

Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human

Des lectures longues flexibles,
rentables et précises sur votre
système de séquençage Illumina

- Des lectures longues ciblées associées à des lectures courtes pour des renseignements complémentaires et approfondis sur le génome humain
- Une préparation de bibliothèques évolutive et efficace avec des résultats fiables à partir d'une petite quantité d'ADN
- Un flux de travail de préparation de bibliothèques de deux jours compatible avec l'automatisation sans équipement spécialisé

illumina^{MD}

Introduction

La chimie de séquençage par synthèse (SBS, Sequencing by Synthesis) éprouvée d'Illumina, utilisée de concert avec l'analyse secondaire primée DRAGEN^{MC}, permet d'obtenir des données de séquençage du génome entier (WGS, Whole-genome Sequencing) avec une précision exceptionnelle^{1,2}. Pourtant, de petites parties du génome, notamment les régions hautement homologues ou répétitives, sont difficiles à cartographier avec seulement des lectures courtes. Dans ce type de situation, le séquençage à lectures longues peut compléter les données du WGS à lectures courtes standard. L'utilisation conjointe de lectures courtes et longues de haute précision peut contribuer à améliorer la résolution et la cartographie des régions jusqu'alors complexes.

Par le passé, le séquençage à lectures longues était incompatible avec de nombreux types d'échantillons en raison des règles strictes relatives à la qualité de l'ADN et des exigences élevées en matière d'entrée³⁻⁶. La technologie Illumina Complete Long Reads rend désormais le séquençage à lectures longues accessible aux laboratoires de génomique en leur permettant d'utiliser à la fois des lectures courtes et des lectures longues complémentaires sur le même système avec un seul pipeline d'analyse. Ce test haute performance utilise un flux de travail de séquençage de nouvelle génération (SNG) standard d'Illumina pour produire des séquences contiguës de lecture longue et ne nécessite que 10 ng d'entrée d'ADN sans extraction spécifique, cisaillement, ni sélection de taille (figure 1).

Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human fournit une solution rentable et flexible pour le séquençage ciblé à lectures longues. La préparation efficace de bibliothèques en deux jours avec enrichissement est facile à automatiser et à adapter aux études à haut débit.

Les lectures longues ciblées peuvent être utilisées pour les régions connues pour avoir une faible cartographiabilité avec le séquençage standard à lectures courtes. Des lectures longues ciblées peuvent également être appliquées à des gènes ou des régions entières pour permettre le séquençage par mise en phase de centaines de kilobases maximum afin de définir les haplotypes. Utilisez Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human pour accroître le volume de données de WGS existant en tant qu'outil à réflexes pour parvenir à une meilleure détection des variants.

Lectures longues ciblées et de haute qualité à partir de votre plateforme NovaSeq^{MC}

Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human a été validé avec les systèmes de séquençage NovaSeq X Plus, NovaSeq X, NovaSeq 6000 et NovaSeq 6000Dx (mode RUO). Le test flexible produit des résultats cohérents sur l'ensemble des échantillons de qualité variable et avec 90 % d'entrées d'ADN en moins qu'avec les autres solutions de séquençage à lectures longues. Illumina recommande 50 ng d'entrée d'ADN, bien qu'il soit possible d'obtenir des résultats fiables avec seulement 10 ng. La technologie Illumina Complete Long Read résiste aux inhibiteurs et contaminants communs et fonctionne bien avec l'ADN prélevé du sang, de la salive ou des tissus^{7,8}. Cela permet d'obtenir des renseignements complets provenant de plus de types d'échantillons qu'avec d'autres solutions de lectures longues.

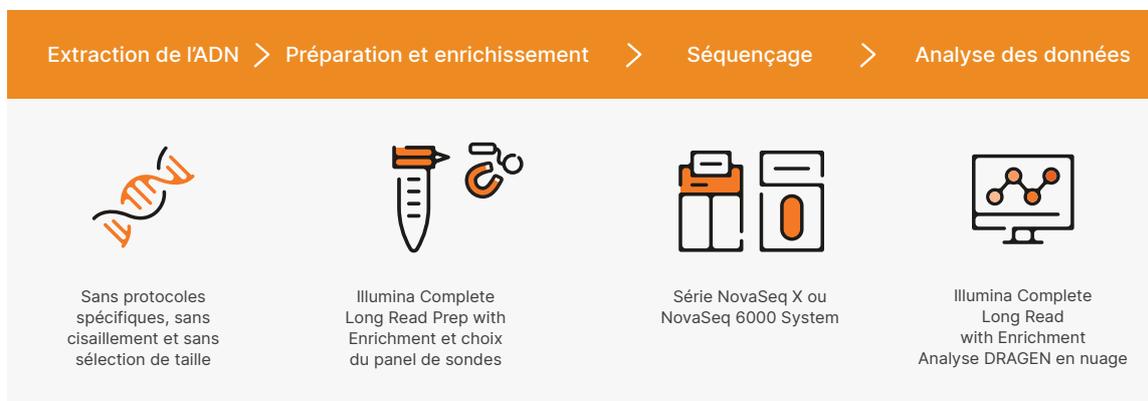


Figure 1 : Flux de travail Illumina Complete Long Reads with Enrichment : accédez à des données de WGS à lectures longues ciblées et rentables à l'aide d'un protocole de préparation de bibliothèques optimisé et évolutif, d'une chimie de séquençage Illumina éprouvée et d'une analyse secondaire DRAGEN. Requiert $\geq 30\times$ plus de données de WGS à lectures courtes standard du même échantillon pour l'analyse. Il est possible d'utiliser les fichiers FASTQ d'un échantillon d'analyse antérieur.

Illumina Complete Long Reads combine un test de préparation de bibliothèques exclusif, la chimie de séquençage par synthèse (SBS) éprouvée d'Illumina et la puissante analyse secondaire DRAGEN pour produire des données de lectures longues extrêmement précises (figure 2). Les longs fragments d'ADN à molécule unique subissent un marquage avec des formes uniques (ou « points de repère »). Ils sont ensuite amplifiés, enrichis et séquencés. L'ajout d'une étape d'enrichissement par capture hybride avec des panels de sondes ciblées permet d'axer le séquençage sur les régions qui bénéficient le plus des renseignements de lectures longues. Les points de repère permettent de différencier les régions répétitives ou difficiles à cartographier pour générer des lectures longues avec un N50 de 5 à 7 kb⁷. Les données de lectures longues sont combinées à une bibliothèque de WGS standard non marquée pour produire de longues lectures contiguës offrant une représentation complète et précise des fragments à molécule unique d'origine ciblée.

Des lectures longues là où vous en avez besoin

Les lectures longues ciblées superposées à des données de WGS à lectures courtes de haute précision permettent aux chercheurs d'utiliser leur budget de séquençage pour surmonter les difficultés connues des régions du génome. Les lectures longues ciblées offrent une grande flexibilité avec le choix de plusieurs panels préconçus ou de panels personnalisés grâce au logiciel [DesignStudio^{MC}](#) d'Illumina, un outil de conception de test gratuit et convivial (tableau 1, tableau 2). Choisissez le panel de sondes d'enrichissement qui répond le mieux à vos besoins de recherche : soit pour améliorer les régions à faible couverture, soit pour mettre en phase les régions du génome.

Illumina Human Comprehensive Panel

Le large panel Illumina Human Comprehensive Panel s'intéresse à la petite partie des régions géniques qui bénéficieraient des lectures longues, en ciblant les points à faible couverture sur > 6 500 gènes codant les protéines⁹. En développant ce panel, Illumina a évalué l'ensemble complet de plus de 20 000 gènes codant les protéines pour cibler les régions à faible cartographiabilité. Les gènes qui sont entièrement couverts par des lectures courtes seules ont été exclus. Human Comprehensive Panel offre une couverture et des capacités d'appel des variants améliorées dans les régions ciblées (figure 3A). Ce panel est optimisé pour une utilisation avec Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human. Il est disponible préfabriqué ou en tant que panel préconçu pouvant être personnalisé dans l'outil DesignStudio.

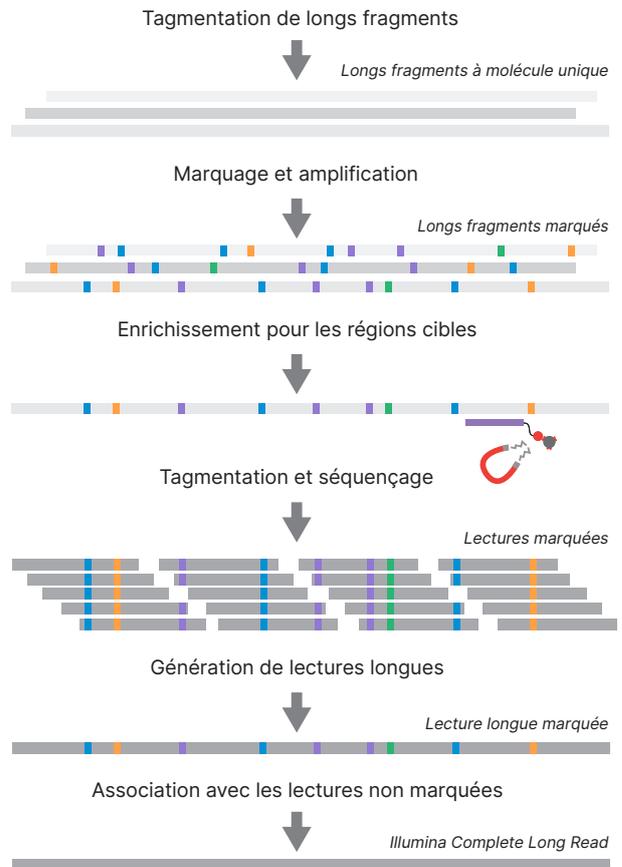


Figure 2 : Mode de fonctionnement du test Illumina Complete Long Reads : le test utilise la tagmentation pour fabriquer de longs fragments d'ADN (> 10 kb), ce qui permet d'éviter d'avoir à effectuer le cisaillement ou la sélection de la taille. Les longs fragments sont « marqués » à l'échelle de la molécule unique pour capturer et préserver les renseignements de lectures longues du fragment (sans adaptateurs ni codes à barres complexes). Les fragments longs marqués sont enrichis pour les régions ciblées à l'aide d'un panel de sondes de capture hybride. Ensuite, les fragments longs enrichis sont tagmentés une fois de plus dans une bibliothèque prête pour le séquençage. L'analyse génère des lectures longues et combine les données avec la bibliothèque de séquençage du génome entier (WGS) standard non marquée (du même échantillon, séquencée séparément) pour produire des lectures longues complètes Illumina d'une extrême précision.

Tableau 1 : Débit d'échantillons recommandé pour générer 30× la couverture finale pour Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human^{a,b,c}

	Illumina Human Comprehensive Panel	Grand panel	Moyen panel	Petit panel		
Taille de la région cible ^d	> 95 Mb	~ 20 Mb	~ 10 Mb	~ 5 Mb		
Données recommandées par échantillon ^a	90 à 120 Gb	30 à 60 Gb	15 à 30 Gb	7,5 à 15 Gb		
Trousses de réactifs de 300 cycles	Nombre d'échantillons par Flow Cell ^e				Débit par Flow Cell	Durée de l'analyse
NovaSeq 6000 SP Reagents	2	8	16	32	~ 250 Gb	~ 25 h
NovaSeq 6000 S1 Reagents	4	16	32	66	~ 500 Gb	~ 25 h
NovaSeq 6000 S2 Reagents	10	40	82	166	~ 1,25 Tb	~ 36 h
NovaSeq 6000 S4 Reagents	24	100	200	400 ^f	~ 3 Tb	~ 44 h
NovaSeq X Series 1.5B Reagents	4	16	32	66	~ 500 Gb	~ 21 h
NovaSeq X Series 10B Reagents	24	100	200	400 ^f	~ 3 Tb	~ 25 h
NovaSeq X Series 25B Reagents	64	266	532 ^f	1 066 ^f	~ 8 Tb	~ 48 h

a. Requiert une analyse de séquençage de 2 × 150 pb et 5 À 10 millions de lectures appariées (~ 1,5 à 3 Gb de données) par Mb de région cible, générant environ 30× la couverture finale d'Illumina Complete Long Reads. Les exigences de données par échantillon pour les panels personnalisés ne sont qu'un point de départ recommandé. Les utilisateurs peuvent optimiser les données attribuées en fonction des performances du panel.

b. Requiert ≥ 30× plus de données du génome entier humain à lectures courtes standard du même échantillon pour l'analyse. [Illumina DNA PCR-Free Prep](#) est recommandé. Les trousse de séquençage du génome entier (WGS) tierces sont également compatibles. La librairie non marquée n'a pas besoin d'être préparée ou séquencée en parallèle; il est possible d'utiliser les fichiers FASTQ d'un échantillon d'analyse antérieur.

c. Le séquençage des librairies Illumina Complete Long Reads sur les plateformes NovaSeq pourrait faire passer le score Q30 rapporté d'une analyse en deçà de la valeur NovaSeq spécifiée. Il ne s'agit pas d'un problème de performance en lien avec l'analyse de séquençage ou la librairie.

d. La taille de la région cible est la somme des longueurs d'emplacement de sonde élargies, fusionnées là où elles se chevauchent.

e. Exemple de nombres d'échantillons calculés pour 5 millions de lectures appariées (1,5 Gb de données) par Mb de région cible.

f. Un maximum de 384 doubles index uniques est disponible. Pour la série NovaSeq X, le chargement indépendant des lignes permet le multiplexage d'un plus grand nombre d'échantillons. Utilisez le flux de travail NovaSeq 6000 Xp pour le chargement indépendant des lignes sur NovaSeq 6000 System.

Panels préconçus avec le logiciel DesignStudio

Pour un coût inférieur et une option de débit plus élevé, les chercheurs peuvent choisir des panels ciblés pour l'enrichissement à lectures longues ([tableau 1](#)). Plusieurs panels préconçus sont disponibles dans le logiciel DesignStudio et peuvent être personnalisés ([tableau 2](#)). Ces panels ciblent des gènes complexes pertinents sur le plan médical (CMRG, Challenging Medically Relevant Genes)¹⁰, des gènes fréquemment ciblés par des tests pharmacogénétiques (PGx)¹¹⁻¹³, des gènes sur la liste des résultats secondaires de l'American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) (ACMG SF v3.1)¹⁴ ou la région complète du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH)¹⁵.

Panels personnalisés

Les utilisateurs peuvent tirer parti de leurs propres connaissances pour créer un panel unique axé sur un sous-ensemble de gènes. L'outil DesignStudio prend en charge la conception de panels personnalisés avec un algorithme ajusté pour l'enrichissement à longs fragments. Les panels d'oligos tiers sont également compatibles avec Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human.

Flux de travail évolutif à débit élevé

Le flux de travail Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human est facile à automatiser, ne nécessite que des équipements de laboratoire standard et est hautement évolutif pour prendre en charge le WGS complet de plus d'échantillons ([figure 1](#)). Le protocole de préparation de librairies simple prend environ 6,5 heures le premier jour (dont environ 3 heures de manipulation), suivi d'une réaction d'hybridation pendant la nuit et 5,5 heures le deuxième jour (dont environ 3 heures de manipulation).

Utilisez les Flow Cell 10B ou 25B de la série NovaSeq X pour obtenir un débit plus élevé dans le cas de cohortes plus importantes et un meilleur coût pour les panels plus grands ([tableau 1](#)). Avec NovaSeq X Plus System, les utilisateurs peuvent générer jusqu'à 15 000 génomes améliorés de haute précision par an. Utilisez des consommables à débit inférieur comme la Flow Cell 1.5B de la série NovaSeq X pour les petits panels et pour réduire les exigences en matière de création de lots.

Tableau 2 : Panels de sondes de capture hybride conçus pour Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human

Panel	Gènes ou régions ciblées	Taille du panel
Illumina Human Comprehensive Panel ^a	Points à faible couverture sur > 6 500 gènes codant les protéines ⁹	> 95 Mb
Panel CMRG ^b	391 gènes pertinents sur le plan médical connus pour poser des difficultés difficiles à surmonter avec des lectures courtes ¹⁰	22,5 Mb
Panel PGx ^b	98 gènes fréquemment ciblés par des tests pharmacogénétiques ¹¹⁻¹³	8,1 Mb
Panel ACMG ^b	78 gènes uniques de la liste des résultats secondaires de l'ACMG (ACMG SF v3.1) ¹⁴	7 Mb
Panel du CMH ^b	La région complète du CMH (> 140 gènes) dans l'assemblage GRCh38.p14 ¹⁵	4,9 Mb

a. Panel préfabriqué et optimisé.

b. Panels préconçus et personnalisés disponibles dans le logiciel DesignStudio. CMRG, gènes complexes pertinents sur le plan médical; PGx, pharmacogénomique; ACMG, American College of Medical Genetics and Genomics; CMH, complexe majeur d'histocompatibilité.

Analyse rationalisée et complète

L'analyse des données pour Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human est disponible sous forme d'application dans BaseSpace^{MC} Sequence Hub ou via Illumina Connected Analytics. Le pipeline DRAGEN unique analyse les lectures courtes et longues pour fournir des résultats de WGS complets. Les résultats sont compilés dans un seul ensemble de fichiers de sortie, notamment les paramètres d'appel ciblés par DRAGEN¹⁶.

Accès à un WGS très précis avec des données à lectures longues enrichies

Les données d'Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human démontrent des améliorations de la couverture et de la précision dans les régions complexes ciblées par rapport au WGS à lectures courtes standard seul ([figure 3](#), [figure 4](#)). Les solutions Illumina Complete Long Read ciblées définissent également avec succès les haplotypes de gènes complets et peuvent mettre en phase de grands blocs de régions hautement polymorphes comme le CMH ([figure 5](#)).

Résumé

Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human est une solution flexible et rentable qui complète le WGS éprouvé d'Illumina et se concentre sur les lectures longues là où elles offrent la plus grande valeur. Illumina Complete Long Reads facilite l'accès au séquençage du génome entier (WGS) complet des laboratoires de génomique en leur permettant d'utiliser des lectures longues et courtes sur le même instrument à l'aide d'un seul pipeline d'analyse DRAGEN. Le flux de travail simplifié et familier fournit le test de séquençage du génome entier le plus évolutif et le plus précis du marché.

En savoir plus

[Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human](#)

[Human Comprehensive Panel](#)

[Technologie de séquençage à lectures longues](#)

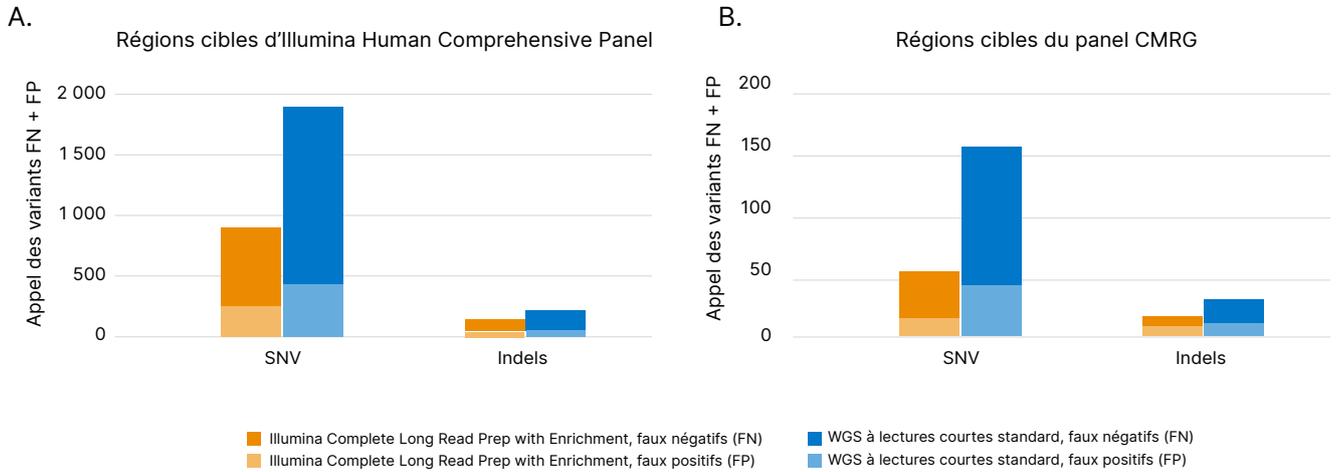


Figure 3 : Lectures longues ciblées pour améliorer la précision de l'appel des variants dans les régions complexes : appels des variants faux négatifs (FN) et faux positifs (FP) pour les SNV et les indels dans les régions géniques HG002 ciblées par (A) Illumina Human Comprehensive Panel ou (B) le panel CMRG, à l'aide d'Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment (orange) par rapport au WGS à lectures courtes standard (bleu).

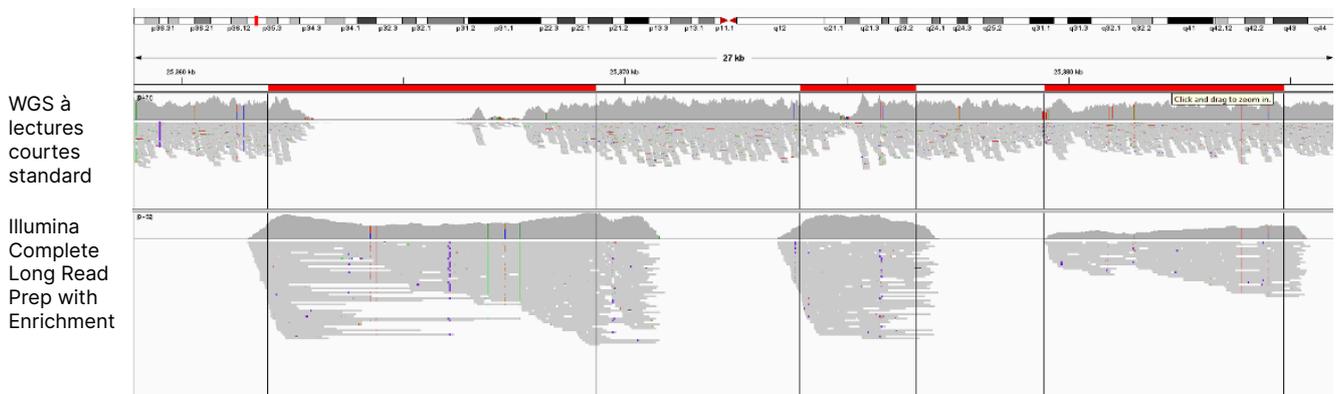
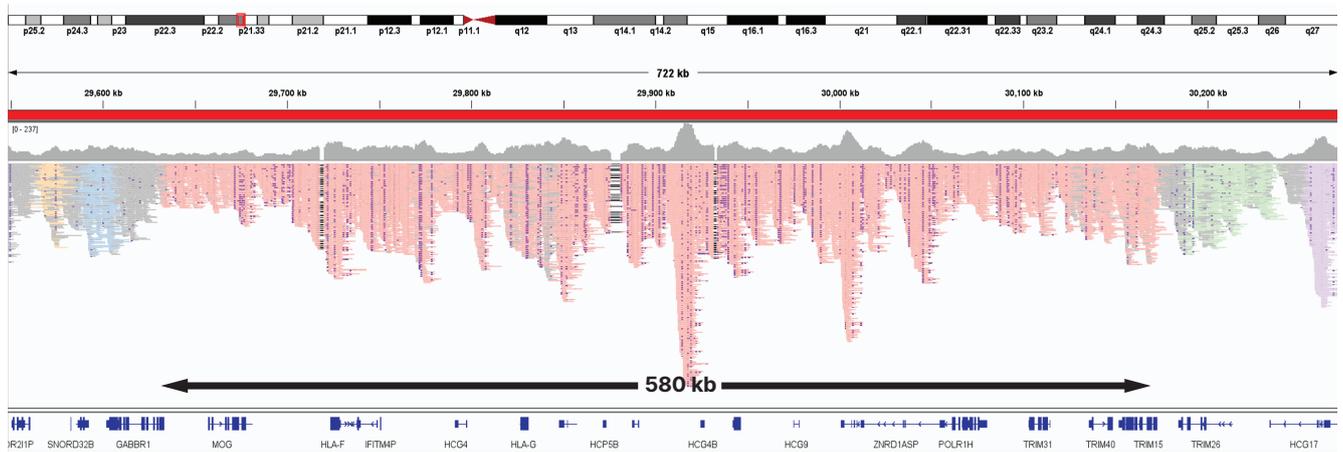


Figure 4 : Obtenez une couverture rentable du génome entier humain des régions complexes : Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human aide à améliorer la couverture dans les régions géniques complexes comme celles du gène *RHCE* pour compléter le séquençage du génome humain entier à lectures courtes standard. Tracé d'Integrative Genomics Viewer du gène *RHCE* séquençé à l'aide du WGS à lectures courtes standard (en haut) et d'Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment (en bas). Régions cibles indiquées en rouge.

A.



B.

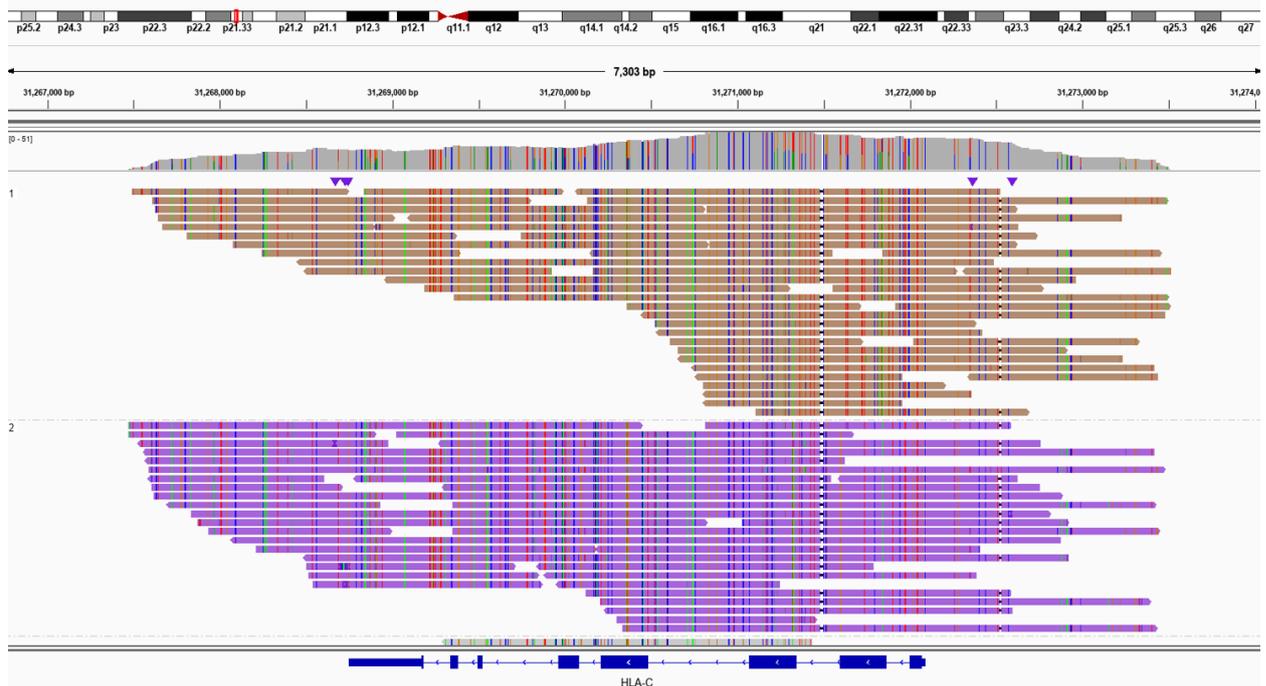


Figure 5 : Les lectures longues ciblées aident à définir les haplotypes dans les gènes polymorphiques : tracés d’IGV du séquençage à lectures longues à l’aide d’Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human. (A) Mise en phase sur une région de 722 kb dans le locus du CMH. Une région de 580 kb (rose) est encapsulée dans un bloc de phase. (B) Le gène *HLA-C* est entièrement mis en phase. Les lectures sont séparées par haplotype.

Références

1. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN Wins at Precision- FDA Truth Challenge V2 Showcase Accuracy Gains from Alt-aware Mapping and Graph Reference Genomes. [illumina.com/science/genomics-research/dragen-wins-precisionfda-challenge-showcase-accuracy-gains.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/dragen-wins-precisionfda-challenge-showcase-accuracy-gains.html). Publié en 2020. Consulté le 12 janvier 2023.
2. Illumina. Accuracy improvements in germline small variant calling with the DRAGEN Bio-IT Platform. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-v4-accuracy-app-note-m-gl-01016/dragen-v4-accuracy-app-note-m-gl-01016.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-v4-accuracy-app-note-m-gl-01016/dragen-v4-accuracy-app-note-m-gl-01016.pdf). Publié en 2022. Consulté le 1er février 2023.
3. Pacific Biosciences. Preparing DNA for PacBio HiFi sequencing—Extraction and quality control. [pacb.com/literature/technical-note-preparing-dna-for-pacbio-hifi-sequencing-extraction-and-quality-control/](https://www.pacb.com/literature/technical-note-preparing-dna-for-pacbio-hifi-sequencing-extraction-and-quality-control/). Publié en 2022. Consulté le 12 janvier 2023.
4. Pacific Biosciences. Preparing whole genome and metagenome libraries using SMRTbell prep kit 3.0. [pacb.com/wp-content/uploads/Procedure-checklist-Preparing-whole-genome-and-metagenome-libraries-using-SMRTbell-prep-kit-3.0.pdf](https://www.pacb.com/wp-content/uploads/Procedure-checklist-Preparing-whole-genome-and-metagenome-libraries-using-SMRTbell-prep-kit-3.0.pdf). Publié en 2022. Consulté le 5 octobre 2023.
5. Oxford Nanopore Technologies. Ligation Sequencing Kit. <https://store.nanoporetech.com/us/productDetail/?id=ligation-sequencing-kit-v14>. Consulté le 5 octobre 2023.
6. Pacific Biosciences. Low Yield Troubleshooting Guide. [pacb.com/wp-content/uploads/Guide-Low-Yield-Troubleshooting.pdf](https://www.pacb.com/wp-content/uploads/Guide-Low-Yield-Troubleshooting.pdf). Publié en 2018. Consulté le 12 janvier 2023.
7. Illumina. Illumina Complete Long Read Prep, Human data sheet. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-long-read-prep-human-data-sheet-m-gl-01420/illumina-long-read-prep-data-sheet-m-gl-01420.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-long-read-prep-human-data-sheet-m-gl-01420/illumina-long-read-prep-data-sheet-m-gl-01420.pdf). Publié en 2022. Consulté le 22 septembre 2023.
8. Illumina. Comprehensive whole-genome sequencing with Illumina Complete Long Read Prep, Human technical note. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-long-read-prep-human-tech-note-m-gl-01421/ilmn-long-read-hu-tech-note-m-gl-01421.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-long-read-prep-human-tech-note-m-gl-01421/ilmn-long-read-hu-tech-note-m-gl-01421.pdf). Publié en 2022. Consulté le 22 septembre 2023.
9. Bekritsky MA, Colombo C, Eberle MA. Identifying genomic regions with high quality single nucleotide variant calling. [illumina.com/science/genomics-research/articles/identifying-genomic-regions-with-high-quality-single-nucleotide-.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/identifying-genomic-regions-with-high-quality-single-nucleotide-.html). Publié en 2021. Consulté le 30 août 2023.
10. Wagner J, Olson ND, Harris L, et al. Curated variation benchmarks for challenging medically relevant autosomal genes. *Nat Biotechnol.* 2022;40(5):672-680. doi:10.1038/s41587-021-01158-1
11. PharmGKB. VIPs: Very Important Pharmacogenes. [pharmgkb.org/vips](https://www.pharmgkb.org/vips). Consulté le 22 septembre 2023.
12. National Library of Medicine. GTR: Genetic Testing Registry. Precision HealthPGx Panel (25 Genes). [ncbi.nlm.nih.gov/gtr/tests/593428/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gtr/tests/593428/). Mis à jour le 29 novembre 2022. Consulté le 22 septembre 2023.
13. Pratt VM, Everts RE, Aggarwal P, et al. Characterization of 137 Genomic DNA Reference Materials for 28 Pharmacogenetic Genes: A GeT-RM Collaborative Project. *J Mol Diagn.* 2016;18(1):109-123. doi:10.1016/j.jmoldx.2015.08.005
14. Miller DT, Lee K, Abul-Husn NS, et al. ACMG SF v3.1 list for reporting of secondary findings in clinical exome and genome sequencing: A policy statement of the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG). *Genet Med.* 2022;24(7):1407-1414. doi:10.1016/j.gim.2022.04.006
15. Kulski JK, Suzuki S, Shiina T. Human leukocyte antigen super-locus: nexus of genomic supergenes, SNPs, indels, transcripts, and haplotypes. *Hum Genome Var.* 2022;9(1):49. doi:10.1038/s41439-022-00226-5
16. Roessler K. Illumina Complete Long Reads software analysis workflow for human WGS. [illumina.com/science/genomics-research/articles/complete-long-read-software-analysis.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/complete-long-read-software-analysis.html). Publié en 2023. Consulté le 22 septembre 2023.

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human (24 échantillons)	20113832
Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human (96 échantillons)	20113833
Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human Comprehensive Panel (24 échantillons)	20113834
Illumina Complete Long Read Prep with Enrichment, Human Comprehensive Panel (96 échantillons)	20113835
Illumina Human Comprehensive Panel (24 échantillons)	20113836
Illumina Human Comprehensive Panel (96 échantillons)	20113837
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120 pb)	20073953
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120 pb)	20073952
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1 536 µl, 120 pb)	20111339

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Unique Dual Indexes, LT (48 index, 48 échantillons)	20098166
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 index, 96 échantillons)	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 index, 96 échantillons)	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 index, 96 échantillons)	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 index, 96 échantillons)	20091660
Illumina Analytics – 1 iCredit	20042038



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-02188 FRA v1.0