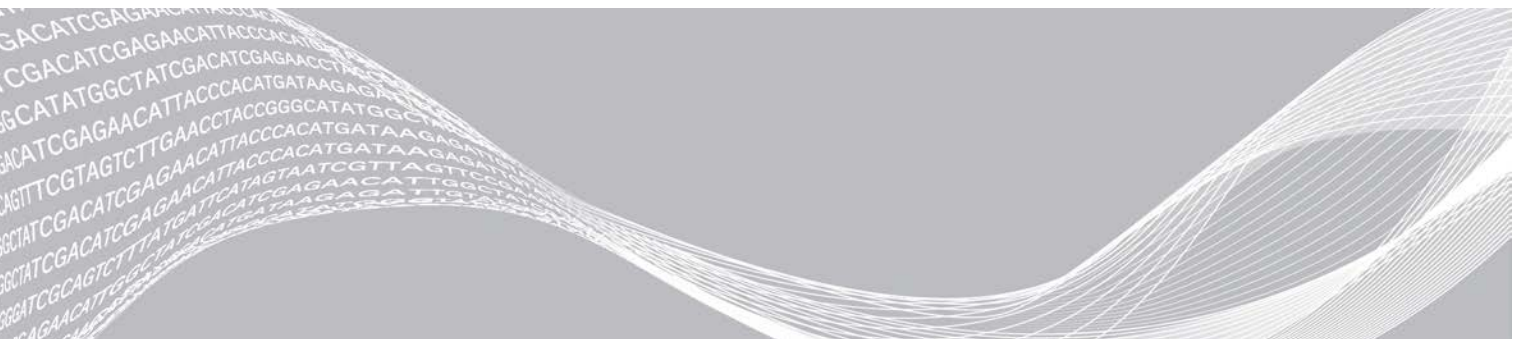


# Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx Analysis Module

Työnkulkuopas NextSeq 550Dx:lle

IN VITRO -DIAGNOSTISEEN KÄYTTÖÖN

Yleiskatsaus	3
Ajotietojen syöttäminen	3
Analyysimenetelmät	5
Ajon ja tulosten tarkasteleminen	5
Tulosraportti	6
Analyysin tuotostiedostot	6
Versiohistoria	10
Tekninen tuki	11



Tämä asiakirja ja sen sisältö ovat Illumina, Inc:n ja sen tytäryhtiöiden ("Illumina") omaisuutta, ja ne on tarkoitettu ainoastaan Illuminan asiakkaiden sopimuskäyttöön tässä kuvattujen tuotteiden käyttöön liittyen eikä mihinkään muuhun tarkoitukseen. Tätä asiakirjaa ja sen sisältöä ei saa käyttää tai jakaa missään muussa tarkoituksessa ja/tai välittää, paljastaa tai jäljentää millään muulla tavoin ilman Illuminalta ennakoon saatua kirjallista lupaa. Illumina ei tällä asiakirjalla luovuta mitään käyttöoikeuksia sen patenti-, tavaramerkki-, tekijänoikeus- tai tapaoikeuksien nojalla eikä vastaavien kolmansien osapuolten oikeuksien nojalla.

Tässä kuvattuja tuotteita saa käyttää vain pätevä ja asianmukaisesti koulutettu henkilökunta noudattamalla täsmällisesti tässä asiakirjassa annettuja ohjeita, jotta tuotteiden asianmukainen ja turvallinen käyttö voidaan taata. Asiakirjan sisältö on luettava ja ymmärrettävä kokonaisuudessaan ennen näiden tuotteiden käyttöä.

MIKÄLI TÄSSÄ ANNETTUJA OHJEITA EI LUETA JA TÄSMÄLLISESTI NOUDATETA, SEURAUKSENA VOI OLLA TUOTTEIDEN VAURIOITUMINEN, HENKILÖVAHINKOJA JOKO KÄYTTÄJILLE TAI MUILLE JA MUITA OMAISUUSVAHINKOJA, MINKÄ LISÄKSI TUOTTEITA MAHDOLLISESTI KOSKEVAT TAKUUT MITÄTÖITYVÄT.

ILLUMINA EI OLE VASTUUSSA TÄSSÄ KUVATTUJEN TUOTTEIDEN VÄÄRINKÄYTÖSTÄ (MUKAAN LUKIEN TUOTTEEN OSAT JA OHJELMISTO).

© 2022 Illumina, Inc. Kaikki oikeudet pidätetään.

Kaikki tavaramerkit ovat Illumina, Inc:n tai niiden vastaavien omistajien omaisuutta. Tarkemmat tavaramerkkitiedot annetaan osoitteessa [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).

## Yleiskatsaus

Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx -moduuli demultipleksoi ensin indeksoidut readit. Mikäli DNA GenerateFASTQ Dx on mukana, se luo välitulostustiedostot FASTQ-tiedostomuodossa ja poistuu sen jälkeen työnkulusta. Kohdistusta tai lisäanalyysia ei suoriteta. FASTQ-tiedostoja tarvitaan syötteeksi analyysiin, joka suoritetaan kolmannen osapuolen analyysityökaluilla.

Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx -moduuli voidaan ajaa Local Run Manager v3.1.0 -versiossa (tai sitä uudemmassa versiossa), ja se on yhteensopiva NextSeq 550Dx Operating Software (NOS) v1.4 -version (tai sitä uudemman version) kanssa. Analyysimoduuli tukee sekvensointia Illumina DNA Prep With Enrichment Dx -määrittystä varten.

## Tietoa tästä oppaasta

Tässä oppaassa annetaan ohjeet ajoparametrien määrittämiseksi sekvensointia ja DNA GenerateFASTQ Dx -analyysimoduulin analysointia varten. Ohjelmiston käyttäminen edellyttää perustietoja Windows-käyttöjärjestelmän uusimmasta versiosta ja verkkoselainpohjaisesta käyttöliittymästä. Tietoa Local Run Managerin koontinäyttö- ja järjestelmän asetuksista on *NextSeq 550Dx -laitteen viiteoppaassa (asiakirjanro 1000000009513)*.

## Ajotietojen syöttäminen

### Parametrien määrittäminen

- 1 Kirjaudu sisään Local Run Manageriin.
- 2 Valitse **Create Run** (Luo ajo) ja valitse sitten **DNA GenerateFASTQ Dx**.
- 3 Anna ainutkertainen ajon nimi, jonka perusteella ajo tunnistetaan sekvensoinnin ja analyysin aikana (enintään 40 merkkiä).  
Ajonimi voi sisältää aakkosnumeerisia merkkejä, välilyöntejä ja erityismerkkejä `~!@#$_-_{}`.  
Aiemman ajon nimeä ei voida käyttää.
- 4 **[Valinnainen]** Syötä ajon kuvaus ajon tunnistamisen helpottamiseksi (enintään 150 merkkiä).  
Ajon kuvaus voi sisältää aakkosnumeerisia merkkejä, välilyöntejä ja seuraavia erityismerkkejä:  
`~!@#$_-_{}`.
- 5 Seuraavien ajoasetusten määrittäminen
  - ▶ Index Plate (Indeksilevy) – valitse indeksilevyn asettelu, jota käytetään kirjaston valmistelun aikana. Voit valita indeksijoukosta A, indeksijoukosta B ja indeksijoukosta AB. Lisätietoja indeksilevyn asetteluista on kohdassa *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx -pakkausseloste*. Indeksijoukot A ja B sisältävät 96 näytettä ja vastaavat ainutkertaiset kaksoisalakkeet (UDP:t). Indeksijoukko AB sisältää 192 näytettä ja vastaavat UDP:t.
  - ▶ Read Type (Readin tyyppi) – valitse yksittäinen read tai paired-end-read. Oletusarvoinen readin tyyppi on paired-end.
  - ▶ Read Lengths (Readien pituudet) – syötä readin pituus. Readin oletusarvoinen pituus on 151.
- 6 Määritä Module-Specific Settings (Moduulikohtaiset asetukset) -kohdassa Adapter Trimming (Adapterin leikkaus) -vaihtoehto.  
Adapterin leikkaus on oletusarvoisesti käytössä.
- 7 Valitse sekvensoitavien näytteiden määrä. Valittuun näytteiden määrään sisältyvät automaattisesti täytetyt UDP-suositukset. Jos et halua käyttää UDP-suosituksia, valitse **Custom** (Mukauta).

Jos sekvensoimiesi näytteiden määrä ei sisälly avattavaan valikkoon, valitse lähin näytemäärä. Varmista, että valittu määrä on pienempi kuin sekvensoitava määrä ja että ylimääräisiä UDP-kohteita lisätään tarpeen mukaan. Voit esimerkiksi testata 18 näytettä valitsemalla 16 näytettä.

## Näytteiden määrittäminen ajoa varten

Määritä näytteet ajoa varten käyttämällä jompaakumpaa seuraavista vaihtoehdoista.

- ▶ **Enter Samples Manually** (Syötä näytteet manuaalisesti) – Käytä Create Run (Luo ajo) -näytön tyhjää taulukkoa.
- ▶ **Import Samples** (Tuo näytteet) – Siirry ulkoiseen tiedostoon, jossa arvot on erotettu toisistaan pilkulla (\*.csv). Create Run (Luo ajo) -näytössä on saatavilla ladattava malli.

## Näytteiden syöttäminen manuaalisesti

- 1 Syötä ainutkertainen näytetunnus Sample ID (Näytetunnus) -välilehdelle. Käytä aakkosnumeerisia merkkejä ja/tai väliviivoja (enintään 40 merkkiä). Näytetunnus ja vastaava näytekuvaus sekä UDP-asema korostetaan sinisellä merkiksi siitä, että näyte on syötetty.
- 2 **[Valinnainen]** Voit valita positiiviset ja negatiiviset kontrollinäytteet napsauttamalla näytekuoppia hiiren oikealla painikkeella.
- 3 **[Valinnainen]** Syötä näytekuvaus näytteen Description (Kuvaus) -välilehteen. Näytekuvaus voi sisältää aakkosnumeerisia merkkejä, pisteitä ja erityismerkkejä `~!@#\$\_-\_{}`. Väilyönnit eivät ole sallittuja. Jos näytekuvaukseen yhdistettävää näytetunnusta käytetään uudelleen myöhemässä ajossa, alkuperäinen näytekuvaus korvataan.
- 4 Muokkaa suosittuja UDP-asemia tarpeen mukaan. Ehdotetut näytekuoppa-asetukset korostetaan keltaisella, violetilla, oranssilla ja vaaleanpunaisella. Jos käytetään ehdotettuja näytekuoppia, ohjelmisto täyttää automaattisesti UDP-indeksisovittimet, jotka vastaavat diversiteetti-indeksin vaatimuksia. Mikäli valitsemiesi näytteiden määrä ei ole testamiesi näytteiden tarkka määrä, varmista, että valitaan UDP-indeksisovittimet ylimääräisille kuopille.
- 5 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Export Samples** (Näytteiden vienti) voit viedä näytetietotiedoston.
- 6 Valitse **Save Run** (Tallenna ajo).

## Näytetiedostojen tuonti

Voit tuoda näytetiedot näytetietotiedostosta, joka on aiemmin viety DNA GenerateFASTQ Dx -moduulista Export Samples (Näytteiden vienti) -ominaisuuden tai mallitiedoston avulla. Se voidaan luoda valitsemalla **Template** (Malli) Create Run (Luo ajo) -näytöltä. Katso kohdasta *Näytteiden syöttäminen manuaalisesti* sivulla 4 ohjeet näytetietojen luontiin ja vientiin.

Mallitiedostoon ei sisälly automaattisesti täytettyjä UDP-suosituksia.

Mallitiedoston muokkaaminen:

- 1 Valitse **Template** (Malline) Create Run (Luo ajo) -näytöltä, jotta voit luoda uuden levyasettelun. Mallitiedosto sisältää oikeat sarakeotsikot tuontia varten. Muokkaa tiedostoa seuraavasti.
  - a Avaa näytetiedosto tekstieditorissa.
  - b Anna vaaditut näytetiedot.
  - c Tallenna tiedosto muodossa, jossa arvot erotetaan pilkulla (\*.csv). Varmista, että näytetunnukset ovat ainutkertaisia.

Voit tuoda näytetiedot seuraavasti:

- 2 Valitse **Import Samples** (Tuo näytteet) ja valitse sitten CSV-tiedosto.
- 3 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Export** (Vie) voit viedä näytetiedot ulkoiseen tiedostoon.
- 4 Valitse **Save Run** (Tallenna ajo).

## Ajon muokkaaminen

Katso ennen sekvensointia tapahtuvaa ajon tietojen muokkausta koskevat ohjeet *NextSeq 550Dx -laitteen viiteoppaasta (asiakirjanro 1000000009513)*.

## Analyysimenetelmät

DNA GenerateFASTQ Dx -analyysimoduuli suorittaa seuraavat analyysivaiheet ja kirjoittaa sitten analyysin tuotostiedostot Alignment (Kohdistus) -kansioon.

- ▶ Demultipleksoidaan indeksireadit
- ▶ Luodaan FASTQ-tiedostot

## Demultipleksointi

Demultipleksoinnissa verrataan kutakin Index Read -sekvenssiä ajoa varten määritettyihin indeksisekvensseihin. Tässä vaiheessa ei oteta huomioon laatuarvoja.

Indeksireadit tunnistetaan suorittamalla seuraavat vaiheet:

- ▶ Näytteet numeroidaan alkaen 1:stä sen järjestyksen perusteella, jossa ne on lueteltu ajoa varten.
- ▶ Näytenumero 0 on varattu klustereille, joita ei ole määrätty näytteeseen.
- ▶ Klusterit määrätään näytteeseen, kun indeksisekvenssi on tarkka osuma tai kun indeksireadia kohti on enintään yksi yhteensopimattomuus.

## FASTQ-tiedoston luonti

Demultipleksoinnin jälkeen ohjelmistossa luodaan välianalyysitiedostoja FASTQ-muodossa. Se on tekstimuoto, jota käytetään sekvenssien esittämiseen. FASTQ-tiedostot sisältävät readeja kustakin näytteestä ja niihin liittyvistä laatupesteytyksistä. Ajossa käytetyt kontrollit ja klusterit, jotka eivät läpäisseet suodattimia, jätetään pois.

Jokainen FASTQ-tiedosto sisältää readeja vain yhdestä näytteestä, ja kyseisen näytteen nimi sisällytetään FASTQ-tiedoston nimeen. FASTQ-tiedostot ovat kohdistuksen pääasiallisia syötetietoja.

## Ajon ja tulosten tarkasteleminen

- 1 Valitse Local Run Manager -koontinäytöltä ajon nimi.
- 2 Tarkista sekvensointiajon mittarit Run Overview (Ajon yleiskatsaus) -välilehdestä.
- 3 Voit muuttaa analyysitietotiedoston sijaintia valitun ajon tulevaa uudelleen jonoon asettamista varten valitsemalla **Edit** (Muokkaa) -kuvaketta ja muokkaamalla tulostusajon kansiopolkua. Tulostusajokansion nimeä ei voida muokata.
- 4 **[Valinnainen]** Valitsemalla **Copy to Clipboard** (Kopioi leikepöydälle) voit kopioida tuotosajon kansiopulun.
- 5 Valitsemalla Sequencing Information (Sekvensointitiedot) -välilehden voit tarkastella ajoparametreja ja tarviketietoja.

- 6 Valitsemalla Samples and Results (Näytteet ja tulokset) -välilehden voit tarkastella analyysiraporttia.
  - ▶ Mikäli analyysi asetettiin uudelleen jonoon, valitse asianmukainen analyysi avattavasta Select Analysis (Valitse analyysi) -luettelosta.
  - ▶ Valitse vasemmasta navigointipalkista näytetunnus, jotta voit tarkastella muun näytteen raporttia.
- 7 **[Valinnainen]** Kopioi analyysikansion tiedostopolku valitsemalla **Copy to Clipboard** (Kopioi leikepöydälle).

## Tulosraportti

Results (Tulokset) tiivistetään Samples (Näytteet)- ja Results (Tulokset) -välilehdellä.

## Näytteet

Taulukko 1 Näytetaulukko

Sarakkeen otsikko	Kuvaus
Sample ID (Näytetunnus)	Näytetunnus, joka ilmoitettiin ajoa luotaessa.
Plate (Levy)	Indeksilevyn mukana ajon luonnin yhteydessä ilmoitettava levy. Sarake näytetään vain, jos valitaan indeksilevy AB.
Index Well (Indeksikuoppa)	Näytekuopan sijainnin mukana ajon luonnin yhteydessä ilmoitettava indeksikuoppa.
Description (Kuvaus)	Näytekuvaus, joka ilmoitettiin ajoa luotaessa.
UDP	Näytteen kanssa käytettävä UDP.
Control (Kontrolli)	Näytteen kanssa käytettävä positiivinen tai negatiivinen kontrolli.

## Indeksointi

Taulukko 2 Indeksointitaulukko

Sarakkeen otsikko	Kuvaus
Index Number (Indeksinumero)	Määritetty tunnus, joka perustuu järjestykseen, jossa näytteet luetellaan näytetaulukossa.
Sample ID (Näytetunnus)	Näytetunnus, joka ilmoitettiin ajoa luotaessa.
UDP	Näytteen kanssa käytettävä UDP.
% Reads Identified (PF) (% tunnistettuja readeja (PF))	Suodattimet läpäisseiden readien prosenttiosuus.

## Analyyisin tuotostiedostot

Seuraavat analyysitulostustiedostot luodaan DNA GenerateFASTQ Dx -analyysimoduulille.

Tiedostonimi	Kuvaus
Demultiplexing (*.demux)	Välitiedostot sisältävät demultiplexing-tuloksia.
FASTQ (*.fastq.gz)	Välitiedostot, jotka sisältävät laatupesteytykseen perustuvia emästen tunnistuksia. FASTQ-tiedostot ovat kohdistusvaiheen pääasiallisia syötetietoja.

## Demultipleksointi-tiedostomuoto

Demultipleksointiprosessissa luetaan kuhunkin klusteriin liitetty hakemistosekvenssi klustereiden alkuperänäytteen määrittämiseksi. Klustereiden ja näytenumeron välinen kartoitus kirjoitetaan demultipleksointitiedostoon (\*.demux) virtauskyvetin jokaisen ruudun kohdalla.

Demultipleksointitiedoston nimeämismuoto on `s_1_X.demux`, jossa X on ruudun numero.

Demultipleksointitiedostojen alussa on otsikko:

- ▶ Versio (4-tavuinen kokonaisluku), tällä hetkellä 1
- ▶ Klusterimäärä (4-tavuinen kokonaisluku)

Tiedoston muu osa koostuu ruudun kunkin klusterin näytenumeroista.

Kun demultipleksointivaihe on valmis, ohjelmisto luo demultipleksointitiedoston nimeltä `DemultiplexSummaryF1L1.txt`.

- ▶ Tiedostonimessä **F1** edustaa virtauskyvetin numeroa.
- ▶ Tiedostonimessä **L1** edustaa kaistan numeroa.
- ▶ Demultipleksoinnin tuloksena syntyy taulukko, jossa on yksi rivi ruutua kohti ja yksi sarake näytettä kohti, näyte 0 mukaan luettuna.
- ▶ Indeksireadien yleisimmin ilmenevät sekvenssit.

## FASTQ-tiedostomuoto

FASTQ on tekstipohjainen tiedostomuoto, joka sisältää emästen tunnistuksia ja laatuarvoja readia kohti. Jokaisessa tietueessa on 4 riviä:

- ▶ Tunniste
- ▶ Sekvenssi
- ▶ Plus-merkki (+)
- ▶ Phred-laaturipisteytykset ASCII + 33 -koodatussa muodossa

Tunniste muotoillaan seuraavasti:

**@Instrumentti:Ajotunniste:Virtauskyvettitunniste:Kaista:Ruutu:X:Y Read-numero:Suodatinlippu:0:Näytenumero**

Esimerkki:

```
@SIM:1:FCX:1:15:6329:1045 1:N:0:2
TCGCACTCAACGCCCTGCATATGACAAGACAGAATC
+
<>;##=><9=AAAAAAAAAAA9#:<#<;<<<????#=#
```

## Täydentävät tuotostiedostot

Seuraavissa tuotostiedostoissa annetaan täydentäviä tietoja tai tiivistetään ajotulokset ja analyysivirheet. Vaikka näitä tiedostoja ei tarvita analyysitulosten arviointiin, niitä voidaan käyttää vianmääritystarkoituksiin. Kaikki tiedostot sijaitsevat Alignment (Kohdistus) -kansiossa, ellei muuta ole ilmoitettu.

Tiedostonimi	Kuvaus
<b>AdapterTrimming.txt</b>	Luettelo leikatuista emäksistä ja emästen prosenttiosuuksista kunkin ruudun kohdalla. Tämä tiedosto on mukana vain, jos adapterin leikkaus määritettiin ajoa varten.
<b>AnalysisLog.txt</b>	Prosessointiloki, jossa kuvataan kaikki kulloisenkin ajokansion analyysin aikana suoritettut vaiheet. Tämä tiedosto ei sisällä virheilmoituksia. Sijaitsee ajokansion päätasolla.

Tiedostonimi	Kuvaus
<b>AnalysisError.txt</b>	Prosessointiloki, jossa luetellaan analyysin aikana ilmenneet mahdolliset virheet. Tämä tiedosto on tyhjä, ellei virheitä ilmennyt. Sijaitsee ajokansion päätasolla.
<b>CompletedJobInfo.xml</b>	Kirjoitettu analyysin valmistumisen jälkeen, sisältää tietoa ajosta, kuten päivämäärän, virtauskyvetin tunnuksen, ohjelmistoversion ja muita parametreja. Sijaitsee ajokansion päätasolla.
<b>Checksum.csv</b>	Sisältää tiedostonimet ja ainutkertaiset tarkistussumma-arvot määritettyjen ja määrittämättömien FASTQ-tiedostojen, BCL-tiedostojen sekä <b>SampleSheetUsed.csv</b> -tiedoston kohdalla.
<b>DemultiplexSummaryF1L1.txt</b>	Demultiplexoinnin tulokset ilmoitetaan taulukossa, jossa on 1 rivi ruutua kohti ja 1 sarake näytettä kohti.
<b>GenerateFASTQRunStatistics.xml</b>	Sisältää ajokohtaiset tiivistetyt tilastot. Sijaitsee ajokansion päätasolla.

## Analyysikansio

Analyysikansiossa on Local Run Manager -ohjelmistossa luodut tiedostot.

Tuotos- ja analyysikansion välinen suhde tiivistetään seuraavasti:

- ▶ Sekvensoinnin aikana reaaliaikainen analyysi (RTA, Real-Time Analysis) täyttää tuotokansion kuva-analyysin, emästen tunnistamisen ja laadun pisteytyksen aikana luoduilla tiedostoilla.
- ▶ RTA kopioi tiedostot analyysikansioon reaaliajassa. Kun RTA määrää laatupisteet kunkin jakson kullekin emäkselle, ohjelmisto kirjoittaa tiedoston RTAComplete.xml molempiin kansioihin.
- ▶ Kun tiedosto RTAComplete.xml on mukana, analyysi alkaa.
- ▶ Analyysin jatkuessa Local Run Manager kirjoittaa tuotostiedostot analyysikansioon ja kopioi sitten tiedostot takaisin tuotokansioon.

## Alignment (Kohdistus) -kansiot

Kun analyysi asetetaan uudelleen jonoon, Local Run Managerissa luodaan kohdistuskansio nimeltä **Alignment\_N**, jossa N on peräkkäinen numero.

### Kansion rakenne

- 📁 Data (Tiedot)
- 📁 Alignment\_## or Alignment\_Imported\_##
  - 📁 [Ajon aikaleima]
    - 📁 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
    - 📁 Logging (Kirjautuminen)
      - 📁 BuildFastq0.stdout.txt



- 📁 BuildFastq1.stdout.txt
- 📁 commands.txt
- 📁 Plots (Kuviot)
- 📁 AdapterCounts.txt
- 📁 AdapterTrimming.txt
- 📁 AnalysisError.txt
- 📁 AnalysisLog.txt
- 📁 Checkpoint.txt
- 📁 Checksum.csv
- 📁 CompletedJobInfo.xml
- 📁 DemultiplexSummaryF1L1.txt
- 📁 GenerateFASTQRunStatistics.xml
- 📁 SampleSheetUsed.csv

## Emästen tunnistaminen ja indeksin monimuotoisuus

Kun näytteet sekvensoidaan NextSeq 550Dx -laitteessa, emästen tunnistuksella määritetään emäs (A, C, G tai T) tietyn ruudun tai virtauskyvetin kuvantamisalueen jokaista klusteria kohti tietyssä jaksossa. NextSeq 550Dx -laitteessa käytetään kaksikanavasekvensointia, joka edellyttää kahta kuvaa neljän DNA-emäksen koodaukseen, yhtä punaisesta ja yhtä vihreästä kanavasta.

Emäksen tunnistamisen indeksin readien prosessi eroaa emäksen tunnistamisesta muiden readien aikana.

Indeksin readien täytyy alkaa vähintään yhdellä emäksellä, joka on muu kuin G yhdessä kahdesta ensimmäisestä jaksosta. Mikäli indeksin read alkaa kahdella G-emäksen tunnistuksella, signaalin intensiteettiä ei luoda. Demultipleksoinnin suorituskyvyn varmistamiseksi signaalin on oltava läsnä jommassakummassa ensimmäisestä kahdesta jaksosta.

Kun ajon luonnin aikana valitaan indeksejä, näkyviin tulee alhaisen diversiteetin varoitus, jos indeksit eivät vastaa diversiteettivaatimuksia. Valitse alhaisen diversiteetin varoituksen välttämiseksi indeksisekvenssejä, joilla saadaan signaali molemmista kanavista kunkin jakson kohdalla.

- ▶ Punainen kanava—A tai C
- ▶ Vihreä kanava—A tai T

Tällä emästen tunnistusprosessilla varmistetaan tarkkuus kompleksiltaan matalia näytteitä analysoitaessa. Lisätietoja indeksiesi sekvensseistä on kohdassa *Illumina DNA Prep With Enrichment Dx -pakkausseloste*.

Luotaessa ajoa Local Run Managerissa valitset testattavien näytteiden määrän. Ehdotetut indeksiyhdistelmät, jotka vastaavat indeksin diversiteettivaatimuksia, täytetään automaattisesti ohjelmistossa. Vaikka sinun ei tarvitse käyttää ehdotettuja UDP-indeksiyhdistelmiä, se on suositeltavaa.

## Versiohistoria

<b>Asiakirja</b>	<b>Päivämäärä</b>	<b>Muutoksen kuvaus</b>
Asiakirjanro 200015671 v01	Toukokuu 2022	Lisätty australialaisen rahoittajan osoite. Selvennetty näytekuvausten rajallisuutta.
Asiakirjanro 200015671 v00	Helmikuu 2022	Alustava julkaisu

## Tekninen tuki

Teknisissä kysymyksissä voit ottaa yhteyttä Illuminan tekniseen tukeen.

**Verkkosivusto:** [www.illumina.com](http://www.illumina.com)  
**Sähköposti:** [techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com)

Illuminan asiakastuen puhelinnumerot

Alue	Ilmainen	Alueellinen
Pohjois-Amerikka	+1 800 809 4566	
Alankomaat	+31 8000222493	+31 207132960
Australia	+1 800 775 688	
Belgia	+32 80077160	+32 34002973
Espanja	+34 911899417	+34 800300143
Etelä-Korea	+82 80 234 5300	
Hongkong, Kiina	800960230	
Irlanti	+353 1800936608	+353 016950506
Italia	+39 800985513	+39 236003759
Itävalta	+43 800006249	+43 19286540
Japani	0800 111 5011	
Kiina	400 066 5835	
Norja	+47 800 16836	+47 21939693
Ranska	+33 805102193	+33 170770446
Ruotsi	+46 850619671	+46 200883979
Saksa	+49 8001014940	+49 8938035677
Singapore	+1 800 579 2745	
Suomi	+358 800918363	+358 974790110
Sveitsi	+41 565800000	+41 800200442
Taiwan, Kiina	00806651752	
Tanska	+45 80820183	+45 89871156
Uusi-Seelanti	0800 451 650	
Yhdistynyt kuningaskunta	+44 8000126019	+44 2073057197
Muut maat	+44 1799 534000	

Käyttöturvallisuustiedotteet (KTT) – saatavilla Illuminan verkkosivustolta osoitteesta [support.illumina.com/sds.html](http://support.illumina.com/sds.html).

Tuotetokumentaatio – ladattavissa osoitteesta [support.illumina.com](http://support.illumina.com).



Illumina  
5200 Illumina Way  
San Diego, California 92122 U.S.A.  
+1 800 809.ILMN (4566)  
+1 858 202 4566 (Pohjois-Amerikan ulkopuolella)  
techsupport@illumina.com  
www.illumina.com

CE



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

**Rahoittaja Australiassa**

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

**IN VITRO -DIAGNOSTISEEN KÄYTTÖÖN**

© 2022 Illumina, Inc. Kaikki oikeudet pidätetään.

**illumina®**