

TruSight™ Oncology 500 ctDNA

Umfassendes genomisches
Profiling anhand von Liquid-
Biopsy-Proben für die
Erforschung solider Tumoren

- Nutzung mit minimalinvasiven Verfahren gewonnener Blutproben ergänzend zur Gewebebiopsie oder alternativ, wenn Gewebe nicht ohne Weiteres verfügbar ist
- Analyse von DNA-Biomarkern aus über 500 Genen sowie immunonkologischen Signaturen wie TMB (Tumor Mutational Burden, Tumormutationslast) und MSI (Mikrosatelliteninstabilität)
- Arbeit mit geringen Nachweisgrenzen dank UMI-basierter (Unique Molecular Identifiers, eindeutige molekulare Identifikatoren) Bibliotheksvorbereitung mit Hybriderfassungsschemie sowie Deep Sequencing auf dem NovaSeq™ 6000 System
- Von cfDNA zur Berichterstattung in fünf Tagen mit einer proprietären DRAGEN™-Pipeline und zahlreichen Optionen für die Tertiäranalyse und Erstellungen von Berichten

illumina®

Einleitung

Die Liquid Biopsy ermöglicht die umfassende Analyse zirkulierender zellfreier DNA (cfDNA, Cell-free DNA) aus Plasma und bietet damit einen nichtinvasiven Ansatz für das Profiling solider Tumoren. Um die Vorteile der Liquid Biopsy nutzen zu können, ist ein hochgradig sensitiver und spezifischer Analyse-Assay erforderlich, der somatische Mutationen bei niedriger Variantenhäufigkeit erkennt. TruSight Oncology 500 ctDNA bietet diese hohe analytische Sensitivität anhand der Leistung bewährter Sequenzierung der nächsten Generation (NGS, Next-Generation Sequencing) von Illumina und ermöglicht das umfassende genomische Profiling zirkulierender Tumor-DNA (ctDNA, Circulating Tumor DNA) aus cfDNA (Abbildung 1, Tabelle 1). Die Kombination dieser fortschrittlichen Forschungslösung mit der Bioinformatikleistung der DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA Analysis Software gibt Wissenschaftlern in der klinischen Forschung eine DNA-zu-Bericht-Lösung an die Hand, mit der sich in einem einzigen Assay mehrere Variantentypen Hunderter Gene auswerten lassen (Abbildung 2).

TruSight Oncology 500 ctDNA ist kompatibel mit NovaSeq 6000 v1.5-Sequenzierungsreagenzien. Zusätzlich zur höheren Betriebseffizienz, die die Kosten je Probe um über 35 % verringern kann, zeichnen sich diese Reagenzien durch eine verlängerte Haltbarkeit von sechs Monaten sowie verbesserte Q30-Scores aus.¹

Vorteile der Liquid Biopsy

Im Gegensatz zur Gewebebiopsie, die nur Informationen zu einem Teil des Tumors liefert, bietet die Liquid Biopsy Erkenntnisse über die Intra- und Intertumorheterogenität im gesamten Körper. Studien zeigen, dass sich mit der cfDNA-Analyse zahlreiche in Richtlinien empfohlene Biomarker und Resistenzänderungen bestimmen lassen, die mit Gewebebiopsien nicht ermittelt werden können.² Zusätzlich hat eine Studie zu nichtkleinzelligen Lungenkarzinomen ergeben, dass cfDNA-Analysen sich durch eine hohe Übereinstimmung mit gewebebasierten Analysen auszeichnen.³

Eine Basis mit umfassendem Inhalt

Der Inhalt von TruSight Oncology 500 ctDNA wurde unter Einbeziehung anerkannter Experten im Bereich Onkologie entwickelt und umfasst aktuelle sowie neue Biomarker mit umfassender Coverage von Genen, die in wichtigen Richtlinien und klinischen Studien für zahlreiche Tumorarten enthalten sind. Das Panelendendesign erfasst sowohl bekannte als auch neue Genfusionen und umfasst 523 Gene zur Bestimmung von Varianten, die wahrscheinlich zur Tumorgenese beitragen. Die Biomarker umfassen kleine Varianten (SVs, Small Variants), Insertionen/Deletionen (Indels), Kopienzahlvarianten (CNVs, Copy-Number Variants), Genfusionen und komplexe genomische Immunonkologie-Signaturen wie Mikrosatelliteninstabilität (MSI) und Tumormutationslast (TMB, Tumor Mutational Burden) (Tabelle 2).

 Informationen zu Panelinhalten finden Sie in der [Genliste für TruSight Oncology 500 ctDNA](#)



Abbildung 1: Liquid Biopsy ermöglicht das Profiling von Biomarkern für zahlreiche Varianten und Krebsarten: Komplexe Varianten-Calling-Algorithmen und eine hohe Sequenzierungstiefe ermöglichen die Erkennung wichtiger Biomarker in cfDNA mit einer Nachweisgrenze (LOD, Limit of Detection) von 0,5 %.

Tabelle 1: TruSight Oncology 500 ctDNA im Überblick

Parameter	TruSight Oncology 500 ctDNA
System	NovaSeq 6000 System
Panelgröße	1,94 Mb DNA
Panelinhalt	523 Gene 59 Gene für CNVs 23 Gene für Genfusionen MSI (> 2.400 Loci) TMB
Erforderliche DNA-Zugabe	30 ng cfDNA ^a
Probentyp	Aus Blut gewonnene cfDNA
Assay-Zeit insgesamt	5 Tage von der Bibliotheksvorbereitung bis zum Variantenbericht
Laufzeit der Sequenzierung	36 h Lauf, 10 h Analyse (S2-Fließzelle) 45 h Lauf, 22 h Analyse (S4-Fließzelle)
Sequenzierungslauf	2 × 151 bp
Softwareversion	DRAGEN TruSight Oncology ctDNA v2.1.1
Probendurchsatz	8 Proben je Lauf (S2-Fließzelle) 24 Proben je Lauf (S4-Fließzelle) 48 Proben je Bibliotheksvorbereitungskit
Nachweisgrenze	0,5 % VAF für kleine Varianten ≥ 1,4-fache Änderung für Genamplifikationen ≤ 0,6-fache Änderung für Gendeletionen ≥ 2 % Tumorfraktion für MSI
Analytische Sensitivität	≥ 95 % (bei Nachweisgrenze für alle Variantentypen)
Analytische Spezifität	≥ 95 %
a. Quantifizierung mit dem System Agilent TapeStation oder Fragment Analyzer empfohlen	

Tabelle 2: Beispiele für mit TruSight Oncology 500 ctDNA bestimmte Varianten

Variantentyp	Relevante Beispiele
SNVs und Indels	<i>EGFR, POLE, TMPRSS2, BRAF</i>
Genfusionen	<i>ALK, ROS1, NTRK, RET</i>
CNVs	<i>HER2</i>
MSI	MSI-Score
TMB	TMB-Score

Eine vollständige Genliste finden Sie unter illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/trusight-oncology-500-ctdna.html

Bewährte Technologie für die Bestimmung seltener Biomarker

Mithilfe bewährter SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) von Illumina ermöglicht TruSight Oncology 500 ctDNA das umfassende genomische Profiling anhand von nur 30 ng cfDNA. Damit stellt die Lösung eine ideale Alternative dar, wenn Gewebe nicht ohne Weiteres verfügbar ist, oder kann ergänzend zur Gewebebiopsie eingesetzt werden. Die Bibliotheksvorbereitung profitiert von der Target-Anreicherung, bei der aus DNA-basierten Bibliotheken ausgewählte Targets mithilfe biotinylierter Sonden und streptavidinbeschichteter magnetischer Beads angereichert werden. Die Capture-Anreicherung erlaubt eine zielgerichtete Hybridisierung durch eine hohe Bindungsspezifität der verwendeten Sonden, die eine Hybridisierung an Targets mit kleineren Mutationen spezifisch möglich machen. Dieser Ansatz verringert den Verlust von Proben, wenn natürliche Allelvarianten oder Sequenzierungsartefakte vorhanden sind.

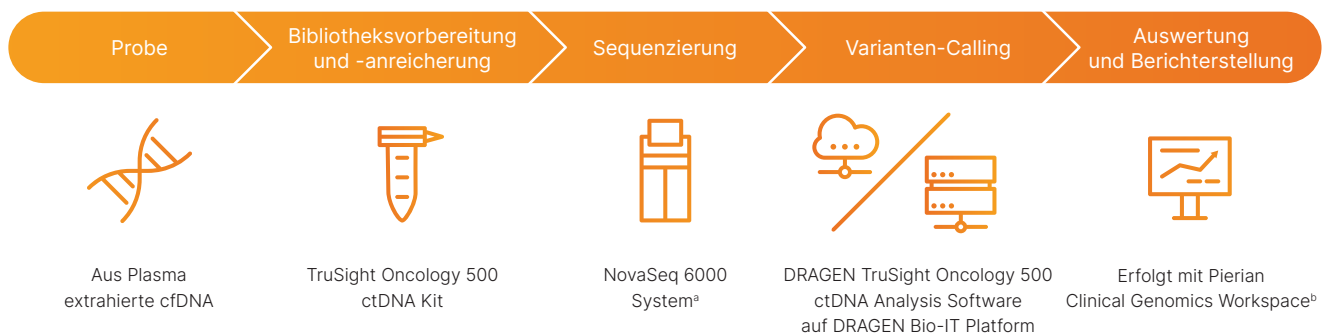


Abbildung 2: TruSight Oncology 500 ctDNA-Assay-Workflow: Der TruSight Oncology 500 ctDNA-Assay lässt sich in derzeitige Labor-Workflows integrieren. Von der cfDNA bis zum Variantenbericht sind fünf Tage erforderlich.

- a. Das NovaSeq 6000Dx System im RUO-Modus wurde nicht umfassend getestet, gilt jedoch als technisch kompatibel. Für die lokale Sekundäranalyse ist ein separater, eigenständiger DRAGEN Server erforderlich.
- b. Nicht in allen Ländern verfügbar. Illumina Connected Insights ermöglicht benutzerdefinierte Tertiäranalysen anhand von API-Abfragen an Datenquellen von Drittanbietern.

Da ctDNA nur einen kleinen Anteil der cfDNA darstellt, sind leistungsstarke Methoden erforderlich, um Signal und Rauschen zu unterscheiden. Die Bibliotheksvorbereitung beinhaltet außerdem eindeutige molekulare Identifikatoren (UMIs, Unique Molecular Identifiers), die die Identifizierung extrem seltener Varianten ermöglichen.⁴ TruSight Oncology 500 ctDNA-Bibliotheken werden auf dem NovaSeq 6000 System bei einer hohen Tiefe (400 Mio Reads je Probe bei ca. 35.000-fach) sequenziert, um die Sensitivität zu erhöhen. Hieraus ergibt sich die Möglichkeit, Mutationen bei einer Variantenallelfrequenz (VAF) für kleine Varianten von 0,5 % mit einer analytischen Sensitivität von 95 % und einer analytischen Spezifität von > 99,995 % zu bestimmen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Hochpräzise Bestimmung seltener Varianten

Variantentyp	Analytische Sensitivität ^a	Analytische Spezifität ^b
Kleine Varianten (≥ 0,5 % VAF)	≥ 95 %	≥ 99,995 %
Genamplifikationen (Fold-Change ≥ 1,4)	≥ 95 %	≥ 95 %
Gendelektionen (Fold-Change ≤ 0,6)	≥ 95 %	≥ 95 %
Genfusionen (0,5 %)	≥ 95 %	≥ 95 %
MSI-high-Nachweis (≥ bei 2 % Tumorfraction)	≥ 95 %	≥ 95 %

a. Die analytische Sensitivität ist die Erkennungsrate in Prozent beim angegebenen Variantengrad.
 b. Die analytische Spezifität ist die Fähigkeit zur Erkennung eines bekannten negativen Ergebnisses.

Genauere, schnellere Analyse

Die DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA Analysis Software verwendet beschleunigte und vollständig integrierte Bioinformatikalgorithmen, die eine optimale Assay-Leistung sicherstellen. Die Software führt das Sequenz-Alignment sowie die Fehlerkorrektur durch Collapsing der Sequenz und anschließend das Varianten-Calling auf Basis der Rohdaten durch. Doppelte Reads sowie Sequenzierungsfehler werden ohne Signalverlust für seltene Varianten entfernt, was Varianten-Calling-Ergebnisse mit hoher Sensitivität gewährleistet. Alle Pipeline-Komponenten befinden sich innerhalb der DRAGEN-Plattform, was zusätzliche Leistungsverbesserungen und Effizienz bedeutet.

Im Gegensatz zu qualitativen Ergebnissen aus PCR-basierten Assays bietet die DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA Analysis Software einen quantitativen MSI-Score, der anhand von über 2.400 Homopolymer-MSI-Markerloci ermittelt wird.

Für die TMB-Analyse optimiert die DRAGEN-Software die Sensitivität, indem sowohl nicht synonyme als auch synonyme SNVs und Indels gemessen werden. Im Anschluss an Varianten-Calling und Fehlerkorrektur wird die Genauigkeit der TMB-Messung weiter erhöht, indem nach Keimbahnvarianten, Varianten mit geringer Konfidenz und Varianten gefiltert wird, die in Zusammenhang mit klonaler Hämatopoese unbestimmten Potenzials stehen.

DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA Analysis Software wird lokal auf einem Illumina DRAGEN Server der Version 3 oder 4 bzw. in der Cloud über Illumina Connected Analytics ausgeführt. Die ultraschnelle DRAGEN-Plattform bietet erweiterte Hardware und Software, die die Dauer der Datenanalyse um ca. 85 % von neun Tagen auf ca. 20 Stunden verkürzen (Abbildung 3). Dank der Kompatibilität mit DRAGEN v3.10 profitieren Anwender von zusätzlicher Flexibilität, da sich TruSight Oncology ctDNA- und TruSight Oncology 500-Assays auf demselben lokalen DRAGEN Server ausführen lassen. Connected Analytics bietet eine sichere, optimierte Cloudplattform für die Genomik, die die Sekundäranalysekapazitäten vergrößert, ohne dass lokale Infrastruktur erworben und gewartet werden muss.⁵ Connected Analytics bietet Datenstreaming- und Autostart-Funktionen, was den manuellen Aufwand verringert.

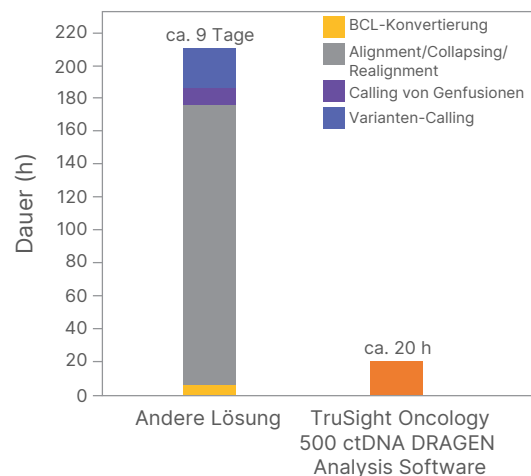



Abbildung 3: Der lokale DRAGEN Server v4 beschleunigt die Datenanalyse: Die TruSight Oncology 500 ctDNA DRAGEN Analysis Software vereint unterschiedliche Datenanalyseschritte in einem einzigen, ca. 20-stündigen Prozess. Das ist eine Zeitersparnis von ca. 85 % im Vergleich zu anderen Lösungen. Der Vergleich der Analysedauer bezieht sich auf die DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA v2.1-Pipeline auf einem DRAGEN Server v4 für 24 Proben mit einer S4-Fließzelle sowie eine andere Lösung mit Einzelknoten (128 GB Speicher, CPU mit 24 Kernen), bei der eine nicht parallel ausgeführte Pipeline für 24 Proben mit einer S4-Fließzelle zum Einsatz kommt.

 Mehr erfahren Sie im technischen Hinweis zu **Sicherheit, Datenschutz und Compliance bei Illumina Connected Analytics.**

Variantauswertung und Berichterstellung sind durch die Integration in Illumina Connected Insights und andere kommerzielle Anbieter wie Pierian Clinical Genomics Workspace (CGW) verfügbar. Varianten-Calling-Dateien, die lokal oder über die Cloud mit Illumina Connected Analytics erstellt werden, können in das gewünschte Tertiäranalysetool hochgeladen werden. Aus potenziell Tausenden von Varianten lassen sich biologisch relevante Varianten filtern und in einem abschließenden, anpassbaren Bericht priorisieren. Der gesamte Workflow, von der cfDNA bis hin zu konsolidierten Variantenberichten, nimmt lediglich fünf Tage in Anspruch (Abbildung 2).

Umfassende Validierung für genaue und hochgradig reproduzierbare Ergebnisse

Zur Verdeutlichung der hohen Qualität der mit TruSight Oncology 500 ctDNA erzielten Ergebnisse hat Illumina zahlreiche Studien zur Calling-Fähigkeit bei SNVs, CNVs, Genfusionen, TMB und MSI durchgeführt (Abbildungen 4 und 5, Tabellen 5 und 6).

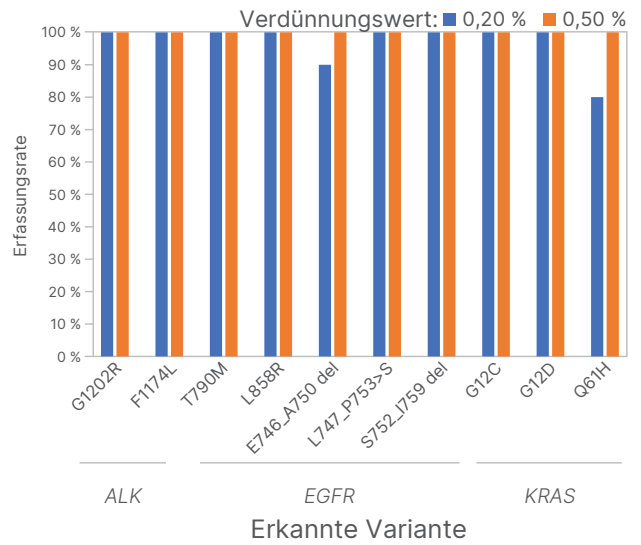


Abbildung 4: Erkennung kleiner Varianten mit geringer VAF: Proben mit bekannter VAF für jede Variante wurden auf Werte zwischen 0,10 und 1,00 % VAF verdünnt. Fünf Replikate für jede Probe wurden mit TruSight Oncology 500 ctDNA unter Verwendung von 30 ng kommerzieller Referenzkontroll-DNA analysiert.

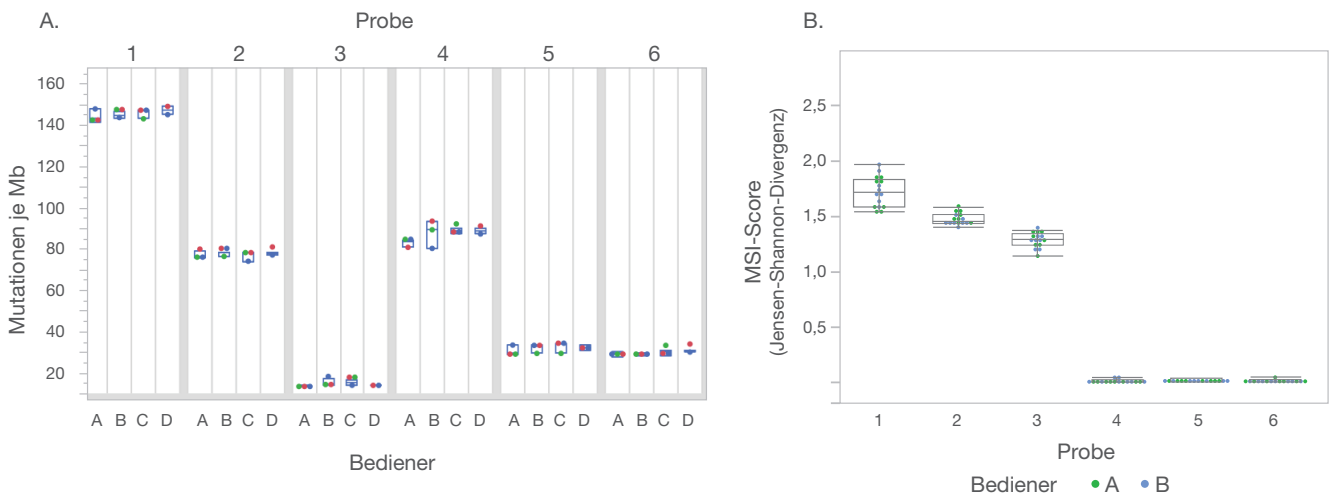


Abbildung 5: Reproduzierbare TMB- und MSI-Messung: (A) TMB wurde in sechs unterschiedlichen Plasmaproben (1–6) bei vier Anwendern (A, B, C, D) dreifach ausgewertet (grüne, blaue und rote Punkte). (B) MSI wurde in drei nukleosomal vorbereiteten Zelllinien mit bekanntem MSI-high-Status (Proben 1–3) und drei cfDNA-Proben aus MSI-high-Tumoren mit geringer Prävalenz (Proben 4–6) bei zwei verschiedenen Anwendern (A – grün, B – blau) evaluiert.

Tabelle 5: Sensitive Erkennung von CNVs

Gen	Erwarteter Fold-Change	Gemessener Mittelwert	Standard-abweichung	Erfassungs-rate
Amplifikationen				
<i>BRCA2</i>	1,8	1,4	0,01	100 %
<i>CCND3</i>	1,5	1,3	0,01	100 %
<i>FGF14</i>	1,3	1,5	0,01	100 %
<i>FGF3</i>	1,6	1,4	0,01	100 %
<i>FGF4</i>	1,7	1,4	0,01	100 %
<i>FGFR2</i>	1,6	1,4	0,01	100 %
<i>MET</i>	1,5	1,3	0,01	100 %
<i>MYC</i>	1,9	1,7	0,02	100 %
Deletionen				
<i>BRCA1</i>	0,7	0,7	0	100 %
<i>BRCA2</i>	0,6	0,6	0,01	100 %

Proben mit bekannten Fold-Change-Werten für Genamplifikationen und Deletionen wurden mit TruSight Oncology 500 ctDNA mit 30 ng cfDNA-Zugabe analysiert. Es wurden fünf Replikate jeder Probe analysiert.

Tabelle 6: Erkennung von Genfusionen bei niedriger VAF

Genfusion	Erwartete VAF	Gemessene VAF	Standard-abweichung	Erfassungs-rate
<i>FGFR2-COL14A1</i>	4,1 %	4,1 %	0,5 %	100 %
<i>NPM1-ALK</i>	3,4 %	0,6 %	0,1 %	100 %
<i>FGFR3-BAIAP2L1</i>	3,4 %	0,8 %	0,2 %	100 %
<i>NPM1-ALK</i>	2,4 %	0,6 %	0,1 %	100 %
<i>EML4-ALK</i>	1,7 %	0,5 %	0,1 %	100 %
<i>CCDC6-RET</i>	1,0 %	0,7 %	0,1 %	100 %
<i>FGFR2-COL14A1</i>	0,9 %	0,4 %	0,2 %	100 %
<i>EML4-ALK</i>	0,7 %	0,2 %	0,1 %	100 %
<i>EML4-ALK</i>	0,5 %	0,5 %	0,3 %	100 %
<i>NPM1-ALK</i>	0,5 %	0,2 %	0,0 %	100 %
<i>NCOA4-RET</i>	0,5 %	0,2 %	0,0 %	100 %
<i>CCDC6-RET</i>	0,2 %	0,1 %	0,1 %	100 %

Es wurden Proben mit bekannten Genfusions-Allelhäufigkeiten zwischen ca. 0,5 und 4 % untersucht. Fünf Replikate für jede Probe wurden mit TruSight Oncology 500 ctDNA unter Verwendung von 30 ng cfDNA analysiert. Richtung der Genfusionen auf Grundlage bekannter Expression. Weitere Informationen zur DNA-basierten Fusionsrichtung finden Sie im [Benutzerhandbuch zur TruSight Oncology 500 ctDNA Local App](#).

Verbesserte Produktmerkmale

Illumina sichert mit herausragendem Service und Support den Erfolg von Laboren. TruSight Oncology 500 ctDNA sorgt mithilfe folgender Merkmale für höhere Effizienz:

- **Vorabbenachrichtigung über Änderungen:** Illumina benachrichtigt Labore sechs Monate vor wesentlichen Änderungen an Produkten des TruSight Oncology 500-Portfolios.
- **Analysezertifikat:** Alle TruSight Oncology 500-Produkte erhalten von der Qualitätssicherungsabteilung von Illumina ein Analysezertifikat (CoA, Certificate of Analysis) zum Nachweis, dass das Produkt die Freigabespezifikationen und die Qualitätsvorgaben erfüllt.
- **Längere Haltbarkeit:** Die garantierte Mindesthaltbarkeit von TruSight Oncology 500-Reagenzien wurde auf sechs Monate verlängert, wodurch das Risiko eines Verfalls des Produkts verringert wird und Labore Reagenzien gemäß dem aktuellen Testaufkommen einsetzen können.

Zusammenfassung

TruSight Oncology 500 ctDNA ist ein NGS-basierter Multiplex-Assay für die Forschung, der Hunderte krebsrelevanter, aus Plasma extrahierter Biomarker gleichzeitig analysiert. Der Assay-Inhalt entspricht aktuellen Richtlinien sowie klinischen Studien. Der einzelne, umfassende Assay erkennt zahlreiche Variantentypen bei 523 Genen, die verschiedene Tumorarten abdecken, ohne dass mehrere Proben für wiederholte Tests erforderlich sind. TruSight Oncology 500 ctDNA ermöglicht außerdem die Auswertung von Immunonkologie- und neuen Biomarkern (TMB, MSI, *NTRK*, *BRAF*, und *RET*). Mit umfassendem Geninhalt, branchenführender Sequenzierungstechnologie und hochentwickelter Software bietet TruSight Oncology 500 ctDNA eine Komplettlösung, die dank einfacher Anwendung und Analyse die schnellere Durchführung von Projekten in der klinischen Forschung ermöglicht.

Weitere Informationen

[TruSight Oncology 500 ctDNA](#)

[NovaSeq 6000 System](#)

[Sekundäranalyse mit DRAGEN](#)

[Illumina Connected Analytics](#)

[Illumina Connected Insights](#)

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
TruSight Oncology 500 ctDNA Kit (48 samples, 16 indexes)	20039252
TruSight Oncology 500 ctDNA Kit plus Pierian Interpretation Report (48 samples, 16 indexes)	20043410
Sequenzierungsreagenzien-Kits	
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028314
NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028312
NovaSeq Xp 4-Lane Kit v1.5	20043131
Lokale Variantenberichte	
Illumina DRAGEN Server v4	20051343
Illumina DRAGEN Server Advance Exchange Plan	20032797
Illumina DRAGEN Server Installation	20031995
Varianten-Calling in der Cloud	
Connected Analytics Basic Annual Subscription	20044874
Connected Analytics Professional Annual Subscription	20044876
Connected Analytics Enterprise Annual Subscription	20038994
Connected Analytics Enterprise Compliance Add-on (nur für Basic)	20066830
Connected Analytics Training and Onboarding	20049422
Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 1 credit	20042038
Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics Starter Pack, 1000 credits	20042039
Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 5000 credits	20042040
Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 50,000 credits	20042041
Connected Analytics Data Storage: Illumina Analytics, 100,000 credits	20042042

Bestellinformationen, Fortsetzung

Produkt	Katalog-Nr.
Erkenntnisse und Berichterstellung	
Illumina Connected Insights—Annual Subscription	20090137
Illumina Connected Insights—Oncology Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Illumina Connected Insights—Training and Onboarding	20092376
Informatics Professional Services	20071787

Quellen

1. Illumina. Enhanced sequencing capabilities with the NovaSeq 6000 v1.5 Reagent Kit. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-v1-5-reagents-tech-note-770-2020-013/novaseq-v1-5-reagents-tech-note-770-2020-013.pdf. Veröffentlicht 2020. Aufgerufen am 30. März 2022.
2. Parikh AR, Leshchiner I, Elagina L, et al. Liquid versus tissue biopsy for detecting acquired resistance and tumor heterogeneity in gastrointestinal cancers. *Nat Med.* 2019;25(9):1415-1421. doi:10.1038/s41591-019-0561-9
3. Leighl NB, Page RD, Raymond VM, et al. Clinical Utility of Comprehensive Cell-free DNA Analysis to Identify Genomic Biomarkers in Patients with Newly Diagnosed Metastatic Non-small Cell Lung Cancer. *Clin Cancer Res.* 2019;25(15):4691-4700. doi:10.1158/1078-0432.CCR-19-0624
4. Illumina. TruSight Oncology UMI Reagents. illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/trusight-oncology-umi-reagents-datasheet-1000000050425.pdf. Veröffentlicht 2017. Aufgerufen am 15. März 2022.
5. Illumina. Illumina Connected Analytics Security Brief. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/ica-security-brief-m-gl-00683/ica-security-brief-m-gl-00683.pdf. Veröffentlicht 2022. Aufgerufen am 16. März 2022.



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 Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-00843 DEU v5.0