

# NovaSeq™ 6000 Sequencing System

Unübertroffene Analyseleistung  
für genauere Erkenntnisse

- Anpassen der Datenausgabe, der Zeit bis zum Ergebnis und der Kosten pro Probe für jede Studie
- Konfigurieren der Sequenzierungsmethode, des Fließzellentyps und der Read-Länge für eine breite Palette von Anwendungen
- Höhere Laboreffizienz durch einen vereinfachten Workflow und geringeren manuellen Aufwand

**illumina**®

## Einleitung

Das NovaSeq 6000 System ([Abbildung 1](#)) läutet mit bahnbrechenden Innovationen eine neue Ära der Sequenzierung ein. Dank seines Durchsatzes, seiner Geschwindigkeit und seiner Flexibilität lassen sich Projekte erheblich schneller und wirtschaftlicher durchführen als je zuvor. Durch die Nutzung der bewährten NGS-Technologie (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) von Illumina sowie von mehreren Fließzellentypen, zwei Workflows für das Laden von Bibliotheken und verschiedenen Kombinationen von Read-Längen ermöglicht das NovaSeq 6000 System eine effektive Skalierung des Durchsatzes für praktisch alle Studienanforderungen.

Anwendungen, die große Datenmengen erfordern, etwa die Genom-Sequenzierung (WGS, Whole-Genome Sequencing), die ultratiefe Exom-Sequenzierung (WES, Whole-Exome Sequencing) und die Transkriptom-Sequenzierung, lassen sich nun kostengünstiger realisieren. Das individuelle Beladen von Lanes mit dem NovaSeq Xp-Workflow bietet zusätzliche Flexibilität, da in jeder Fließzellen-Lane unterschiedliche Bibliothekspools sequenziert werden können. In Kombination mit Fließzellen mit geringerer Ausgabeleistung kann dasselbe Gerät für weniger datenintensive Verfahren verwendet werden. Der einfache Betrieb und die Integration mit Tools für die Datenspeicherung und -analyse, die zur Optimierung des Versuchsworkflows insgesamt beitragen, sind für jedes Projekt von Vorteil, unabhängig von dessen Umfang oder Zielsetzung. Ganz gleich, ob Sie nur ein einzelnes oder viele NGS-Systeme betreiben: Das NovaSeq 6000 System eröffnet ganz neue Möglichkeiten für eine breite Palette von Probenotypen, Sequenzierungsmethoden und Anwendungen.

## Skalierbare Plattform

Das NovaSeq 6000 System bietet Zugang zu einer leistungsfähigen Hochdurchsatz-Genomiklösung und ermöglicht es Benutzern, den Durchsatz und die Kosten je Probe für ihre Studien genau auf ihre Forschungsziele abzustimmen.

### Abstimmung der Datenausgabe auf die Projektanforderungen

Das NovaSeq 6000 System bietet eine Ausgabeleistung von bis zu 6 Tb und 20 Mrd. Reads per Lauf mit zwei S4-Fließzellen in weniger als 2 Tagen. Verschiedene Kombinationen aus Fließzellentypen und Read-Längen ermöglichen flexible Ausgabe- und Laufzeitkonfigurationen basierend auf den Projektanforderungen ([Tabelle 1](#)).



Abbildung 1: NovaSeq 6000 System: Neue Möglichkeiten bei der Sequenzierung durch die Kombination von Durchsatz, Flexibilität und Benutzerfreundlichkeit für praktisch alle Verfahren, Genome und Volumen.

Die Fließzellen NovaSeq S Prime (SP), S1 und S2 ermöglichen eine schnelle und leistungsfähige Sequenzierung für die meisten Anwendungen mit hohem Durchsatz. Mit weniger Reads als bei einer HiSeq™ 2500- oder HiSeq 4000-Fließzelle und der Option, Lanes einzeln zu beladen, erleichtern die NovaSeq SP- und die NovaSeq S1-Fließzelle Benutzern, die bereits mit einem HiSeq-System arbeiten, die Umstellung, ohne dass zusätzliche Proben pro Lauf erforderlich wären (Vergleichs-Reads für das HiSeq 2500 System basierend auf den Spezifikationen für das HiSeq SBS Kit v4). Die NovaSeq S4-Fließzelle ermöglicht die kostengünstige Sequenzierung mit hohem Durchsatz bei zahlreichen Anwendungen, sodass die Durchführung von WGS- oder WES-Studien im eigenen Haus für immer mehr Labore attraktiv und erschwinglich wird.

## Flexible Leistung

Das NovaSeq 6000 System bietet eine enorme Flexibilität bei den Sequenzierungsoptionen und eignet sich damit für eine breite Palette von Anwendungen ([Abbildung 2](#)). Vier Fließzellentypen (SP, S1, S2 und S4) lassen sich nach Belieben miteinander kombinieren und es können eine oder zwei Fließzellen gleichzeitig verwendet werden. Außerdem stehen mehrere Read-Längen zur Auswahl. So lassen sich die Ausgabe und der Probendurchsatz problemlos für jeden Sequenzierungslauf anpassen ([Tabelle 1](#)).

Tabelle 1: Spezifikationen der Fließzellen für das NovaSeq 6000 System

Fließzellentyp	SP	S1	S2	S4
Lanes pro Fließzelle	2	2	2	4
Ausgabe pro Fließzelle <sup>a</sup>				
1 × 35 bp	n. z.	n. z.	n. z.	280–350 Gb
2 × 50 bp	65–80 Gb	134–167 Gb	333–417 Gb	n. z.
2 × 100 bp	134–167 Gb	266–333 Gb	667–833 Gb	1.600–2.000 Gb
2 × 150 bp	200–250 Gb	400–500 Gb	1.000–1.250 Gb	2.400–3.000 Gb
2 × 250 bp	325–400 Gb	n. z.	n. z.	n. z.
Einzelne Reads (CPF)	0,65–0,8 Mrd.	1,3–1,6 Mrd.	3,3–4,1 Mrd.	8–10 Mrd.
PE-Reads (CPF)	1,3–1,6 Mrd.	2,6–3,2 Mrd.	6,6–8,2 Mrd.	16–20 Mrd.
Qualitäts-Scores <sup>b</sup>				
1 × 35 bp	Q30 ≥ 90 %			
2 × 50 bp	Q30 ≥ 90 %			
2 × 100 bp	Q30 ≥ 85 %			
2 × 150 bp	Q30 ≥ 85 %			
2 × 250 bp	Q30 ≥ 75 %			
Laufzeit <sup>c</sup>				
1 × 35 bp	n. z.	n. z.	n. z.	ca. 14 h
2 × 50 bp	ca. 13 h	ca. 13 h	ca. 16 h	n. z.
2 × 100 bp	ca. 19 h	ca. 19 h	ca. 25 h	ca. 36 h
2 × 150 bp	ca. 25 h	ca. 25 h	ca. 36 h	ca. 44 h
2 × 250 bp	ca. 38 h	n. z.	n. z.	n. z.

a. Die Spezifikationen zu Ausgabe und Read-Anzahl basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten. Das NovaSeq 6000 System kann eine oder zwei Fließzellen gleichzeitig verarbeiten.

b. Die Qualitäts-Scores basieren auf einem Lauf mit den NovaSeq 6000 SP, S2 und S4 Reagent Kits v1.5 auf einem NovaSeq 6000 System mit einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren.

c. Die Laufzeiten basieren auf der Durchführung mit zwei Fließzellen desselben Typs. Die Verwendung von zwei unterschiedlichen Fließzellen wirkt sich auf die Laufdauer aus.

n. z., nicht zutreffend; CPF, Clusters Passing Filter (Cluster nach Filterung); PE, Paired-End

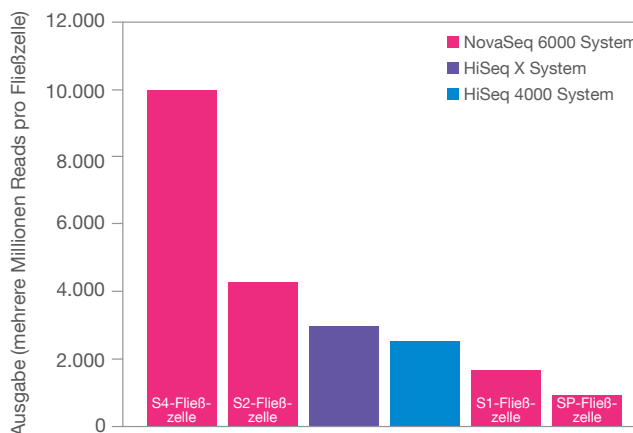


Abbildung 2: Das NovaSeq 6000 System bietet den größten Ausgabebereich: Das NovaSeq 6000 System generiert im Modus mit einer Fließzelle Daten von 80 Gb und 800 Mio. Reads bis zu 3 Tb und 10 Mrd. Reads. Im Modus mit zwei Fließzellen ist eine Ausgabe von bis zu 6 Tb und 20 Mrd. Reads möglich. Durch die konfigurierbare Ausgabe eignet sich das NovaSeq 6000 System für eine breite Palette von Anwendungen.

### Maximale Konfigurierbarkeit beim Laden der Bibliothek

Das NovaSeq 6000 System bietet zwei Methoden für das Laden der Fließzelle: den NovaSeq Xp- und den Standard-Workflow.

#### NovaSeq Xp-Workflow

Der optionale, separat erhältliche NovaSeq Xp-Workflow ermöglicht es, jede Fließzellen-Lane einzeln zu beladen und unterschiedliche Projekte oder Methoden zwischen Lanes zu trennen. Der NovaSeq Xp-Workflow erlaubt zudem das Multiplexing der Proben innerhalb einer Lane, wodurch die Gesamtzahl der Proben pro Fließzelle maximiert werden kann (z. B. 96-Plex pro Lane in jeder der vier Lanes auf der NovaSeq S4-Fließzelle für insgesamt 384 Proben). Darüber hinaus erfordert dieses Multiplexing eine geringere DNA-Zugabe im Vergleich zum Standard-Workflow.

Der NovaSeq Xp-Workflow kann alternativ zur im Gerät integrierten Standard-Clusterbildung verwendet werden. Er besteht aus dem NovaSeq Xp Kit mit Reagenzien und einem Einweg-Manifold für das Laden der Proben und erfordert das NovaSeq Xp Flow Cell Dock mit den Fließzellen zum Laden. Der NovaSeq Xp-Workflow ist mit den Automatisierungsfunktionen kompatibel.

## Standard-Workflow

Zum schnelleren Laden der Proben bietet das NovaSeq 6000 System den Standard-Workflow mit einer vollständig automatisierten und im Gerät integrierten Clusterbildung, womit der manuelle Aufwand geringer ist. Vorbereitete Bibliotheken werden direkt in ein Probenröhrchen geladen, das sich in einer vorkonfigurierten Reagenzienkartusche befindet. Diese wird zur automatisierten Clusterbildung direkt in das System geladen.

## Große Bandbreite an Sequenzierungsmethoden

Das NovaSeq 6000 System ist mit zahlreichen Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina kompatibel und unterstützt ein breites Spektrum von Methoden wie Expressions-Profilung, WGS und mehr ([Tabelle 2](#)).

Tabelle 2: NovaSeq 6000 System – Anwendungen

<b>Gesamtgenom-Sequenzierung</b>
Illumina DNA PCR-Free Prep
Illumina DNA Prep
<b>Gezielte Resequenzierung</b>
Illumina DNA Prep with Enrichment + Illumina Exome Panel
Illumina RNA Prep with Enrichment + Illumina Exome Panel
<b>RNA-Sequenzierung</b>
Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus
Illumina Stranded mRNA Library Prep
<b>Epigenetische Sequenzierung</b>
TruSeq Methyl Capture EPIC
<b>Eindeutige doppelte Indizierung</b>
IDT for Illumina DNA/RNA UD Indexes, Tagmentation (384 Indizes in den Sets A–D)
Die aufgeführten Bibliotheksvorbereitungsmethoden sind nur einige, die für das NovaSeq 6000 System verfügbar sind. Eine vollständige Liste finden Sie unter <a href="http://www.illumina.com">www.illumina.com</a> .

## Optimierter Betrieb

Das NovaSeq 6000 System verfügt über mehrere hochmoderne Funktionen für eine höhere Laboreffizienz ([Abbildung 3](#)):

- Load-and-go-Reagenzienkartuschen erfordern gegenüber den Systemen der HiSeq-Serie 80 % weniger Verbrauchsmaterialien.
- Gebrauchsfertige Reagenzien erfordern keine andere Vorbereitung als Auftauen und Inversion, wodurch Eingriffe des Benutzers entfallen. Dadurch werden Handhabungsfehler reduziert und der Zeitaufwand für die Laufkonfiguration verringert sich erheblich.
- RFID-codierte Verbrauchsmaterialien ermöglichen eine automatisierte Verfolgung von Reagenzien und stellen die Kompatibilität aller Sequenzierungsreagenzien und Fließzellen sicher.
- Das automatische Laden der Fließzellen und die geräteinterne Clusterbildung minimieren den manuellen Aufwand.
- Die längere Haltbarkeit der Reagenzien ermöglicht die effiziente Planung künftiger Projekte.
- Ein 35-Zyklus-Kit vergrößert das Anwendungsspektrum, zu dem auch der COVIDSeq™ Test und Zählungsanwendungen gehören, bei geringeren Kosten pro Read.
- Die verbesserte Reagenzienchemie optimiert den Workflow, erhöht die Anzahl der UMIs (Unique Molecular Identifiers, eindeutige molekulare Identifikatoren) für komplexere Indizierungsstrategien und unterstützt ein breites Spektrum an Illumina-Bibliotheksvorbereitungslösungen ([Tabelle 2](#)).

## Hochmoderne Technologie

Das NovaSeq 6000 System ermöglicht die leistungsstarke, einfache, skalierbare und zuverlässige Hochdurchsatzsequenzierung, die Daten von herausragender Qualität liefert. Das Gerät nutzt die bewährte Chemie zur Sequenzierung durch Synthese (SBS, Sequencing by Synthesis) von Illumina. Diese proprietäre Methode auf der Basis reversibler Terminatoren ermöglicht die massiv-parallele Sequenzierung von Milliarden von DNA-Fragmenten. Dabei werden einzelne Basen erkannt, während sie in wachsende DNA-Stränge eingebaut werden. Diese Methode reduziert deutlich Fehler und verpasste Calls in Verbindung mit Abfolgen wiederholter Nukleotide (Homopolymere).

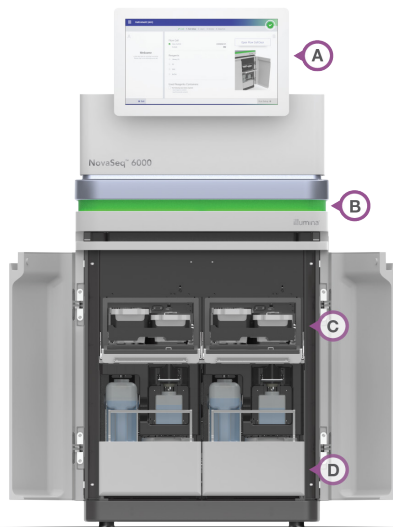


Abbildung 3: Einfacher Betrieb: Zahlreiche Merkmale des NovaSeq 6000 System sind speziell darauf ausgerichtet, genomische Studien zu vereinfachen. Hierzu zählen: a) eine intuitive Touchscreen-Benutzeroberfläche, b) ein beleuchtetes LED-Display, das den Fließzellenstatus angibt, c) einrastende Kartuschen mit gebrauchsfertigen Reagenzien und d) für die Entsorgung einfach zu entnehmende Abfallbehälter.

## Geniales Design

Das NovaSeq 6000 System vereint Hochleistungsbildgebung und strukturierte Fließzellen, was den Durchsatz massiv erhöht. Die hochwertige Optik sorgt für schnelles Scannen mit hoher Auflösung und trägt dazu bei, dass das NovaSeq 6000 System die Sequenzierungsplattform von Illumina mit dem bislang höchsten Durchsatz ist. Jede NovaSeq-Fließzelle enthält Milliarden von Nanowells an festen Positionen, was gleichmäßige Clusterabstände und eine einheitliche Funktionsgröße ermöglicht. Dank dem geringeren Abstand zwischen den Nanowells zeichnen sich die NovaSeq-Fließzellen durch eine deutlich höhere Clusterdichte aus. Durch die höhere Clusterdichte in Kombination mit der proprietären Clusterbildung der Ausschlussamplifikation wird die Anzahl der Nanowells, die mit DNA-Clustern aus einer einzelnen DNA-Matrize belegt sind, maximiert, wodurch sich eine deutlich höhere Datenausgabe erzielen lässt.

## Umfassender NGS-Workflow (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation)

Das NovaSeq 6000 System ist der Eckpfeiler eines Ökosystems für die Sequenzierung, das Workflow-Management, manuelle oder automatische Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung, Datenanalyse und -interpretation sowie Service und Support umfasst (Abbildung 4).

## Laborinformations- und Managementsystem (LIMS)

Das NovaSeq 6000 System ist ab Werk vollständig mit BaseSpace™ Clarity LIMS kompatibel. Mit einem LIMS können Labore dank einer umfassenden Verfolgung von Proben und Reagenzien, automatisierten Workflows sowie einem integrierten Gerätebetrieb die Betriebseffizienz steigern. BaseSpace Clarity LIMS bietet eine intuitive Benutzeroberfläche sowie vorkonfigurierte Workflows, die eine schnelle Implementierung für eine sofortige Prozessverfolgung und Skalierung ermöglichen. Das NovaSeq 6000 System kann auch in eigenentwickelte und von Drittanbietern bereitgestellte LIMS integriert werden.

## Automatische Bibliotheksvorbereitung

Illumina hat zusammen mit führenden Anbietern automatischer Liquid-Handling-Systeme verschiedene „Illumina Qualified“-Methoden entwickelt (Tabelle 2). Die Bezeichnung „Illumina Qualified“ bedeutet, dass mit diesen Methoden vorbereitete Bibliotheken hinsichtlich der Leistung mit manuell vorbereiteten Bibliotheken vergleichbar sind. „Illumina Qualified“-Methoden können in kürzester Zeit installiert und sofort in jedem Labor eingesetzt werden. Damit werden zeit- und kostenintensive Entwicklungsarbeiten vermieden. Durch die Automatisierung der Bibliotheksvorbereitung wird versuchsübergreifend eine höhere Einheitlichkeit erreicht, Fehler werden vermieden, der manuelle Aufwand wird verringert und ein höherer Durchsatz wird erzielt. Die Benutzer profitieren somit von der beispiellosen Produktivität des NovaSeq 6000 System.

## Datenanalyse und -interpretation

Auf dem NovaSeq 6000 System generierte Daten können in BaseSpace Sequence Hub übertragen werden, eine benutzerfreundliche Plattform für Genomik-Cloud-Computing, die für die Verarbeitung großer Datenmengen ausgelegt ist. BaseSpace Sequence Hub vereinfacht die Datenverwaltung, -analyse und -speicherung. Benutzer haben dort Zugriff auf



Abbildung 4: NGS-Workflow mit dem NovaSeq 6000 System: Das NovaSeq 6000 System ist mit BaseSpace Clarity LIMS, dem Portfolio der Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina, dem Illumina Qualified Methods-Support, mit Datenanalyselösungen wie der DRAGEN Bio-IT Plattform und BaseSpace Sequence Hub sowie Tools für die nachgeschaltete Dateninterpretation wie der TruSight Software Suite und der BaseSpace Correlation Engine kompatibel.

die DRAGEN™ Bio-IT Plattform (Dynamic Read Analysis for GENomics), die die genaue und ultraschnelle Sekundäranalyse von NGS-Daten ermöglicht, sowie auf zahlreiche BaseSpace-Apps für Tool-Alignment, Variantenerkennung, Annotation, Visualisierung und vieles mehr. Die Software des NovaSeq-Systems generiert FASTQ-Dateien mit Base-Calls und Qualitäts-Scores, die in der nachgeschalteten Analyse (z. B. In-house-Pipelines) eingesetzt werden können.

Zur Unterstützung der Dateninterpretation bietet Illumina die TruSight™ Software Suite und BaseSpace Correlation Engine. Die TruSight Software Suite enthält intuitive und umfassende Tools für die Visualisierung, Triage und Interpretation von Varianten in Zusammenhang mit genetischen Erkrankungen. Die BaseSpace Correlation Engine integriert Daten in die weltweite Genomik-Knowledgebase und ermöglicht so den Vergleich mit einem umfassenden, kuratierten Bestand öffentlich zugänglicher Datensätze.

## Zusammenfassung

Das NovaSeq 6000 System erschließt allen Forschern umfangreichere Möglichkeiten der NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation). Mit einem beispiellos skalierbaren Durchsatz, enormer Flexibilität für eine breite Palette von Anwendungen sowie einem optimierten Betrieb ist das NovaSeq 6000 System das bisher leistungsfähigste Hochdurchsatz-Sequenziersystem von Illumina. Mit ihm sind die Benutzer bestens dafür aufgestellt, das Genom besser als je zuvor zu erforschen.

## Weitere Informationen

NovaSeq 6000 System, [illumina.com/novaseq](http://illumina.com/novaseq)

### Bestellinformationen

System	Katalog-Nr.
NovaSeq 6000 System	20013850
Sequenzierungsreagenzien-Kits	Katalog-Nr.
NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028401
NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20040719
NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028400
NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (500 cycles)	20028402
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028319
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028318
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028317
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028316
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028315
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028314
NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (35 cycles)	20044417
NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028313
NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028312
Sequenzierungsreagenzien-Kits	Katalog-Nr.
NovaSeq Xp Flow Cell Dock	20021663
NovaSeq Xp 2-Lane Kit v1.5	20043130
NovaSeq Xp 4-Lane Kit v1.5	20043131

## NovaSeq 6000 System – Spezifikationen

### Spezifikationen

#### Gerätekonfiguration

Computer und Touchscreen-Bildschirm  
Für die Installation erforderliche Ausstattung und Zubehör  
Datenerfassungs- und Analysesoftware

#### Gerätesteuerungscomputer

Basiseinheit: Portwell WADE-8022 mit Intel i7 4700EQ-CPU  
Arbeitsspeicher: 2 × 8 GB DDR3L SODIMM. Festplatte: keine  
SSD: 256 GB mSATA  
Betriebssystem: Windows 10  
Hinweis: Die Computerkonfigurationen werden regelmäßig aktualisiert. Die aktuelle Konfiguration erhalten Sie von Ihrem zuständigen Kundenbetreuer.

#### Betriebsbedingungen

Temperatur: 19 °C bis 25 °C (22 °C ± 3 °C), < 2 °C Änderung/  
Stunde Feuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend)  
Höhe: unter 2.000 m  
Belüftung: maximal 8.530 BTU/h, durchschnittlich 6.000 BTU/h  
Nur für den Innengebrauch

#### Laser

Laserprodukt der Klasse 1 mit integrierten Lasern der Klasse IV:  
532 nm, 660 nm, 780 nm, 790 nm

#### Abmessungen

B × T × H: 80,0 cm × 94,5 cm × 165,6 cm mit Monitor. Gewicht:  
481 kg, einschließlich 3,5 kg für die Auffangschale und 0,9 kg für  
Tastatur und Maus, Bruttogewicht: 628 kg

#### Leistungsbedarf

200–240 V Wechselstrom, 50/60Hz, 16 A, einphasig, 2.500 W  
Eine landesspezifische unterbrechungsfreie Stromversorgung  
ist im Lieferumfang des Geräts enthalten.

#### RFID (Radio Frequency Identification)

Frequenz: 13,56 MHz  
Leistung: Versorgungsspannung 3,3 Volt Gleichstrom ± 5 %,  
Versorgungsstrom 120 mA, RF-Ausgangsleistung 200 mW

#### Netzwerkverbindung

Dedizierte 1-GB-Verbindung zwischen dem Gerät und dem  
Datenverwaltungssystem. Stellen Sie diese Verbindung direkt  
oder über ein Netzwerk her.

#### Bandbreite für Netzwerkverbindung

200 MB/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads  
200 MB/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-Uploads  
5 MB/s je Gerät für Uploads von Betriebsdaten des Geräts

# illumina®

+1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566  
(Tel. außerhalb der USA)  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2022 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken  
sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer.  
Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter  
[www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-00271 v2.0 DEU