

Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx analīzes modulis

NextSeq 550Dx darbplūsmas ceļvedis

TIKAI IN VITRO DIAGNOSTIKAS NOLŪKIEM

Pārskats	3
Izpildes datu ievade	3
Analīzes metodes	5
Izpildes un rezultātu skatīšana	5
Results Report (Rezultātu pārskats)	6
Analīzes izvades faili	6
Pārskatījumu vēsture	10
Tehniskā palīdzība	11



Šī dokumenta un tā satura īpašumtiesības pieder uzņēmumam Illumina, Inc. un tā saistītajiem uzņēmumiem ("Illumina"), un klients to drīkst izmantot tikai līgumā noteiktajā veidā saistībā ar šajā dokumentā aprakstīto izstrādājumu lietošanu, un nekādiem citiem nolūkiem. Šo dokumentu un tā saturu nedrīkst izmantot vai izplatīt nekādiem citiem nolūkiem un/vai citādi publiskot, atklāt vai reproducēt jebkādā veidā bez iepriekšējas rakstiskas Illumina piekrišanas. Ar šo dokumentu Illumina nenodod nekādas licences, ko paredz tā patents, preču zīmes, autortiesības vai anglosakšu tiesības, nedz arī līdzīgas jebkuras trešo personu tiesības.

Šajā dokumentā sniegtie norādījumi ir stingri un precīzi jāievēro kvalificētiem un atbilstoši apmācītiem darbiniekiem, lai nodrošinātu šeit aprakstītā(-o) produkta(-u) pareizu un drošu lietošanu. Pirms šī produkta(-u) lietošanas ir pilnībā jāizlasa un jāizprot viss šī dokumenta saturs.

PILNĪBĀ NEIZLASOT UN PRECĪZI NEIEVĒROJOT VISUS ŠAJĀ DOKUMENTĀ IEKĻAUTOS NORĀDĪJUMUS, VAR RASTIES PRODUKTA(-U) BOJĀJUMI, PERSONU MIESAS BOJĀJUMI, TOSTARP LIETOTĀJU UN CITU PERSONU, UN CITA ĪPAŠUMA BOJĀJUMI, TURKLĀT TIKS ANULĒTAS VISAS PRODUKTAM(-IEM) PIEMĒROJAMĀS GARANTIJAS.

ILLUMINA NEUZŅEMAS NEKĀDU ATBILDĪBU, KAS IZRIET NO NEPAREIZAS ŠAJĀ DOKUMENTĀ APRAKSTĪTO PRODUKTU (TOSTARP TĀ DAĻU VAI PROGRAMMATŪRAS) LIETOŠANAS.

© 2022 Illumina, Inc. Visas tiesības paturētas.

Visas preču zīmes ir Illumina, Inc. vai to attiecīgo īpašnieku īpašums. Konkrētu informāciju par preču zīmēm skatiet vietnē: www.illumina.com/company/legal.html.

Pārskats

Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx modulis vispirms demultipleksē indeksētos nolasāmos fragmentus. Ja tie pastāv, DNA GenerateFASTQ Dx modulis ģenerē starpposma izvades failus FASTQ faila formātā un pēc tam aizver darbplūsmu. Salīdzināšana vai turpmāka analīze netiek veikta. FASTQ faili ir nepieciešami analīzes ievadei, izmantojot trešo personu analīzes rīkus.

Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx modulī var palaist Local Run Manager v3.1.0 (vai jaunāku versiju), un tas ir saderīgs ar NextSeq 550Dx Operating Software (NOS) v1.4 (vai jaunāku versija). Analīzes modulis atbalsta sekvencēšanu Illumina DNA Prep With Enrichment Dx analīzes datu analizēšanai.

Par šo rokasgrāmatu

Šajā rokasgrāmatā ir sniegti norādījumi par izpildes parametru iestatīšanu, lai veiktu sekvencēšanu un analīzi DNA GenerateFASTQ Dx analīzes modulī. Lai varētu izmantot programmatūru, nepieciešamas pamatzināšanas par pašreizējo Windows operētājsistēmu un tīmekļa pārlūkprogrammas lietotāja saskarni. Informāciju par Local Run Manager paneli un sistēmas iestatījumiem skatiet *NextSeq 550Dx instrumenta uzziņu rokasgrāmatā (dokumenta Nr. 1000000009513)*.

Izpildes datu ievade

Parametru iestatīšana

- 1 Piesakieties programmatūrā Local Run Manager.
- 2 Atlasiet **Create Run** (Izveidot izpildi) un pēc tam atlasiet **DNA GenerateFASTQ Dx**.
- 3 Ievadiet izpildes nosaukumu, kas identificē izpildi no sekvencēšanas līdz analīzei (40 vai mazāk rakstzīmes).
Izpildes nosaukumā var būt burtparu rakstzīmes, atstarpes un speciālās rakstzīmes ``~!@#%$_-_{}`. Nedrīkst izmantot iepriekšējās izpildes nosaukumu.
- 4 Ievadiet izpildes aprakstu, lai atvieglotu izpildes identificēšanu (150 vai mazāk rakstzīmes) **[nav obligāti]**.
Izpildes aprakstā var būt burtparu rakstzīmes, atstarpes un šādas speciālās rakstzīmes: ``~!@#%$_-_{}`.
- 5 Konfigurējiet šādus izpildes iestatījumus:
 - ▶ Index Plate (Indeksa plate) — atlasiet indeksa plates izkārtojumu, kas tiks izmantots DNS fragmentu bankas sagatavošanas laikā. Atlasīt var šādas opcijas: Index Set A (Indeksu komplekts A), Index Set B (Indeksu komplekts B) un Index Set AB (Indeksu komplekts AB). Informāciju par indeksu plates izkārtojumiem skatiet *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx Package Insert* iepakojuma ieliktnī.
Indeksu komplektā A un B ir iekļauti 96 paraugi un atbilstoši unikāli dubultie praimerī (unique dual primer, UDP). Indeksu komplektā AB ir iekļauti 192 paraugi un atbilstoši UDP.
 - ▶ Read Type (Nolasāmā fragmenta veids) — atlasiet vienu nolasāmo fragmentu vai sapārotu gala fragmentu. Noklusējuma nolasāmā fragmenta veids ir sapārots gala fragments.
 - ▶ Read Lengths (Nolasāmā fragmenta garuma vērtības) — ievadiet nolasāmā fragmenta garumu. Nolasāmā fragmenta noklusējuma garums ir 151.
- 6 Sadaļā Module-Specific Settings (No moduļa atkarīgi iestatījumi) iestatiet opciju Adapter Trimming (Adaptēra apcirpšana).

Adaptera apcirpšana ir iespējota pēc noklusējuma.

- 7 Atlasiet sekvencējamo paraugu skaitu. Atlasītais paraugu skaits ietver automātiski aizpildītos UDP ieteikumus. Ja nevēlaties izmantot UDP ieteikumus, atlasiet **Custom** (Pielāgots).
Ja sekvencējamo paraugu skaits nav iekļauts nolaižamajā sarakstā, atlasiet tuvāko paraugu skaitu. Atlasītajam skaitam ir jābūt mazākam par sekvencējamo paraugu skaitu, un ir jāpievieno papildu UDP pēc vajadzības. Piemēram, ja vēlaties testēt 18 paraugus, atlasiet 16 paraugu opciju.

Izpildes paraugu norādīšana

Norādiet izpildē izmantojamus paraugus, izmantojot vienu no tālāk norādītajām opcijām.

- ▶ **Enter samples manually** (Ievadiet paraugus manuāli) — izmantojiet tukšo tabulu ekrānā Create Run (Izveidot izpildi).
- ▶ **Import samples** (Importēt paraugus) — pārejiet uz ārēju failu komatattadlīto vērtību (*.csv) formātā. Ekrānā Create Run (Izveidot izpildi) lejupielādei ir pieejama veidne.

Manuāla paraugu ievade

- 1 Ievadiet unikālu parauga ID cilnē Sample ID (Parauga ID). Izmantojiet burtciparu rakstzīmes un/vai domuzīmes (40 vai mazāk rakstzīmes).
Parauga ID, attiecīgais parauga apraksts un UDP pozīcija tiek atzīmēta zilā krāsā, norādot, ka paraugs ir ievadīts.
- 2 Lai atlasītu pozitīvas vai negatīvas kontroles paraugus, ar peles labo pogu noklikšķiniet uz parauga iedobēm [**nav obligāti**].
- 3 Ievadiet parauga aprakstu parauga cilnē Description (Apraksts) [**nav obligāti**]. Parauga aprakstā var būt burtciparu rakstzīmes, punkti un šādas speciālās rakstzīmes: `~!@#\$%-_{}`. Atstarpes nav atļautas.
Ja ar parauga aprakstu saistīts parauga ID tiek izmantots nākamajā izpildē, sākotnējais parauga apraksts tiek pārrakstīts.
- 4 Ja nepieciešams, mainiet ieteiktās UDP pozīcijas. Ieteiktās parauga iedobes pozīcijas tiek atzīmētas dzeltenā, violetā, oranžā un rozā krāsā.
Ja tiek izmantotas ieteiktās paraugu iedobes, programmatūra automātiski aizpilda UDP indeksa adapterus, kas atbilst prasībām par indeksa daudzveidību. Ja atlasīto paraugu skaits nav precīzs testēto paraugu skaits, pārbaudiet, vai ir atlasīti UDP indeksa adapteri papildu iedobēm.
- 5 Atlasiet **Export Samples** (Eksportēt paraugus), lai eksportētu parauga datu failu [**nav obligāti**].
- 6 Atlasiet **Save Run** (Saglabāt izpildi).

Paraugu lapas importēšana

Parauga datus var importēt no parauga datu faila, kas iepriekš ir importēts no DNA GenerateFASTQ Dx moduļa, izmantojot funkciju Export Samples (Eksportēt paraugus) vai veidnes failu, kuru var ģenerēt, atlasot opciju **Template** (Veidne) ekrānā Create Run (Izveidot izpildi). Norādījumus par to, kā izveidot un eksportēt parauga datus, skatiet sadaļā *Manuāla paraugu ievade 4. lpp.*

Veidnes failā nav iekļauti automātiski aizpildāmie UDP ieteikumi.

Lai rediģētu veidnes failu, rīkojieties, kā norādīts tālāk.

- 1 Ekrānā Create Run (Izveidot izpildi) atlasiet **Template** (Veidne), lai izveidotu jaunu plates izkārtojumu.
Veidnes fails satur pareizus kolonnu virsrakstus importēšanai. Rediģējiet failu, kā norādīts tālāk.
 - a Atveriet parauga lapu teksta redaktora programmā.

- b Ievadiet nepieciešamos parauga datus.
- c Saglabājiet failu komatatzīmīto vērtību (*.csv) formātā. Pārliecinieties, vai paraugu identifikatori ir unikāli.

Lai importētu parauga datus, rīkojieties šādi:

- 2 Atlasiet **Import Samples** (Importēt paraugus) un pēc tam atlasiet CSV failu.
- 3 Atlasiet **Export** (Eksportēt), lai eksportētu parauga datus ārējā failā **[nav obligāti]**.
- 4 Atlasiet **Save Run** (Saglabāt izpildi).

Izpildes rediģēšana

Norādījumus par izpildes informācijas rediģēšanu pirms sekvencēšanas skatiet *NextSeq 550Dx instrumenta uzziņu rokasgrāmata (dokumenta Nr. 1000000009513)*.

Analīzes metodes

DNA GenerateFASTQ Dx analīzes modulī tiek izpildītas tālāk norādītās analīzes darbības, un pēc tam analīzes izvades faili tiek ierakstīti mapē Alignment (Salīdzināšana).

- ▶ Demultipleksētie indeksa nolasāmie fragmenti
- ▶ FASTQ failu ģenerēšana

Demultipleksēšana

Demultipleksēšana salīdzina katra indeksa nolasāmā fragmenta sekvenci ar indeksa sekvencēm, kas norādītas izpildes sērijai. Šajā darbībā netiek ņemtas vērā kvalitātes vērtības.

Indeksa nolasāmie fragmenti tiek identificēti, veicot tālāk norādītās darbības.

- ▶ Paraugi tiek numurēti, sākot no 1, secībā, kādā tie ir uzskaitīti izpildes sērijas veikšanai.
- ▶ Nulles paraugs (0) ir rezervēts klasteriem, kas netika piešķirti paraugam.
- ▶ Klasterus piešķir paraugam, ja indeksa sekvence precīzi atbilst vai ja katram indeksa nolasāmajam fragmentam pastāv ne vairāk kā viena neatbilstība.

FASTQ faila ģenerēšana

Pēc demultipleksēšanas programmatūra ģenerē starpposma analīzes failus FASTQ formātā, kas ir sekvenču attēlošanā izmantots teksta formāts. FASTQ failos ir katra lasījuma paraugi un ar tiem saistītie kvalitātes rādītāji. Netiek iekļautas izmantotās kontroles un klasteri, kas neizturēja filtra prasības.

Katrā FASTQ failā ir nolasījumi tikai vienam paraugam, un šī parauga nosaukums ir iekļauts FASTQ faila nosaukumā. FASTQ faili ir galvenā salīdzināšanas ievade.

Izpildes un rezultātu skatīšana

- 1 Local Run Manager panelī atlasiet izpildes nosaukumu.
- 2 Cilnē Run Overview (Izpildes pārskats) pārskatiet sekvencēšanas izpildes rādītājus.
- 3 Lai mainītu analīzes datu faila atrašanās vietu turpmākajiem atlasītās izpildes pieprasījumiem, atlasiet ikonu **Edit** (Rediģēt) un rediģējiet izvades izpildes mapes faila ceļu. Izvades izpildes mapes nosaukumu nevar rediģēt.

- 4 Atlasiet vienumu **Copy to Clipboard** (Kopēt starpliktuvē), lai kopētu izvades izpildes mapes faila ceļu **[nav obligāti]**.
- 5 Atlasiet cilni Sequencing Information (Sekvencēšanas dati), lai pārskatītu izpildes parametrus un informāciju par palīgmateriāliem.
- 6 Atlasiet cilni Samples & Results (Paraugi un rezultāti), lai skatītu analīzes pārskatu.
 - ▶ Ja ir pieprasīta analīze, atlasiet attiecīgo analīzi nolaižamajā sarakstā Select Analysis (Atlasīt analīzi).
 - ▶ Lai skatītu cita parauga pārskatu, kreisās puses navigācijas joslā atlasiet parauga ID.
- 7 Atlasiet vienumu **Copy to Clipboard** (Kopēt starpliktuvē), lai kopētu analīzes mapes faila ceļu **[nav obligāti]**.

Results Report (Rezultātu pārskats)

Rezultāti tiek apkopoti cilnē Samples and Results (Paraugi un rezultāti).

Paraugi

1. tabula Paraugu tabula

Kolonnas virsraksts	Apraksts
Sample ID (Pauga ID)	Parauga ID, kurš tika norādīts, veidojot izpildi.
Plate (Plate)	Plate, kas tiek nodrošināta kopā ar indeksa plati, izveidojot izpildi. Aile tiek parādīta tikai tad, ja ir atlasīta indeksa plate AB.
Index Well (Indeksa iedobe)	Indeksa iedobe, kas tiek nodrošināta kopā ar parauga iedobi, izveidojot izpildi.
Apraksts	Parauga apraksts, kurš ievadīts, izveidojot izpildi.
UDP	Paraugam izmantotais UDP.
Control (Kontrolē)	Kopā ar paraugu izmantota pozitīva vai negatīva kontrole.

Indeksēšana

2. tabula Indeksu tabula

Kolonnas virsraksts	Apraksts
Indeksa numurs	Piešķirtais ID saistībā ar paraugu secību paraugu tabulā.
Sample ID (Pauga ID)	Parauga ID, kurš tika norādīts, veidojot izpildi.
UDP	Paraugam izmantotais UDP.
Identificēto nolasāmo fragmentu procentuālais daudzums, % (PF)	Nolasāmo fragmentu procentuālā daļa, kas izturējuši filtrus.

Analīzes izvades faili

DNA GenerateFASTQ Dx analīzes moduļim tiek ģenerēti tālāk norādītie analīzes izvades faili.

Faila nosaukums	Apraksts
Demultiplexing (*.demux)	Starposma faili, kas satur demultipleksēšanas rezultātus.
FASTQ (*.fastq.gz)	Starposma faili, kas satur bāzes noteikšanas vienumus ar kvalitātes rādījumu. Salīdzināšanas posma galvenā ievade ir FASTQ faili.

Demultipleksēšanas faila formāts

Demultipleksēšanas procesā tiek nolasīta indeksa sekvenca, kas pievienota katram klasterim, lai noteiktu, no kura parauga klasteris ir radies. Dati par klasteru un parauga numura kartēšanu tiek ierakstīti demultipleksēšanas failā (*.demux) katram plūsmas šūnas elementam.

Demultipleksēšanas faila nosaukšanas formāts ir **s_1_X.demux**, kur X ir elementa numurs.

Demultipleksēšanas faili sākas ar galveni:

- ▶ versija (4 baitu vesels skaitlis), šobrīd versijas numurs ir 1;
- ▶ klasteru skaits (4 baitu vesels skaitlis).

Atlikušo faila daļu veido paraugu numuri katram elementa klasterim.

Kad demultipleksēšanas darbība ir pabeigta, programmatūra ģenerē demultipleksēšanas failu ar nosaukumu **DemultiplexSummaryF1L1.txt**.

- ▶ Faila nosaukumā **F1** apzīmē plūsmas šūnas numuru.
- ▶ Faila nosaukumā **L1** apzīmē joslas numuru.
- ▶ Demultipleksējot tiek veidota tabula ar vienu rindu katrā elementā un vienu aili katrā paraugā, ieskaitot 0. paraugu.
- ▶ Visbiežāk sastopamās sekvences indeksa nolasāmie fragmentie.

FASTQ faila formāts

FASTQ ir teksta faila formāts, kas satur bāzu noteikšanas vienumus un kvalitātes vērtības katrā nolasāmajā fragmentā. Katrā ierakstā ir 4 rindas:

- ▶ Identifikators
- ▶ Sekvence
- ▶ Plus zīme (+)
- ▶ Kvalitātes rādītāji (Phred) ir ASCII + 33 kodētā formātā

Identifikators tiek formatēts šādi:

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

(@instruments:izpildesID:plūsmasšūnasID:josla:elements:X:Y lasījumaNr:filtrakarodziņš:0:parauganumurs)

Piemērs:

```
@SIM:1:FCX:1:15:6329:1045 1:N:0:2
TCGCACTCAACGCCCTGCATATGACAAGACAGAATC
+
<>;##=><9=AAAAAAAAA9#:<#<;<<<????#=#
```

Papildu izvades faili

Tālāk norādītie izvades faili sniedz papildu informāciju vai apkopo izpildes sērijas rezultātus un analīzes kļūdas. Lai gan šie faili nav nepieciešami analīzes rezultātu novērtēšanai, failus var izmantot problēmu novēršanai. Visi faili atrodas mapē Alignment (Salīdzināšana), ja nav norādīts citādi.

Faila nosaukums	Apraksts
AdapterTrimming.txt	Šeit ir norādīts apcirpto bāzu skaits un bāzu procentuālais daudzums katram elementam. Šis fails ir pieejams tikai tad, ja izpildei ir norādīta adaptera apcirpšana.
AnalysisLog.txt	Apstrādes žurnāls, kurā ir aprakstīta katra darbība, kas izpildīta pašreizējās izpildes mapes analīzes laikā. Šis fails neietver kļūdu ziņojumus. Atrodas izpildes mapes saknes līmenī.
AnalysisError.txt	Apstrādes žurnāls, kurā uzskaitītas visas kļūdas, kas radās analīzes laikā. Šis fails ir tukšs, ja nav nevienas kļūdas. Atrodas izpildes mapes saknes līmenī.
CompletedJobInfo.xml	Tiek rakstīta pēc analīzes pabeigšanas, satur informāciju par izpildi, piemēram, datumu, plūsmas šūnu ID, programmatūras versiju un citus parametrus. Atrodas izpildes mapes saknes līmenī.
Checksum.csv	Ietver failu nosaukumus un noteikto un nenoteikto FASTQ failu, BCL failu un SampleSheetUsed.csv faila unikālās kontrolsummas vērtības.
DemultiplexSummaryF1L1.txt	Šis fails apkopo demultipleksēšanas rezultātus tabulā ar vienu rindu katrā elementā un vienu kolonnu katrā paraugā.
GenerateFASTQRunStatistics.xml	Ietver konkrētas izpildes sērijas statistikas datu kopsavilkumu. Atrodas izpildes mapes saknes līmenī.

Analīzes mape

Analīzes mapē ir faili, ko ģenerē programmatūra Local Run Manager.

Relācija starp izvades mapi un analīzes mapi ir šāda:

- ▶ Sekvencēšanas gaitā reāllaika analīze (Real-Time Analysis — RTA) ievieto izvades mapē failus, kas ģenerēti attēlu analīzes, bāzes izsaukšanas un kvalitātes vērtēšanas gaitā.
- ▶ RTA reāllaikā kopē failus uz analīzes mapi. Kad RTA piešķir kvalitātes novērtējumu katrai bāzei katrā ciklā, programmatūra ieraksta failu RTAComplete.xml abās mapēs.
- ▶ Kad fails RTAComplete.xml ir pieejams, sākas analīze.
- ▶ Turpinot analīzi, programmatūra Local Run Manager ieraksta izvades failus analīzes mapē un pēc tam kopē failus atpakaļ uz izvades mapi.

Salīdzināšanas mapes

Katru reizi, atkārtoti ievietojot analīzi rindā, Local Run Manager izveido salīdzināšanas mapi ar nosaukumu **Alignment_N** (Salīdzināšana N), kur N ir kārtas numurs.

Mapes uzbūve

- 📁 Data (Dati)
- 📁 Alignment_## (Salīdzināšana Nr.) vai Alignment_Imported_## (Importētie salīdzināšanas dati Nr.)
 - 📁 [Timestamp of Run] (Izpildes laiks)
 - 📁 DataAccessFiles
 - 📁 Fastq
 - 📁 FastqSummaryF1L1.txt
 - 📁 Sample1_S1_L001_R1_001.fastq.gz
 - 📁 Sample2_S2_L001_R2_001.fastq.gz

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

Bāzu izsaukšana un indeksu dažādība

Kad instrumentā NextSeq 550Dx notiek paraugu sekvencēšana, bāzes izsaukšanas funkcija nosaka bāzi (A, C, G vai T) katram dotā elementa klasterim vai attēlveidošanas apgabalam plūsmas elementā noteiktā ciklā. Instrumentā NextSeq 550Dx tiek izmantota divu kanālu secība, kam nepieciešami divi attēli, lai šifrētu datus četrām DNS bāzēm, — viens no sarkanā kanāla un otrs no zaļā kanāla.

Bāzu izsaukšanas indeksa nolasāmo fragmentu noteikšanas process atšķiras no bāzu izsaukšanas citu nolasāmo fragmentu noteikšanas laikā.

Indeksa nolasāmajam fragmentam vienā no pirmajiem diviem cikliem jāsākas ar vismaz vienu bāzi, kas nav G. Ja indeksa nolasāmais fragments sākas ar diviem G bāzes noteikšanas vienumiem, netiek ģenerēta signāla intensitāte. Signālam jābūt klāt vienā no pirmajiem diviem cikliem, lai nodrošinātu demultipleksēšanas veikspēju.

Ja, atlasot indeksus izpildes izveides laikā, tie neatbilst dažādības prasībām, tiek parādīts brīdinājums par zemu dažādību. Lai novērstu brīdinājumu par zemu dažādību, atlasiet indeksu sekvences, kuras nodrošina signālu abos kanālos katram ciklam.

- ▶ Sarkanais kanāls — A vai C
- ▶ Zaļais kanāls — A vai T

Šis bāzu izsaukšanas process nodrošina precizitāti, analizējot zema kompleksa paraugus. Sīkāku informāciju par konkrēto indeksu sekvencēm skatiet *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx Package Insert* iepakojuma ieliktnī.

Izveidojot izpildi programmatūrā Local Run Manager, jūs izvēlaties pārbaudāmo paraugu skaitu. Programmatūra automātiski aizpilda ieteiktās indeksu kombinācijas, kas atbilst indeksu dažādības prasībām. Lai gan ieteiktās UDP indeksu kombinācijas nav obligāti jāizmanto, tas ir ieteicams.

Pārskatījumu vēsture

Dokuments	Datums	Izmaiņu apraksts
Dokuments Nr. 200015671 v01	2022. gada maijs	Pievienota Austrālijas sponsora adrese. Precizēti parauga apraksta ierobežojumi.
Dokuments Nr. 200015671 v00	2022. gada februāris	Sākotnējais laidieni

Tehniskā palīdzība

Lai saņemtu tehnisko palīdzību, sazinieties ar Illumina tehniskā atbalsta dienestu.

Tīmekļa vietne: www.illumina.com
E-pasta adrese: techsupport@illumina.com

Illumina klientu atbalsta dienesta tālrunu numuri

Reģions	Bezmaksas	Reģionālais
Ziemeļamerika	+1.800.809.4566	
Apvienotā Karaliste	+44 8000126019	+44 2073057197
Austrālija	+1.800.775.688	
Austrija	+43 800006249	+43 19286540
Beļģija	+32 80077160	+32 34002973
Dānija	+45 80820183	+45 89871156
Dienvietkoreja	+82 80 234 5300	
Francija	+33 805102193	+33 170770446
Honkonga, Ķīna	800960230	
Itālija	+39 800985513	+39 236003759
Īrija	+353 1800936608	+353 016950506
Japāna	0800.111.5011	
Jaunzēlande	0800.451.650	
Ķīna	400.066.5835	
Nīderlande	+31 8000222493	+31 207132960
Norvēģija	+47 800 16836	+47 21939693
Singapūra	+1.800.579.2745	
Somija	+358 800918363	+358 974790110
Spānija	+34 911899417	+34 800300143
Šveice	+41 565800000	+41 800200442
Taivāna, Ķīna	00806651752	
Vācija	+49 8001014940	+49 8938035677
Zviedrija	+46 850619671	+46 200883979
Citas valstis	+44.1799.534000	

Drošības datu lapas (DDL) — pieejamas Illumina tīmekļa vietnē: support.illumina.com/sds.html.

Produkta dokumentācija — pieejama lejupielādei tīmekļa vietnē: support.illumina.com.



Illumina
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122, ASV
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (ārpus Ziemeļamerikas)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

CE



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

Austrālijas sponsors

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

TIKAI IN VITRO DIAGNOSTIKAS NOLŪKIEM

© 2022. gads Illumina, Inc. Visas tiesības paturētas.

illumina®