh možnosti.

- ▶ **Ročni vnos vzorcev** – uporabite prazno tabelo na zaslonu »Create Run« (Ustvari izvedbo).
- ▶ **Uvoz vzorcev** – pomaknite se do zunanje datoteke z vrednostmi, ločenimi z vejico (*.csv). Na zaslonu »Create Run« (Ustvari izvedbo) je na voljo predloga za prenos.

Ročni vnos vzorcev

- Vnesite enolični ID vzorca na zavihek »Sample ID« (ID vzorca). Uporabite alfanumerične znake in/ali črtice (40 znakov ali manj).
ID vzorca, ustrezen opis vzorca in položaj UDP so označeni z modro, kar pomeni, da je vzorec vnesen.
- [Izbirno]** Če želite izbrati vzorce pozitivne in negativne kontrole, kliknite z desno tipko miške vdolbinice za vzorec.
- [Izbirno]** Vnesite opis vzorca na zavihek »Sample Description« (Opis vzorca). Opis vzorca lahko vsebuje alfanumerične znake, pike in posebne znake `~!@#\$\$%-\_{}`. Presledki niso dovoljeni.
Če je ID vzorca, ki je povezan z opisom vzorca, znova uporabljen v poznejši izvedbi sekvenciranja, je začetni opis vzorca prepisan.
- Po potrebi spremenite priporočene položaje UDP. Priporočeni položaji vdolbinic za vzorec so označeni rumeno, vijolično, oranžno in roza.
Če uporabljate priporočene vdolbinice za vzorec, programska oprema samodejno dopolni vmesnike indeksa UDP, ki izpolnjujejo zahteve glede indeksne raznolikosti. Če izbrano število vzorcev ni točno število vzorcev, ki jih želite testirati, izberite vmesnike indeksa UDP za dodatne vdolbinice.
- [Izbirno]** Izberite **Export Samples** (Izvozi vzorce), da izvozite datoteko z informacijami o vzorcu.
- Izberite **Save Run** (Shrani izvedbo).

Uvoz vzorčnega lista

Podatke vzorca lahko uvozite iz datoteke z informacijami o vzorcu, ki ste jo predhodno izvozili iz modula DNA GenerateFASTQ Dx s funkcijo »Export Samples« (Izvozi vzorce) ali datoteke s predlogo, ki jo lahko ustvarite tako, da izberete možnost **Template** (Predloga) na zaslonu »Create Run« (Ustvari izvedbo). Navodila za ustvarjanje in izvažanje informacij o vzorcu so na voljo v razdelku *Ročni vnos vzorcev na strani 4*.

Datoteka s predlogo ne vključuje samodejno dopolnjenih priporočil UDP.

Urejanje datoteke s predlogo:

- Izberite **Template** (Predloga) na zaslonu »Create Run« (Ustvari izvedbo), da ustvarite novo postavitev ploščice. Datoteka s predlogo vključuje ustrezne naslove stolpcev za izvoz. Uredite datoteko v skladu s spodnjimi navodili.
 - Odprite vzorčni list v urejevalniku besedila.
 - Vnesite zahtevane informacije o vzorcu.

- c Shranite vsebino kot datoteko z vrednostmi, ločenimi z vejicami (*.csv). Prepričajte se, da so ID-ji vzorca enolični.

Uvoz informacij o vzorcu:

- 2 Izberite **Import Samples** (Uvozi vzorce), nato pa izberite datoteko CSV.
- 3 **[Izbirno]** Izberite **Export** (Izvozi), da izvozite informacije o vzorcu v zunanjo datoteko.
- 4 Izberite **Save Run** (Shrani izvedbo).

Urejanje izvedbe

Za navodila o urejanju podatkov v izvedbi pred sekvenciranjem glejte *Referenčna navodila za programsko opremo za Local Run Manager za MiSeqDx (dokument št. 200003931)*.

Načini analize

Modul za analizo DNA GenerateFASTQ Dx izvede te korake analize in zapiše datoteke z odčitki analize v mapo z usklajevanjem.

- ▶ Demultipleksiranje indeksnih odčitavanj
- ▶ Ustvarjanje datotek FASTQ

Demultipleksiranje

Demultipleksiranje primerja posamezne sekvence indeksnega odčitavanja z indeksnimi sekvencami določenih izvedb. V tem koraku niso upoštevane vrednosti kakovosti.

Indeksna odčitavanja so določena s temi koraki:

- ▶ Vzorci so oštevilčeni od 1 naprej po vrstnem redu, kot so navedeni za izvedbo sekvenciranja.
- ▶ Številka vzorca 0 je rezervirana za gruče, ki niso bile dodeljene vzorcu.
- ▶ Gruče so dodeljene vzorcu, ko se indeksna sekvenca točno ujema ali ko je na voljo največ eno neujemanje na indeksno odčitavanje.

Ustvarjanje datoteke FASTQ

Po izvedbi postopka demultipleksiranja programska oprema ustvari vmesne datoteke z analizo v obliki zapisa FASTQ, ki je besedilna oblika zapisa, uporabljena za predstavitev sekvenc. Datoteke FASTQ vključujejo odčitavanja za posamezne vzorce in povezane ocene kakovosti. Morebitne kontrole, uporabljene za izvedbo, in gruče, ki niso bile uspešno filtrirane, so izključeni.

Posamezne datoteke FASTQ vključujejo odčitavanja samo za en vzorec, ime vzorca pa je navedeno v imenu datoteke FASTQ. Datoteke FASTQ so primarni vnos za usklajevanje.

Ogled izvedbe in rezultatov

- 1 Na nadzorni plošči Local Run Manager izberite ime izvedbe sekvenciranja.
- 2 Na zavihku »Run Overview« (Pregled izvedbe) pregledajte metriko izvedbe sekvenciranja.
- 3 Če želite spremeniti mesto datoteke s podatki analize za namene nadaljnjih ponovnih premikov izbrane izvedbe sekvenciranja v čakalno vrsto, izberite ikono **Edit** (Uredi) in uredite pot datoteke v mapi z odčitki izvedbe sekvenciranja.
Imena mape z odčitki izvedbe sekvenciranja ni mogoče urediti.

- 4 **[Izbirno]** Izberite možnost **Copy to Clipboard** (Kopiraj v odložišče), da kopirate pot datoteke v mapi z odčitki izvedbe sekvenciranja.
- 5 Izberite zavihek »Sequencing Information« (Informacije o sekvenciranju), da si ogledate informacije o parametrih izvedbe in potrošnem materialu.
- 6 Izberite zavihek »Samples & Results« (Vzorci in rezultati), da si ogledate poročilo analize.
 - Če je bila analiza ponovno premaknjena v čakalno vrsto, izberite ustrezno analizo na spustnem seznamu »Select Analysis« (Izberi analizo).
 - V levi vrstici za krmarjenje izberite ID vzorca, da si ogledate poročilo za drug vzorec.
- 7 **[Izbirno]** Izberite možnost **Copy to Clipboard** (Kopiraj v odložišče), da kopirate pot datoteke v mapi z analizo.

Poročilo o rezultatih

Rezultati so povzeti na zavihku »Samples and Results« (Vzorci in rezultati).

Vzorci

Tabela 1 Tabela vzorcev

Naslov stolpca	Opis
»Sample ID« (ID vzorca)	ID vzorca, določen ob ustvarjanju izvedbe.
»Plate« (Ploščica)	Ploščica, ki je na voljo skupaj z indeksno ploščico, ko je bila ustvarjena izvedba. Ta stolpec je prikazan le, če je izbran indeksna ploščica AB.
»Index Well« (Indeksna vdolbinica)	Indeksna vdolbinica, ki je na voljo skupaj z lokacijo vdolbinice za vzorec, ko je bila ustvarjena izvedba.
»Description« (Opis)	Opis vzorca, ki je določen ob ustvarjanju izvedbe.
UDP	UDP, uporabljen z vzorcem.
»Control« (Kontrola)	Pozitivna ali negativna kontrola, uporabljena z vzorcem.

Indeksiranje

Tabela 2 Tabela indeksiranja

Naslov stolpca	Opis
»Index Number« (Številka indeksa)	Dodeljeni ID glede na vrstni red, kot so navedeni vzorci v tabeli vzorca.
»Sample ID« (ID vzorca)	ID vzorca, določen ob ustvarjanju izvedbe.
UDP	UDP, uporabljen z vzorcem.
»% Reads Identified (PF)« (% določenih odčitavanj (PF))	Odstotek odčitavanj, ki so uspešno filtrirana.

Datoteke z odčitki analize

Za modul za analizo DNA GenerateFASTQ Dx so ustvarjene te datoteke z odčitki analize.

Ime datoteke	Opis
Demultiplexing (*.demux)	Vmesne datoteke z rezultati demultipleksiranja.
FASTQ (*.fastq.gz)	Vmesne datoteke z dodelitvami baz z oceno kakovosti. Datoteke FASTQ so primarni vnos za korak usklajevanja.

Oblika zapisa datoteke demultipleksiranja

Pri postopku demultipleksiranja je odčitana indeksna sekvenca, ki je povezana s posamezno gručo, za določanje vrste vzorca, iz katerega izvira gruča. Preslikava med gručami in številka vzorca sta zabeleženi v datoteko demultipleksiranja (*.demux) za vsako ploščico pretočne celice.

Ime oblike zapisa datoteke demultipleksiranja je **s_1_X.demux**, kjer je X številka ploščice.

Datoteka demultipleksiranja se začne z glavo:

- ▶ Različica (4-bajtno celo število), trenutno 1
- ▶ Število gruč (4-bajtno celo število)

Preostali del datoteke je sestavljen iz številke vzorcev za posamezne gručice na ploščicah.

Ko je postopek demultipleksiranja dokončan, programska oprema ustvari datoteko demultipleksiranja, imenovano **DemultiplexSummaryF1L1.txt**.

- ▶ **F1** v imenu datoteke predstavlja številko pretočne celice.
- ▶ **L1** v imenu datoteke predstavlja številko pasa.
- ▶ Rezultat demultipleksiranja je prikazan v tabeli z eno vrstico na ploščico in enim stolpcem na vzorec, vključno z vzorcem 0.
- ▶ Najpogostejše sekvence v indeksnih odčitavanjih.

Oblika zapisa datoteke FASTQ

FASTQ je besedilna datoteka, ki vključuje dodelitve baze in vrednosti kakovosti na odčitavanje. Vsak zapis vsebuje 4 vrstice:

- ▶ Identifikator
- ▶ Sekvenca
- ▶ Znak plus (+)
- ▶ Ocene kakovosti Phred v šifrirani obliki zapisa ASCII + 33

Oblika zapisa identifikatorja:

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

Primer:

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

Dodatne datoteke z odčitki

Spodnje datoteke z odčitki zagotavljajo dodatne informacije ali povzetek rezultatov izvedbe sekvenciranja in napak analize. Čeprav te datoteke niso potrebne za ocenjevanje rezultatov analize, jih lahko uporabite za odpravljanje težav. Vse datoteke so na voljo v mapi z usklajevanjem, v kolikor ni drugače določeno.

Ime datoteke	Opis
AdapterTrimming.txt	Navedeno je število obrezanih baz in odstotek baz za posamezne ploščice. Ta datoteka je na voljo le, če je bilo za izvedbo določeno obrezovanje vmesnika.
AnalysisLog.txt	Dnevnik obdelave, kjer so opisani vsi koraki, izvedeni med analizo mape trenutne izvedbe. Ta mapa ne vključuje sporočil o napakah. Na voljo je v korenski ravni mape z izvedbo.
AnalysisError.txt	Dnevnik obdelave, kjer so navedene morebitne napake, ki so nastale med analizo. Če ni na voljo nobene napake, je ta datoteka prazna. Na voljo je v korenski ravni mape z izvedbo.
CompletedJobInfo.xml	Ta datoteka je ustvarjena po dokončani analizi in vključuje informacije o izvedbi, kot so datum, ID pretočne celice, različica programske opreme in drugi parametri. Na voljo je v korenski ravni mape z izvedbo.
Checksum.csv	Vključuje imena datotek in enolične vrednosti kontrolne vsote za določene in nedoločene datoteke FASTQ in BCL ter datoteko SampleSheetUsed.csv .
DemultiplexSummaryF1L1.txt	Vključuje rezultate demultipleksiranja v tabeli z eno vrstico na ploščico in enim stolpcem na vzorec.
GenerateFASTQRunStatistics.xml	Vključuje povzetek statističnih specifikacij za izvedbo. Na voljo je v korenski ravni mape z izvedbo.

Mapa z analizo

V mapi z analizo so shranjene datoteke, ki jih je ustvaril Local Run Manager.

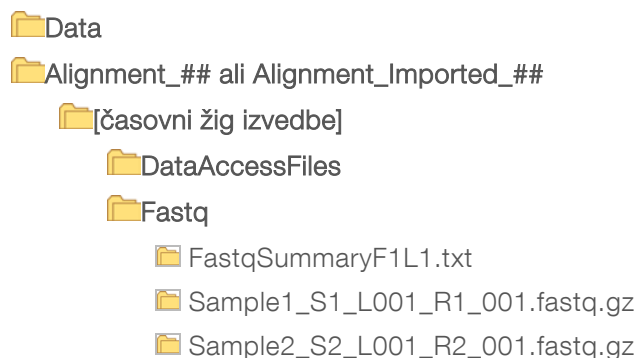
Odnos med mapo z odčitki in mapo z analizo je povzet na ta način:

- ▶ Med sekvenciranjem programska oprema Real-Time Analysis (RTA) (Analiza v realnem času) dopolni mapo z odčitki z datotekami, ustvarjenimi med analizo slik, dodelitvijo baze in oceno kakovosti.
- ▶ RTA kopira datoteke v mapo z analizo v realnem času. Ko RTA dodeli oceno kakovosti za posamezne baze posameznih ciklov, programska oprema zapiše datoteko RTAComplete.xml v obe mapi.
- ▶ Ko je datoteka RTAComplete.xml na voljo, se začne analiza.
- ▶ Med izvajanjem analize Local Run Manager zapiše datoteke z odčitki v mapo z analizo, nato pa kopira datoteke nazaj v mapo z odčitki.

Mape z usklajevanjem

Ob vsakem ponovnem premiku analize v čakalno vrsto ustvari Local Run Manager mapo z usklajevanjem, imenovano **Alignment_N**, kjer je N zaporedna številka.

Struktura mape



- 📁 Undetermined_S0_L001_R1_001.fastq.gz
- 📁 Undetermined_S0_L001_R2_001.fastq.gz
- 📁 **Logging**
 - 📁 BuildFastq0.stdout.txt
 - 📁 BuildFastq1.stdout.txt
 - 📁 commands.txt
- 📁 **Plots**
 - 📁 AdapterCounts.txt
 - 📁 AdapterTrimming.txt
 - 📁 AnalysisError.txt
 - 📁 AnalysisLog.txt
 - 📁 Checkpoint.txt
 - 📁 Checksum.csv
 - 📁 CompletedJobInfo.xml
 - 📁 DemultiplexSummaryF1L1.txt
 - 📁 GenerateFASTQRunStatistics.xml
 - 📁 SampleSheetUsed.csv

Dodelitev baze in indeksna raznolikost

Pri sekvenciranju vzorcev z instrumentom MiSeqDx je z dodelitvijo baze določena baza (A, C, G ali T) za posamezne gruče določene ploščice ali območje zajemanja slik na pretočni celici v določenem ciklu. Instrument MiSeqDx uporablja štirikanalno sekvenciranje, kjer so za kodiranje podatkov za štiri baze DNK potrebne štiri slike – dve iz rdečega kanala in dve iz zelenega kanala.

Postopek indeksnega odčitavanja za dodelitev baz se razlikuje od dodelitev baz med drugimi odčitavanji.

Če indeksi ne ustrezajo zahtevam glede raznolikosti, je pri izbiri indeksov med ustvarjanjem izvedbe prikazano opozorilo za nizko raznolikost. Če želite preprečiti prikaz opozorila za nizko raznolikost, izberite indekse sekvence, ki zagotavljajo signal v obeh kanalih za posamezne cikle.

- ▶ Rdeči kanal – A ali C
- ▶ Zeleni kanal – G ali T

Ta postopek dodelitve baze zagotavlja natančnost pri analiziranju vzorcev z malo združitvami. Za informacije o sekvencah indeksov glejte *Navodila za uporabo za Illumina DNA Prep With Enrichment Dx*.

Med ustvarjanjem izvedbe v programski opremi Local Run Manager morate izbrati število vzorcev, ki jih želite testirati. Programska oprema samodejno dopolni predlagane indeksne kombinacije, ki ustrezajo zahtevam glede indeksne raznolikosti. Čeprav uporaba predlaganih indeksnih kombinacij UDP ni zahtevana, je priporočena.

Zgodovina revizij

Dokument	Datum	Opis spremembe
Dokument št. 200015661 v01	Maj 2022	Dodani naslovi za sponzorja za Avstralijo. Pojasnjena omejitev glede opisa vzorca.
Dokument št. 200015661 v00	Feb. 2022	Prva izdaja

Tehnična podpora

Če želite tehnično pomoč, se obrnite na tehnično podporo družbe Illumina.

Spletno mesto: www.illumina.com
E-pošta: techsupport@illumina.com

Telefonske številke tehnične podpore družbe Illumina

Regija	Brezplačna št.	Regionalna št.
Severna Amerika	+1 800 809 4566	
Avstralija	+1 800 775 688	
Avstrija	+43 800006249	+43 19286540
Belgija	+32 80077160	+32 34002973
Danska	+45 80820183	+45 89871156
Finska	+358 800918363	+358 974790110
Francija	+33 805102193	+33 170770446
Hongkong, Kitajska	800960230	
Irska	+353 1800936608	+353 016950506
Italija	+39 800985513	+39 236003759
Japonska	0800.111.5011	
Južna Koreja	+82 80 234 5300	
Kitajska	400 066 5835	
Nemčija	+49 8001014940	+49 8938035677
Nizozemska	+31 800 022 2493	+31 207 132 960
Norveška	+47 800 16836	+47 21939693
Nova Zelandija	0800 451 650	
Singapur	+1 800 579 2745	
Španija	+34 911899417	+34 800300143
Švedska	+46 850619671	+46 200883979
Švica	+41 565800000	+41 800200442
Tajvan, Kitajska	00806651752	
Združeno kraljestvo	+44 8000126019	+44 2073057197
Druge države	+44 1799 534000	

Varnostni listi – na voljo na spletnem mestu družbe Illumina na naslovu support.illumina.com/sds.html.

Dokumentacija izdelka – na voljo za prenos na spletnem mestu support.illumina.com.



Illumina

5200 Illumina Way

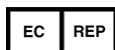
San Diego, California 92122 U.S.A.

+1.800.809.ILMN (4566)

+1.858.202.4566 (zunaj Severne Amerike)

techsupport@illumina.com

www.illumina.com



Illumina Netherlands B.V.

Steenoven 19

5626 DK Eindhoven

Nizozemska

Sponzor za Avstralijo

Illumina Australia Pty Ltd

Nursing Association Building

Level 3, 535 Elizabeth Street

Melbourne, VIC 3000

Avstralija

SAMO ZA DIAGNOSTIČNO UPORABO IN VITRO

© 2022 Illumina, Inc. Vse pravice so pridržane.

illumina®