

TruSight™ Hereditary Cancer Panel

NGS-Krebsforschungspanel
mit 113 Genen, die mit
einem genetischen Risiko
assoziiert sind

- Untersuchung von Keimbahnmutationen, die mit einem Krebsrisiko assoziiert sind, anhand umfassender, von Experten ausgewählter Panelinhalte
- Anreicherung und Vorbereitung sequenzierungsfähiger Bibliotheken in 6,5 Stunden bei lediglich 2 Stunden manuellem Aufwand
- Hervorragende Coverage-Einheitlichkeit für eine hochgenaue Bestimmung von SNVs (Single Nucleotide Variants, Einzelnukleotid-Varianten), Indels (Insertionen/Deletionen) und CNVs (Copy Number Variations, Kopienzahlvarianten)
- Sequenzierung von 2–256 Proben pro Lauf auf den Tischsequenziersystemen von Illumina je nach erforderlichem Durchsatz



Einleitung

Genetischen Varianten kommt eine wichtige Rolle bei der Bestimmung der Krebsprädisposition zu. Das TruSight Hereditary Cancer Panel ermöglicht Forschern die umfassende Untersuchung der Gene, in denen sich diese Varianten befinden. Das gemeinsam mit Experten für Krebsgenomik entwickelte TruSight Hereditary Cancer Panel dient zur gezielten Sequenzierung bei der Beurteilung von Keimbahnmutationen bei 113 Genen und 125 Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs, Single Nucleotide Polymorphisms) für die Bestimmung von Varianten und das polygene Risiko-Scoring.

Der Assay nutzt vorgefertigte, gebrauchsfertige Oligo-Sonden, die alle exonischen Regionen und 20 bp angrenzender intronischer Regionen für jedes Zielgen abdecken. Die Bibliotheken werden mit der in Illumina DNA Prep with Enrichment enthaltenen Hybriderfassungsschemie vorbereitet.* Illumina DNA Prep with Enrichment ermöglicht die schnelle und effiziente Bibliotheksvorbereitung anhand einer innovativen beadbasierten Chemie mit einem vereinfachten, einzelnen Hybridisierungsschritt. Illumina DNA Prep with Enrichment ist mit allen Illumina-Tischsequenziersystemen kompatibel und ermöglicht die flexible Versuchsplanung über einen breiten Probendurchsatz (Tabelle 1).¹ Dank der Kombination der Geschwindigkeit von Illumina DNA Prep with Enrichment mit dem MiSeq™ System lässt sich der gesamte Workflow (Abbildung 1) von der Probe bis zu den Daten in 48 Stunden durchführen.

* Illumina DNA Prep wurde früher als Nextera™ DNA Flex Library Prep Kit bezeichnet. Die beiden Kits verwenden die gleiche Tagmentierungsschemie. Produktleistungsspezifikationen und Kitkonfigurationen sind identisch.

Tabelle 1: TruSight Hereditary Cancer Panel – Spezifikationen

Parameter	Details
Unterstützte Sequenziersysteme	iSeq™ 100 System, MiniSeq™ System, MiSeq System, MiSeqDx System (im Forschungsmodus), NextSeq™ 550 System, NextSeq 550Dx System (im Forschungsmodus)
Panelgröße	403 kb, 113 Gene (einschließlich aller Exone), 125 SNPs (48 ID-SNPs und 77 SNPs für das polygene Risiko-Scoring)
Anzahl der Sonden	10.341 Oligo-Sonden
Probentyp	Genomische DNA, Blut ^a oder Speichel ^a
DNA-Zugabe	50–1.000 ng DNA
Assay-Zeit insgesamt	48 Stunden von der DNA bis zur Datenanalyse
Dauer der Bibliotheksvorbereitung	6,5 Stunden insgesamt, 2 Stunden manueller Aufwand
Probendurchsatz	384 Indizes verfügbar für variablen Durchsatz von 2–256 Proben pro Lauf bei einer durchschnittlichen Coverage von 300× (minimale Coverage von 100×)
Proben je Röhrenchen	8 Anreicherungen (bis zu 12 Proben je Anreicherung)

a. Für die Extraktion direkt aus Blut oder Speichel ist das Flex Lysis Reagent Kit (Illumina, Katalog-Nr. 20018706) erforderlich.

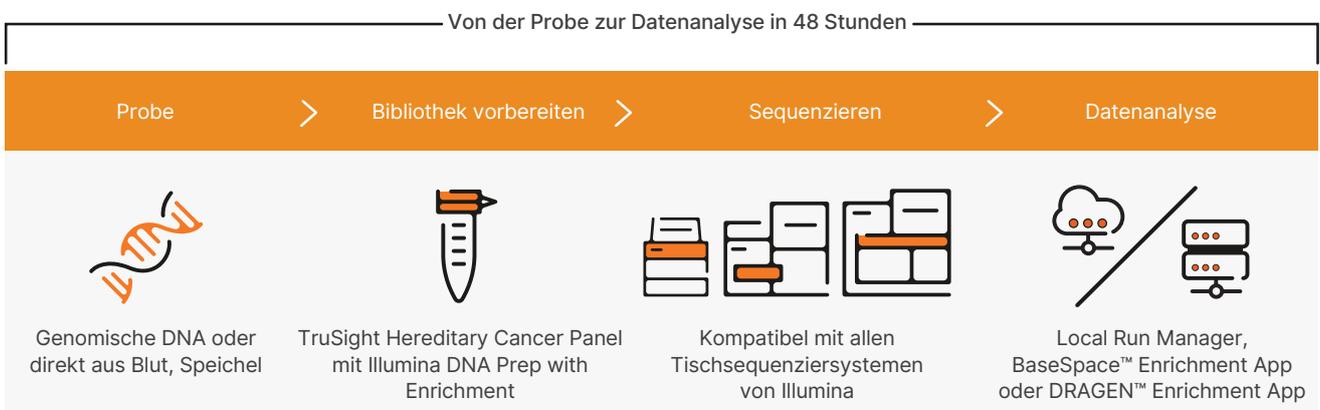


Abbildung 1: Schneller, flexibler NGS-Workflow: Das TruSight Hereditary Cancer Panel wurde mit der Illumina DNA Prep with Enrichment-Bibliotheksvorbereitungsschemie entwickelt, die Schritte zur Bibliotheksvorbereitung und Anreicherung umfasst. Ein schneller, optimierter Workflow, der in nur 6,5 Stunden vollständig angereicherte Bibliotheken generiert. TruSight Hereditary Cancer ist mit den Systemen der Serien iSeq 100, MiniSeq und MiSeq sowie mit dem NextSeq System kompatibel.

Flexibler Durchsatz mit Illumina-Sequenziersystemen

Das TruSight Hereditary Cancer Panel ist mit zahlreichen Illumina-Sequenziersystemen kompatibel und ermöglicht so Flexibilität und Kontrolle über Versuchsanordnungen. Anwender können Geräte und Reagenzien-Kits passend zu den jeweiligen Laboranforderungen auswählen. Der Probendurchsatz kann 2–256 Proben pro Lauf umfassen (Tabelle 2).

Umfassendes Inhaltsdesign

Das TruSight Hereditary Cancer Panel deckt zahlreiche Gene ab, die häufig mit einer Prädisposition für erbliche Krebsarten (Brust-, Dickdarm-, Eierstock-, Magenkrebs) in Verbindung gebracht werden (Abbildung 2). Der Inhalt wurde unter Mitwirkung wichtiger Meinungsführer im Bereich der Einschätzung genetischer Risiken aus Deutschland, Frankreich und dem Vereinigten Königreich entwickelt. Das Panel enthält 10.341 Sonden für 113 Gene (Tabelle 3), die mit einer Krebsprädisposition in Zusammenhang gebracht und in Populationsstudien (Fall- und Kontrollgruppen) evaluiert wurden. Ebenso sind 48 SNPs zur Bestimmung von Identität und Geschlecht sowie 77 SNPs für den polygenen Risiko-Score BOADICEA enthalten.^{2,3} Die Analyse ermöglicht die Bestimmung von Einzelnukleotid-Varianten (SNVs, Single-Nucleotide Variants), Insertionen/Deletionen (Indels) und Kopienzahlvarianten (CNVs, Copy Number Variants) mit einem einzelnen Assay (Tabelle 4, Tabelle 5).

Tabelle 3: TruSight Hereditary Cancer Panel – Geninhalt

<i>ACD</i>	<i>DIS3L2</i>	<i>GREM1</i>	<i>PIK3CA</i>	<i>SDHD</i>
<i>AIP</i>	<i>EPCAM</i>	<i>HOXB13</i>	<i>PMS2</i>	<i>SLX4</i>
<i>AKT1</i>	<i>ERCC1</i>	<i>KIF1B</i>	<i>POLD1</i>	<i>SMAD4</i>
<i>APC</i>	<i>ERCC2</i>	<i>KIT</i>	<i>POLE</i>	<i>SMARCA4</i>
<i>ATM</i>	<i>ERCC3</i>	<i>LZTR1</i>	<i>POT1</i>	<i>SMARCB1</i>
<i>BAP1</i>	<i>ERCC4</i>	<i>MAX</i>	<i>PRKAR1A</i>	<i>SMARCE1</i>
<i>BARD1</i>	<i>ERCC5</i>	<i>MEN1</i>	<i>PTCH1</i>	<i>SPINK1</i>
<i>BLM</i>	<i>FAM175A</i>	<i>MET</i>	<i>PTEN</i>	<i>SPRED1</i>
<i>BMPR1A</i>	<i>FANCA</i>	<i>MITF</i>	<i>RAD50</i>	<i>STK11</i>
<i>BRCA1</i>	<i>FANCB</i>	<i>MLH1</i>	<i>RAD51</i>	<i>SUFU</i>
<i>BRCA2</i>	<i>FANCC</i>	<i>MRE11A</i>	<i>RAD51B</i>	<i>TERF2IP</i>
<i>BRIP1</i>	<i>FANCD2</i>	<i>MSH2</i>	<i>RAD51C</i>	<i>TERT</i>
<i>CASR</i>	<i>FANCE</i>	<i>MSH3</i>	<i>RAD51D</i>	<i>TMEM127</i>
<i>CDC73</i>	<i>FANCF</i>	<i>MSH6</i>	<i>RB1</i>	<i>TP53</i>
<i>CDH1</i>	<i>FANCG</i>	<i>MUTYH</i>	<i>RECQL4</i>	<i>TSC1</i>
<i>CDK4</i>	<i>FANCI</i>	<i>NBN</i>	<i>RET</i>	<i>TSC2</i>
<i>CDKN1B</i>	<i>FANCL</i>	<i>NF1</i>	<i>RHBDF2</i>	<i>VHL</i>
<i>CDKN2A</i>	<i>FANCM</i>	<i>NF2</i>	<i>RINT1</i>	<i>WT1</i>
<i>CEBPA</i>	<i>FH</i>	<i>NSD1</i>	<i>RUNX1</i>	<i>XPA</i>
<i>CHEK2</i>	<i>FLCN</i>	<i>NTHL1</i>	<i>SDHA</i>	<i>XPC</i>
<i>CTRC</i>	<i>GALNT12</i>	<i>PALB2</i>	<i>SDHAF2</i>	<i>XRCC2</i>
<i>DDB2</i>	<i>GATA2</i>	<i>PDGFRA</i>	<i>SDHB</i>	
<i>DICER1</i>	<i>GPC3</i>	<i>PHOX2B</i>	<i>SDHC</i>	

a. Die vollständige Liste der im Panel enthaltenen SNPs finden Sie unter www.illumina.com/TruSightHereditaryCancer.

Tabelle 2: Unterschiede bei der Größe von Proben-Batches und Ausgabe zwischen Geräten und Reagenzien-Kits

Sequenziersystem ^a	Reagenzien-Kit	Single-Reads	Ausgabe	Laufzeit	Proben-Plexität ^b
iSeq 100 System	100 i1	4 Mio.	1,2 Gb	19 h	2
	v2 Micro	4 Mio.	1,2 Gb	19 h	2
MiSeq System und MiSeqDx System	v2 Standard	15 Mio.	4,5 Gb	24 h	9
	v3 Standard	25 Mio.	7,5 Gb	28 h	16
MiniSeq System	Mid Output	8 Mio.	2,4 Gb	17 h	5
	High Output	25 Mio.	7,5 Gb	24 h	16
NextSeq 550 System und NextSeq 550Dx System	Mid Output	130 Mio.	39 Gb	26 h	80
	High Output	400 Mio.	120 Gb	39 h	256

a. Die theoretisch erreichbaren Ausgaben und Zeiten basieren auf den Spezifikationen für das iSeq 100 System und das MiniSeq System. Die interne Verifizierung des TruSight Hereditary Cancer Panel wurde nur auf dem MiSeq System und dem NextSeq 550 System durchgeführt.

b. Der Probendurchsatz basiert auf einer durchschnittlichen Coverage von 300x je Probe.

Tabelle 4: Variantenbestimmung bei Horizon Discovery-Proben mit dem TruSight Hereditary Cancer Panel^{a, b}

Probe	Gen	Variante	Variantentyp	Folge	Erwartete MAF	Ermittelte MAF bei unterschiedlichen DNA-Zugaben ^c		
						50 ng	25 ng	10 ng
HD793	<i>BRCA1</i>	P871L	SNV	Missense-Mutation	100 %	100 %	100 %	99,8 %
	<i>BRCA1</i>	S1613G	SNV	Missense-Mutation	50 %	49,8 %	47,7 %	45,8 %
	<i>BRCA1</i>	K1183R	SNV	Missense-Mutation	50 %	45,0 %	43,9 %	44,9 %
	<i>BRCA1</i>	K820E	SNV	Missense-Mutation	50 %	48,1 %	43,6 %	45,6 %
	<i>BRCA1</i>	D435Y	SNV	Missense-Mutation	50 %	42,8 %	46,3 %	44,6 %
	<i>BRCA2</i>	V2466A	SNV	Missense-Mutation	100 %	99,9 %	100 %	100 %
	<i>BRCA2</i>	N289H	SNV	Missense-Mutation	50 %	39,2 %	40,5 %	40,5 %
	<i>BRCA2</i>	N991D	SNV	Missense-Mutation	50 %	48,6 %	48,1 %	48,0 %
	<i>BRCA2</i>	N1784fs	Deletion	Frameshift-Mutation	50 %	42,2 %	35,7 %	38,9 %
	<i>BRIP1</i>	S919P	SNV	Missense-Mutation	100 %	99,7 %	99,9 %	100 %
	<i>NBN</i>	E185Q	SNV	Missense-Mutation	50 %	41,1 %	35,1 %	38,5 %
HD794	<i>BARD1</i>	R378S	SNV	Missense-Mutation	50 %	50,5 %	49,9 %	48,0 %
	<i>BRCA2</i>	V2466A	SNV	Missense-Mutation	100 %	99,9 %	99,9 %	99,8 %
	<i>BRCA2</i>	I2675fs	Insertion	Frameshift-Mutation	50 %	41,0 %	40,9 %	40,3 %
	<i>BRIP1</i>	S919P	SNV	Missense-Mutation	100 %	99,9 %	100 %	100 %
	<i>NBN</i>	E185Q	SNV	Missense-Mutation	100 %	100 %	100 %	100 %

a. Die Sequenzierung wurde auf einem MiSeq System durchgeführt.

b. Das Alignment und das Varianten-Calling wurden mit der DRAGEN Enrichment App durchgeführt. Bei den ermittelten MAF-Werten

c. (Minor Allele Frequency, Häufigkeit des seltenen Allels) handelt es sich um mittlere Werte aus vier technischen Replikaten.

Tabelle 5: Variantenbestimmung bei Horizon Discovery-Proben mit dem TruSight Hereditary Cancer Panel^{a, b}

Probe	Gen	Referenz-Allel	Variante-Allel	Variantentyp	Folge	Rep. 1 MAF ^c	Rep. 2 MAF ^c
1	<i>PALB2</i> -Überlappung			CNV	Änderung der Kopienzahl	Erkannt	Erkannt
2	<i>RB1</i>	T	TTCAAAA	Insertion	In-Frame-Insertion	54,1 %	53,6 %
	<i>TSC2</i>	C	T	SNV	Stop-Gain-Mutation	49,8 %	47,5 %
3	<i>POLE</i>	C	T	SNV	Missense-Variante	44,1 %	47,0 %
4	<i>CHEK2</i>	A	G	SNV	Missense-Variante	40,8 %	44,9 %
5	<i>MSH6</i>	GA	G	Deletion	Frameshift-Variante	50,9 %	45,0 %
6	<i>BRCA2</i>	CG	C	Deletion	Frameshift-Variante	29,9 %	36,3 %
7	<i>MLH1</i>	C	T	SNV	Stop-Gain-Mutation	31,0 %	31,9 %
8	<i>BRCA1</i>	T	C	SNV	Missense-Variante	39,6 %	35,1 %

a. Die Sequenzierung wurde auf einem MiSeq System durchgeführt.

b. Das Alignment und das Varianten-Calling wurden mit der DRAGEN Enrichment App durchgeführt.

c. Die beobachteten Varianten-Calls korrelieren mit bereits von unserem Partner ermittelten Genotypen (Daten nicht dargestellt).

Krebstyp	Für das Screening empfohlene Gene
 Brust	<i>ATM, BARD1, BRCA1, BRCA2, CDH1, CHEK2, NBN, NF1, PALB2, PTEN, STK11, TP53</i>
 Dickdarm	<i>APC, AXIN2, BMPR1A, CHEK2, EPCAM, GREM1, MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, MSH3, MUTYH, NTLH1, POLD1, POLE, PTEN, SMAD4, STK11, TP53</i>
 Eierstock	<i>ATM, BARD1, BRCA1, BRCA2, CDH1, CHEK2, NBN, NF1, PALB2, PTEN, STK11, TP53</i>
 Magen	<i>CDH1</i>
 Sonstiges	<i>MEN1, NF2, RB1, RET, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, TSC1/2, VHL, TP53, WT1</i>

Abbildung 2: Gene, die bekanntermaßen mit der genetischen Prädisposition für bestimmte Krebsarten assoziiert sind.

Schneller Workflow für die Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung

Das TruSight Hereditary Cancer Panel verwendet Illumina DNA Prep with Enrichment zur schnellen Bibliotheksvorbereitung. Sequenzierungsfähige Bibliotheken stehen in 6,5 Stunden zur Verfügung. Der manuelle Aufwand beträgt lediglich 2 Stunden. Eine entscheidende Komponente der Illumina DNA Prep with Enrichment-Lösung ist die On-Bead-Tagmentierung. Diese liefert mithilfe beadgebundener Transposons eine einheitliche Tagmentierungsreaktion (Abbildung 3). Dank dieser Strategie sind keine weiteren Schritte zur DNA-Fragmentierung mehr erforderlich. Bei gDNA-Zugaben von 10–50 ng sind dank des sättigungs-basierten DNA-Normalisierungsverfahrens vor der Anreicherung außerdem weder eine individuelle Bibliotheksquantifizierung noch Normalisierungsschritte erforderlich. Die Target-Anreicherung erfolgt anhand bewährter Hybridisierungsschemie, die eine zuverlässige Erfassung relevanter Varianten für SNVs, Indels und CNVs ermöglicht. Die Bibliotheken werden für die entsprechenden DNA-Zielregionen an mit Biotin gekennzeichneten Sonden hybridisiert. Targets werden mithilfe magnetischer Streptavidin-Beads erfasst, die eine Bindung mit den biotinylierten Sonden eingehen und die gebundenen Fragmente aus der Lösung ziehen. Nachdem die erfassten Fragmente aus den Beads eluiert wurden, ist die zielgerichtete Bibliothek bereit für die Sequenzierung.

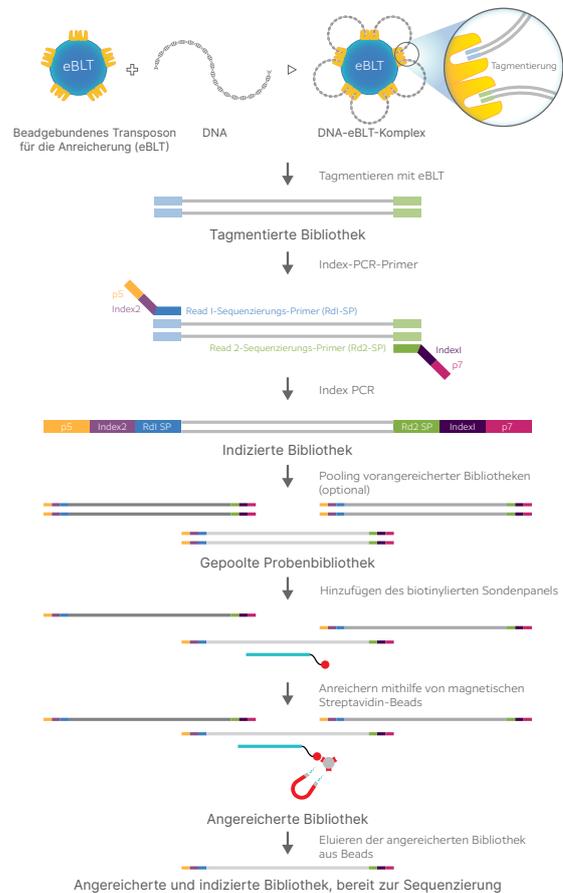


Abbildung 3: Illumina DNA Prep with Enrichment-Workflow: Die eBLT-vermittelte einheitliche Tagmentierungsreaktion und die anschließende einzelne Hybridisierungsreaktion sorgen für einen schnellen und flexiblen Workflow.

Genauere Daten

Aufgrund seiner Fähigkeit, 113 Gene pro Probe zu beurteilen, bietet das TruSight Hereditary Cancer Panel einen hohen Probendurchsatz und zugleich ausgezeichnete Spezifität und Einheitlichkeit. Zum Nachweis der Assay-Leistung wurden Sequenzierungsmetriken aus zwei Sequenziersystemen unter Verwendung von Proben analysiert, die von Forschungspartnern stammen. Acht Proben (in zweifacher Ausführung) mit einer DNA-Zugabe von 50 ng wurden mit Illumina DNA Prep with Enrichment mit 8-plex-Anreicherungen vorbereitet und auf dem MiSeq System sowie dem NextSeq System sequenziert. Die Daten wurden mit der BaseSpace Enrichment App v3.1.0 ausgewertet. Die Ergebnisse zeigten einen hohen Prozentsatz für die Coverage-Einheitlichkeit (Abbildung 4).

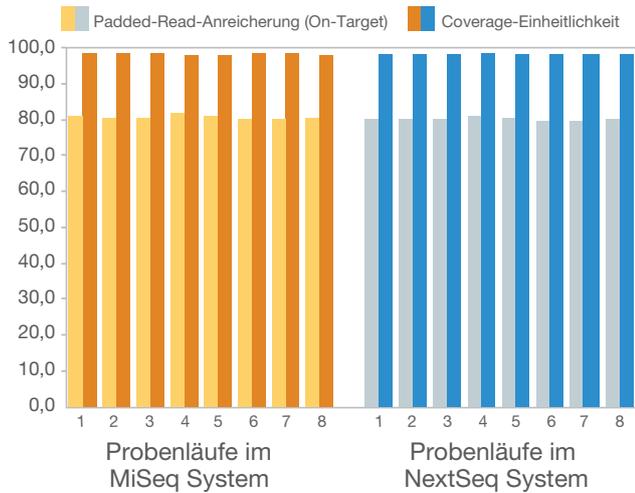


Abbildung 4: On-Target-Alignment und Coverage-Einheitlichkeit: Aus den Partner-Proben extrahierte DNA wurde mit dem TruSight Hereditary Cancer Panel vorbereitet und auf dem MiSeq System (links) sowie auf dem NextSeq 550 System (rechts) sequenziert. Dargestellt werden die mittleren Werte für zwei technische Replikate jeder Probe.

Varianten-Calling

Zum Nachweis der Performance beim Varianten-Calling bei unterschiedlichen Zugabemengen wurden Sets mit 16 Proben mit DNA-Zugaben von 10 ng, 25 ng und 50 ng vorbereitet. Die Probensets umfassten jeweils vier Replikate von Horizon Discovery(HD)-Proben aus BRCA Germline I Reference Standard gDNA HD793 und BRCA Germline II Reference Standard gDNA HD794. Für die einzelnen Zugabemengen erfolgte nach der Vorbereitung mit Illumina DNA Prep with Enrichment mit 8-plex-Anreicherungen eine 16-plex-Sequenzierung. Die Sequenzierung wurde auf dem MiSeq System durchgeführt und die Daten wurden mit der DRAGEN Enrichment App ausgewertet. Die Ergebnisse entsprachen der publizierten Liste für Horizon Discovery für die Proben HD793 und HD794. Damit sind die Ergebnisse bei allen getesteten Zugabemengen reproduzierbar. Eine zusätzliche Analyse wurde mit Forschungspartnerproben mit unbekanntem Varianten durchgeführt (Tabelle 4). Eine DNA-Zugabe von 50 ng von jeweils acht Proben wurde in doppelter Ausführung mit Nextera Flex for Enrichment mit 8-plex-Anreicherungen vorbereitet und auf dem MiSeq System analysiert. Bei der Datenanalyse mit der DRAGEN Enrichment App wurden Varianten unterschiedlicher Klassen (SNV, CNV und Indel) erkannt (Tabelle 5), die mit den zuvor von unserem Partner ermittelten Genotypen korrelierten.

Die DRAGEN Enrichment App oder die BaseSpace Enrichment App kann für das Variant-Calling verwendet werden und liefert Ergebnisse im VCF-Format. Kunden können zur Annotation und Interpretation von Varianten eine beliebige Drittanbieterplattform für die Tertiäranalyse nutzen.

Weitere Informationen, einschließlich anpassbarer Assayparameter für den Illumina DNA Prep with Enrichment-Workflow und der Auswirkungen auf das Varianten-Calling, finden Sie im [technischen Hinweis zu benutzerdefinierten Parametern des Illumina DNA Prep with Enrichment-Workflows](#) und im [technischen Hinweis zum Analysieren von Keimbahn-CNVs mit dem TruSight Hereditary Cancer Panel](#).

Zusammenfassung

Das TruSight Hereditary Cancer Panel bietet Forschern ein von Experten zusammengestelltes Set für die Analyse von Genvarianten, die bereits mit einer Krebsprädisposition in Zusammenhang gebracht wurden. Das optimierte Sondenset bietet eine umfassende Coverage der Zielregionen mit einer äußerst einheitlichen Coverage zur Identifikation von zahlreichen Varianten. Die Kombination dieses Inhalts mit dem Illumina DNA Prep with Enrichment-Verfahren ermöglicht einen schnellen, einfachen Workflow, der mit einer geringen Probenzugabemenge auskommt. Außerdem können Anwender jedes Illumina-Tischsequenziersystem verwenden. Das TruSight Hereditary Cancer Panel stellt eine hochgradig effiziente Lösung für die zielgerichtete Sequenzierung dar und beschleunigt die Bestimmung von Varianten, die in Zusammenhang mit einer Krebsprädisposition stehen.

Weitere Informationen

[TruSight Hereditary Cancer Panel](#)

Quellen

1. Illumina. [Datenblatt zu Illumina DNA Prep with Enrichment](#). Veröffentlicht 2020. Aufgerufen am 5. September 2023.
2. Mavaddat N, Pharoah PD, Michailidou K, et al. [Prediction of breast cancer risk based on profiling with common genetic variants](#). *J Natl Cancer Inst.* 2015;107(5):djv036. Veröffentlicht am 8. April 2015. doi:10.1093/jnci/djv036
3. University of Cambridge, Centre for Cancer Genetic Epidemiology. Breast and Ovarian Analysis of Disease Incidence and Carrier Estimation Algorithm (BOADICEA) ccge.medschl.cam.ac.uk/boadicea/. Aufgerufen am 5. September 2023.

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 Indexes, 96 Samples)	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 Indexes, 96 Samples)	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 Indexes, 96 Samples)	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 Indexes, 96 Samples)	20091660
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (96 Samples)	20025524
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (16 Samples)	20025523
Illumina DNA Prep, (S) Tagmentation (96 Samples)	20025520
Illumina DNA Prep, (S) Tagmentation (16 Samples)	20025519
iSeq 100 i1 Reagent	20021533
iSeq 100 i1 Reagent	20021534
MiSeq Reagent Micro Kit v2	MS-103-1002
MiSeq Reagent Kit v2	MS-102-2002
MiSeq Reagent Kit v3	MS-102-3003
MiniSeq Mid Output Kit	FC-420-1004
MiniSeq High Output Kit	FC-420-1003
NextSeq 500/550 Mid Output Kit v2.5	20024905
NextSeq 500/550 High Output Kit v2.5	20024908
Flex Lysis Reagent Kit	20018706



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. ausserhalb der USA)
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 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.
 M-GL-02150 DEU v1.0