

TruSight™ Hereditary Cancer-Panel

Von Experten festgelegte Inhalte für Gene, die mit einer Prädisposition für verschiedene Krebsarten in Verbindung gebracht werden, mit bewährter Technologie für Sequenzierung der nächsten Generation.

Vorteile

- **Umfassender Inhalt für die Untersuchung von Keimbahnmutationen**

Panel umfasst 113 von Experten ausgewählte Gene, die mit einer Prädisposition für erbliche Krebsarten in Verbindung gebracht werden

- **Schneller Workflow mit Nextera™ Flex for Enrichment**

Einfaches Protokoll zur Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung in 6,5 Stunden (2 Stunden manueller Aufwand)

- **Flexibilität dank Illumina-Systemen**

Kompatibilität mit allen Illumina-Tischsequenzierern ermöglicht einen Durchsatz von 2–256 Proben je Lauf

- **Qualitativ hochwertige Sequenzierungsdaten**

Herausragende Coverage-Einheitlichkeit für die genaue Bestimmung von SNVs, Indels und CNVs dank Hybriderfassungsanreicherung

für jedes Zielgen abdecken. Der Assay verwendet die in Nextera Flex for Enrichment integrierte Hybriderfassungsschemie, die neueste Bibliotheksvorbereitungsschemie von Illumina.¹ Nextera Flex for Enrichment ist 85 % schneller als die herkömmliche Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung von Illumina. Dies wird durch eine innovative Bead-basierte Chemie mit einem vereinfachten einzelnen Hybridisierungsschritt erreicht. Nextera Flex for Enrichment ist zudem mit allen Illumina-Tischsequenzierern kompatibel und ermöglicht so mit einer großen Spannweite beim Probendurchsatz (Tabelle 1) Flexibilität bei der Versuchsanordnung. Dank der Kombination aus der Geschwindigkeit von Nextera und dem MiSeq™-System lässt sich der gesamte Workflow (Abbildung 1) von der Probe bis zur Datenanalyse in 48 Stunden durchführen.

Tabelle 1: Spezifikationen des TruSight Hereditary Cancer-Panels

Parameter	Details
System	iSeq™ 100-System, MiniSeq™-System, MiSeq-System, 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	Insgesamt 6,5 Stunden, davon 2 Stunden manueller Aufwand
Probendurchsatz	384 Indizes verfügbar für variablen Durchsatz von 2–256 Proben pro Lauf bei einer durchschnittlichen Coverage von 300x (minimale Coverage von 100x)
Proben je Röhrchen	8 Anreicherungen (bis zu 12 Proben je Anreicherung)

a. Für die Extraktion direkt aus Blut oder Speichel ist das Flex Lysis Reagent Kit (Zusatzprodukt) erforderlich.

Einleitung

Wissenschaftler müssen zur Erforschung der Rolle, die genetische Varianten bei der Krebsprädisposition spielen, Gene mit den betreffenden Varianten umfassend untersuchen können. Das TruSight Hereditary Cancer-Panel eröffnet Laboren diese Möglichkeit. Das gemeinsam mit Experten für Krebsgenomik entwickelte TruSight Hereditary Cancer-Panel dient zur gezielten Sequenzierung bei der Bestimmung von Keimbahnmutationen bei 113 Genen und 125 Einzelnukleotid-Polymorphismen (Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs) für Identifikationszwecke und das polygene Risiko-Scoring.

Der Assay nutzt vorgefertigte, gebrauchsfertige Oligo-Sonden, die alle exonischen Regionen und 20 bp angrenzender intronischer Regionen

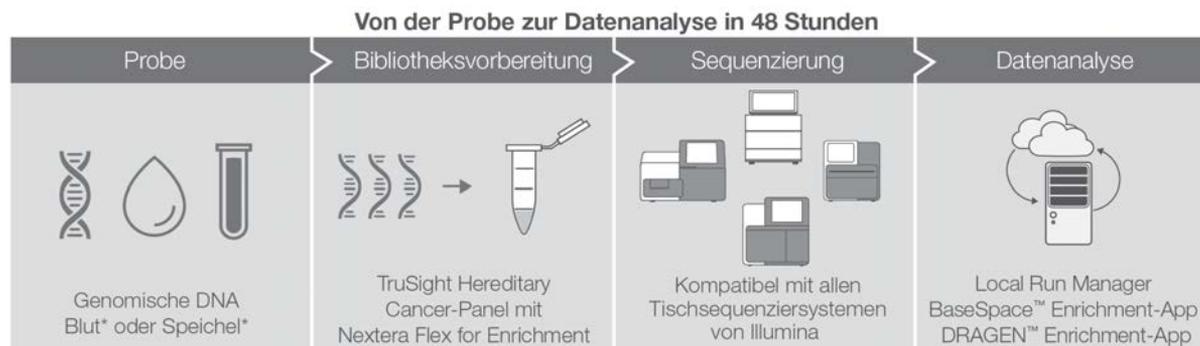


Abbildung 1: Schneller, flexibler NGS-Workflow – Das TruSight Hereditary Cancer-Panel wurde mit der Nextera Flex-Bibliotheksvorbereitungsschemie entwickelt, die Bibliotheksvorbereitung und Anreicherung umfasst. Ein schneller, optimierter Workflow, der in nur 6,5 Stunden vollständig angereicherte Bibliotheken generiert. TruSight Hereditary Cancer ist zudem mit den Systemen der Serien iSeq 100, MiniSeq, MiSeq und NextSeq kompatibel.

*Für die Extraktion direkt aus Blut oder Speichel ist das Flex Lysis Reagent Kit (Zusatzprodukt) erforderlich.



Abbildung 2: Mit dem TruSight Hereditary Cancer-Panel erreichbarer Durchsatz auf vier Illumina-Sequenziersystemen.

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

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

a. Die theoretisch erreichbaren Ausgaben und Zeiten basieren auf den Spezifikationen der iSeq 100- und MiniSeq-Systeme. Die interne Verifizierung des TruSight Hereditary Cancer-Panels wurde nur auf den MiSeq- und NextSeq-Systemen durchgeführt.

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

Flexibilität 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 zum jeweiligen Labor auswählen. Der Probendurchsatz kann 2–256 Proben pro Lauf umfassen (Abbildung 2, 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. Der Inhalt wurde unter Mitwirkung wichtiger Meinungsführer im Bereich der Einschätzung genetischer Risiken entwickelt. Das Panel enthält 10.341 Sonden für 113 Gene (Tabelle 3), die mit einer Krebsprädisposition in Zusammenhang gebracht, in wichtigen Richtlinien empfohlen (Abbildung 3) 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 (Single-Nucleotide Variants, SNVs), Insertionen/Deletionen (Indels) und Kopienzahlvarianten (Copy Number Variants, CNVs) mit einem einzelnen Assay.

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

Abbildung 3: Gene, die in wichtigen Richtlinien für die Risikominderung aufgeführt werden

Tabelle 3: Geninhalt des TruSight Hereditary Cancer-Panels

<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>	

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

Schneller Workflow für die Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung

Das TruSight Hereditary Cancer-Panel nutzt Nextera Flex for Enrichment. So lässt sich die Bibliotheksvorbereitung in 6,5 Stunden abschließen. Der manuelle Aufwand beträgt lediglich 2 Stunden. Eine entscheidende Komponente der Nextera Flex for Enrichment-Lösung ist die On-Bead-Tagmentierung. Diese liefert mithilfe Bead-gebundener Transposons eine einheitliche Tagmentierungsreaktion (Abbildung 4). Dank dieser Strategie sind keine weiteren Schritte zur DNA-Fragmentierung mehr erforderlich. Bei gDNA-Zugaben zwischen 10–50 ng sind dank dem sättigungs-basierten DNA-Normalisierungsverfahren vor der Anreicherung außerdem weder eine individuelle Bibliotheksquantifizierung noch Normalisierungsschritte erforderlich. Die Target-Anreicherung erfolgt anhand bewährter Hybriderfassungsschemie, 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.

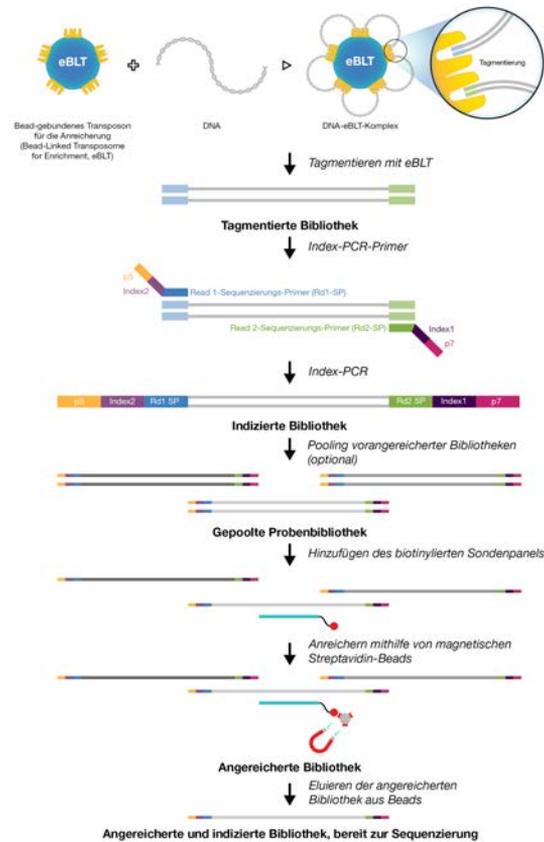


Abbildung 4: Nextera Flex for Enrichment-Workflow – Die eBLT-vermittelte einheitliche Tagmentierungsreaktion und die anschließende einzelne Hybridisierungsreaktion sorgen für einen schnellen und flexiblen Workflow.

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-Performance wurden Proben von Forschungspartnern auf zwei Sequenziersystemen verarbeitet und die Sequenzierungsmetriken ausgewertet. Eine DNA-Zugabe von 50 ng von jeweils acht Proben wurde mit Nextera Flex for Enrichment mit 8-plex-Anreicherungen vorbereitet und auf dem MiSeq-System sowie dem NextSeq-System sequenziert. Anschließend wurden die Daten mit der BaseSpace Enrichment App Version 3.1.0 ausgewertet. Die Ergebnisse zeigten eine hohe Coverage-Einheitlichkeit (Abbildung 5).

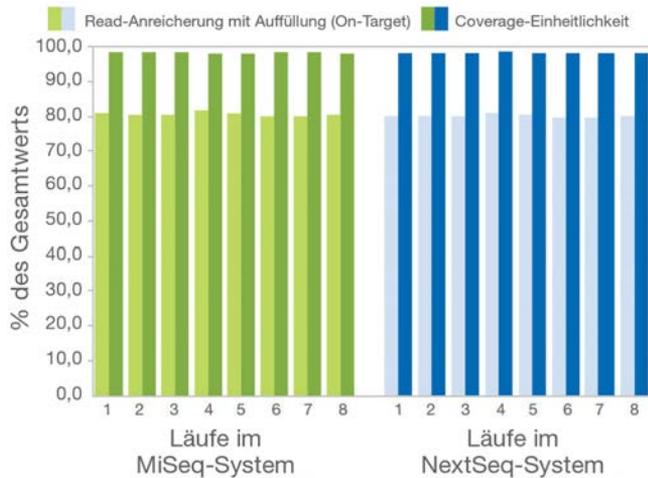


Abbildung 5: On-Target-Alignment und Coverage-Einheitlichkeit – Aus den Partner-Proben extrahierte DNA wurde mit dem TruSight Hereditary Cancer-Panel vorbereitet und auf dem MiSeq-System (links) sowie auf dem NextSeq-System (rechts) sequenziert. Dargestellt werden die mittleren Werte für zwei technische 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 Zugabemengen erfolgte nach der Vorbereitung mit Nextera Flex for 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 (Tabelle 4).

Eine zusätzliche Analyse wurde mit Forschungspartnerproben mit unbekanntem Varianten durchgeführt. Eine DNA-Zugabe von 50 ng von jeweils acht Proben wurde in doppelter Ausführung mit Nextera Flex for Enrichment mit 8-plex-Anreicherung vorbereitet und auf dem MiSeq-System analysiert. Bei der Datenanalyse mit der DRAGEN Enrichment App wurden Varianten unterschiedlicher Klassen (SNV, Indel und CNV) ermittelt (Tabelle 5), die mit den zuvor von unserem Partner erkannten Genotypen übereinstimmten. Die DRAGEN Enrichment App oder die BaseSpace Enrichment App können für das Variant-Calling verwendet werden und liefern Ergebnisse im VCF-Format. Kunden können zur Annotation und Interpretation von Varianten eine beliebige Drittanbieterplattform für die Tertiäranalyse nutzen.

Zusammenfassung

Das TruSight Hereditary Cancer-Panel bietet Forschern ein von Experten zusammengestelltes Set für die Analyse von Genvarianten, die bereits mit einer Krebsdisposition in Zusammenhang gebracht wurden. Das optimierte Sondenset bietet eine umfassende Coverage der Zielregionen mit einer hohen einheitlichen Coverage zur Identifikation von zahlreichen Varianten. Die Kombination dieses Inhalts mit dem Nextera Flex for 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 Krebsdisposition stehen.

Weitere Informationen

Weitere Informationen zum TruSight Hereditary Cancer-Panel finden Sie unter www.illumina.com/TruSightHereditaryCancer

Quellen

1. Illumina (2018). *Nextera Flex for Enrichment – Datenblatt*.
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). pii:djv036. doi: 10.1093/jnci/djv036.
3. BOADICEA-Centre for Cancer Genetic Epidemiology. (ccge.medschl.cam.ac.uk/boadicea/). Abgerufen am 17. November 2019.

Tabelle 4: Variantenbestimmung in Horizon Discovery-Proben mit dem TruSight Hereditary Cancer-Panel und der DRAGEN Enrichment App

Probe	Gen	Variante	Variantentyp	Folge	Erwartete MAF	Ermittelte MAF bei unterschiedlichen DNA-Zugaben		
						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 %
HD794	<i>NBN</i>	E185Q	SNV	Missense-Mutation	50 %	41,1 %	35,1 %	38,5 %
	<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 %

Die Sequenzierung wurde auf einem MiSeq-System durchgeführt. Das Alignment und das Varianten-Calling wurden mit der DRAGEN Enrichment App durchgeführt. Bei den ermittelten MAF-Werten (Minor Allele Frequency, Häufigkeit des seltenen Allels) handelt es sich um mittlere Werte aus vier technischen Replikaten.

Tabelle 5: Variantenbestimmung in Horizon Discovery-Proben mit dem TruSight Hereditary Cancer-Panel und der DRAGEN Enrichment App

Probe	Gen	Referenz-Allel	Variante-Allel	Variantentyp	Folge	Rep 1 MAF	Rep 2 MAF
1	<i>PALB2</i> -Überlappung			CNV	Kopienzahländerung (Verlust der Exone 7–13)	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-Varianten	44,1 %	47,0 %
4	<i>CHEK2</i>	A	G	SNV	Missense-Varianten	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-Varianten	39,6 %	35,1 %

Die Sequenzierung wurde auf einem MiSeq-System durchgeführt. Das Alignment und das Varianten-Calling wurden mit der DRAGEN Enrichment App durchgeführt. Erzielte Varianten-Calls korrelieren mit bereits von unserem Partner angegebenen Genotypen (Daten nicht dargestellt).

Bestellinformationen

Produkt	Kategorie	Katalog-Nr.
TruSight Hereditary Cancer – Enrichment Oligos Only	Anreicherungs-Oligos (8 Anreicherungsreaktionen, bis zu 12 Proben pro Anreicherung)	20029551
Nextera DNA Flex Pre-Enrichment Library Prep and Enrichment Reagents	Bibliotheksvorbereitungs- und Anreicherungsreagenzien (96 Proben, 8 Anreicherungsreaktionen (12-plex))	20025524
Nextera DNA Flex Pre-Enrichment Library Prep and Enrichment Reagents	Bibliotheksvorbereitungs- und Anreicherungsreagenzien (16 Proben, 16 Anreicherungsreaktionen (1-plex))	20025523
Nextera DNA Flex Pre-Enrichment Library Prep Reagents	Bibliotheksvorbereitungs- und Anreicherungsreagenzien (96 Proben)	20025520
Nextera DNA Flex Pre-Enrichment Library Prep Reagents	Bibliotheksvorbereitungs- und Anreicherungsreagenzien (16 Proben)	20025519
IDT for Illumina Nextera DNA Unique Dual Indexes Set A	Index-Adapter (96 Indizes, 96 Proben)	20027213
IDT for Illumina Nextera DNA Unique Dual Indexes Set B	Index-Adapter (96 Indizes, 96 Proben)	20027214
IDT for Illumina Nextera DNA Unique Dual Indexes Set C	Index-Adapter (96 Indizes, 96 Proben)	20027215
IDT for Illumina Nextera DNA Unique Dual Indexes Set D	Index-Adapter (96 Indizes, 96 Proben)	20027216
iSeq 100 i1-Reagenz	Einzel-Kit für 300 Zyklen	20021533
iSeq 100 i1 Reagent 4 Pack	4er-Kit für 300 Zyklen	20021534
MiSeq Reagent Micro Kit v2	Kit für 300 Zyklen	MS-103-1002
MiSeq Reagent Kit v2	Kit für 300 Zyklen	MS-102-2002
MiSeq Reagent Kit v3	Kit für 600 Zyklen	MS-102-3003
MiniSeq Mid Output Kit	Kit für 300 Zyklen	FC-420-1004
MiniSeq High Output Kit	Kit für 300 Zyklen	FC-420-1003
NextSeq 500/550 Mid Output Kit v2.5	Kit für 300 Zyklen	20024905
NextSeq 500/550 High Output Kit v2.5	Kit für 300 Zyklen	20024908
Flex Lysis Reagent Kit	96 Reaktionen	20018706

Illumina, Inc. • USA (gebührenfrei): 1.800.809.4566 • Tel.: +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

©2019 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Weitere Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html. Pub.-Nr. 1170-2019-012-A DEU QB9117

