

# Exomsequenzierungs- lösung für NextSeq™ 1000 und NextSeq 2000

Integrierter Workflow für die  
effiziente Exomanalyse und  
ein genaues Varianten-Calling

- Optimierte Bibliotheksvorbereitung und Exomanreicherung für eine äußerst einheitliche Coverage der codierenden Regionen
- Flexible, skalierbare Tischsequenziersysteme für herausragende Datenqualität
- Datenanalysepipeline im Gerät mit preisgekrönter Leistung für das Calling häufiger Mutationen und seltener somatischer Varianten

## Einleitung

Die Exomsequenzierungslösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 bietet einen optimierten Workflow von der DNA zu den Ergebnissen zur Untersuchung der proteincodierenden Regionen des Genoms. Die Lösung vereint die branchenführende NGS-Technologie (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) von Illumina mit der optimierten SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) XLEAP-SBS™ und liefert so eine herausragende Datenqualität. Diese hochpräzise Exom-Coverage ermöglicht die Identifizierung echter codierender Varianten für eine Vielzahl von Anwendungen, darunter Populationsgenetik, Forschung im Bereich genetischer Erkrankungen sowie Krebs-Studien. Der integrierte Workflow ermöglicht eine optimierte Bibliotheksvorbereitung und Exomanreicherung, die Sequenzierung per Tastendruck sowie eine schnelle und genaue Datenanalyse (Abbildung 1). Die Exomsequenzierungslösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 ist eine äußerst flexible und effiziente Methode zur Untersuchung des Exoms bei minimalem manuellen Aufwand.



Abbildung 2: NextSeq 1000 Sequencing System und NextSeq 2000 Sequencing System: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System optimieren Sequenzierungsworkflows durch XLEAP-SBS-Chemie und die Sekundäranalyse im Gerät.

Die vorbereiteten Bibliotheken werden auf eine Fließzelle und anschließend zur Sequenzierung in das NextSeq 1000 System oder das NextSeq 2000 System geladen (Abbildung 2). Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System bieten mehrere Konfigurationen der Sequenzierungsfließzelle, anhand derer Forscher ihre Exomstudien an den jeweiligen Bedarf anpassen können. Die Datenanalyse, einschließlich Alignment und Varianten-Calling, kann problemlos im Gerät mit der DRAGEN™ Enrichment-Pipeline oder in der Cloud mit BaseSpace™ Sequence Hub oder Illumina Connected Analytics durchgeführt werden.

## Einfacher, effizienter Workflow

Die Exomsequenzierungslösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 bietet einen vereinfachten, integrierten Workflow, mit dem Forscher eine optimale Produktivität erzielen können. Zunächst erfolgt die Bibliotheksvorbereitung und Exomanreicherung mit einem Bibliotheksvorbereitungskit wie beispielsweise Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment.



Bibliotheken vorbereiten >

Sequenzieren >

Daten analysieren



Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment<sup>a</sup>  
ca. 6 h  
< 2 h manueller Aufwand



NextSeq 1000 System oder NextSeq 2000 System  
2 × 100 bp Read-Länge  
19–34 h  
10 Minuten manueller Aufwand



DRAGEN Enrichment-Pipeline auf dem Gerät, in BaseSpace Sequence Hub oder in Illumina Connected Analytics  
< 2 Stunden pro Lauf

Abbildung 1: Exomsequenzierungsworkflow für NextSeq 1000 und NextSeq 2000: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System sind Teil eines einfachen, integrierten NGS-Workflows, der hochpräzise Exomsequenzierungsdaten liefert. Die Zeiten variieren je nach Versuch und Assay-Typ.

a. Die Kit-Konfiguration umfasst Illumina DNA Prep with Enrichment und Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.

## Optimierte Bibliotheksvorbereitung und Exomanreicherung

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment kombiniert eine schnelle Bibliotheksvorbereitung mithilfe von Illumina-Chemie mit Bead-gebundenen Transposons und die Exomanreicherung mit dem Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel. Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment bietet bereits ab einer Zugabe von nur 10 ng eine umfassende Exom-Coverage und ermöglicht Laboren die Analyse wertvoller DNA-Proben, während gleichzeitig eine hohe Coverage-Einheitlichkeit und hohe Anreicherungsraten erzielt werden. Dank des äußerst sensitiven Nachweises von Varianten mit geringer Häufigkeit können Labore echte codierende Varianten und seltene somatische Mutationen identifizieren.

Aufgrund der On-Bead-Tagmentierung ist das mechanische Schneiden zur Fragmentierung von DNA überflüssig. Die Gesamtdauer des Workflows verringert sich auf etwa sechs Stunden, bei weniger als zwei Stunden manuellem Aufwand. Forscher können diese Vorteile von Workflow und Datenqualität auch nutzen, indem sie Illumina DNA Prep with Enrichment mit anderen Exom-Panels verwenden. Es lassen sich Panelinhalte von verschiedenen Anbietern einsetzen, darunter Agilent, Twist Bioscience und Integrated DNA Technologies (IDT) (Tabelle 1).

## NextSeq 1000 System und NextSeq 2000 System

Mit den leistungsstarken und vielseitigen Systemen NextSeq 1000 und NextSeq 2000 lassen sich Exomsequenzierungsworkflows optimieren und vereinfachen. Da keine Waschläufe erforderlich sind, dauert das Laden und Starten des Systems weniger als 10 Minuten. Beim NextSeq 2000 System ermöglichen P4-Reagenzien die Sequenzierung von ca. 41 Proben in ca. 34 Stunden mit Paired-End-Read-Längen von 100 bp.\*

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System sind mit einer Vielzahl von Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina und Drittanbietern kompatibel und bieten anwendungsübergreifende Flexibilität. Forscher können problemlos zwischen Sequenzierungsprojekten wie Exom-, Bulk- und Einzelzell-RNA-Sequenzierung (RNA-Seq) sowie anderen Methoden wechseln. Beispielsweise ist die gleichzeitige Durchführung von Exomsequenzierung und Transkriptom-Sequenzierung möglich, um zu beurteilen, ob identifizierte Varianten die Expression von Transkripten verändern.

\* Der Durchsatz hängt von zahlreichen Faktoren ab, einschließlich der Größe des Exom-Panels und des verwendeten Bibliotheksvorbereitungskits.

Tabelle 1: Exom-Panel – Spezifikationen

Panel-merkmale <sup>a</sup>	Illumina Exome 2.5 Panel <sup>b</sup>	Agilent	Twist	IDT
Panelgröße	37,5 Mb	36 Mb	33 Mb	39 Mb
Sondengröße	120 bp	n. z.	120 bp	120 bp
Sondentyp	dsDNA	RNA	dsDNA	ssDNA
Dauer der Anreicherung (Hyb.)	1,5 h	16 h	1,5 h	1,5–16 h
Für das Exom-Panel-Design verwendete Datenbanken <sup>c</sup>				
RefSeq <sup>1</sup>	99,1 %	99,88 %	99,08 %	99,45 %
GENCODE <sup>2</sup>	98,02 %	97,29 %	96,01 %	96,82 %
CCDS <sup>3</sup>	99,90 %	99,91 %	99,76 %	99,67 %
UCSC Known Genes <sup>4</sup>	99,89 %	98,72 %	97,63 %	98,13 %
ClinVar <sup>5</sup>	98,60 %	73,41 %	72,56 %	72,90 %

a. Panelgröße = Gesamtlänge der Sequenz in den Zielregionen; Sondengröße = Länge der Sonde zur Anreicherungshybridisierung (Hyb.); Sondentyp = Sondenoligonukleotide können RNA, DNA, einzelsträngig (ss, single stranded) oder doppelsträngig (ds, double stranded) sein.  
 b. Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.  
 c. Die Prozentangaben beziehen sich auf die Coverage der Datenbanken des jeweiligen Exom-Panels.

Von Illumina ist auch eine Vielzahl anpassbarer, gezielter Resequenzierungslösungen verfügbar, mit denen sich Varianten überprüfen lassen, die von einer beliebigen Sequenzierungsanwendung entdeckt wurden.

### Bereitstellung von Calls „echter codierender Varianten“

Eine echte codierende Variante ist ein genauer Base-Call, der sich von der Konsensussequenz innerhalb einer codierenden Region unterscheidet. Es handelt sich nicht um einen falsch positiven Call (Calling einer Variante, die nicht vorhanden ist) oder einen falsch negativen Call (kein Calling einer tatsächlich vorhandenen Variante). Bei einem System mit einer hohen falsch positiven Call-Rate ist mit einer umfangreichen nachgeschalteten Validierung, höheren Kosten und einer längeren Versuchsdauer zu rechnen. Ein System mit einer hohen falsch negativen Call-Rate erkennt potenziell wichtige Ergebnisse oft nicht, wenn die Regionen stark repetitiv sind oder homopolymere Abschnitte enthalten. Das Erzielen von Calls echter codierender Varianten ist mit hochwertiger Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung sowie einer genauen Sequenzierung und Sekundäranalyse möglich.

### Mehr Erkenntnisse mit XLEAP-SBS-Chemie

Beim NextSeq 1000 System und beim NextSeq 2000 System kommt XLEAP-SBS-Chemie zum Einsatz, die bislang schnellste, hochwertigste und robusteste Sequenzierungschemie von Illumina. Die XLEAP-SBS-Chemie auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System bietet die höchste Read-Ausgabe und den günstigsten Preis pro Read aller Illumina-Tischsequenzierer. Die Systeme liefern bei mindestens 85 % der Basen eine Genauigkeit von über Q30<sup>†</sup> bei 2 × 100 bp (Tabelle 2) und weisen selbst in äußerst komplexen Regionen (z. B. GC-reiche Regionen oder Homopolymere) eine hohe Genauigkeit auf, was einen hohen Prozentsatz echter codierender Varianten ergibt. Die niedrigen falsch positiven und falsch negativen Raten reduzieren den Zeit- und Kostenaufwand der nachgeschalteten Validierung erheblich. Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System bieten eine herausragende Datenqualität und sind daher ideal für eine umfassende Untersuchung des Exoms geeignet.

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System ermöglichen Forschern mit bewährter NGS-Technologie von Illumina den Vergleich und die Integration von systemübergreifend generierten Daten. Zum Beispiel können Exomsequenzierungsdaten vom NextSeq 1000 und NextSeq 2000 mit Daten aus Folgestudien mit gezielten Panels oder umfangreichen Exomsequenzierungsstudien kombiniert werden, die auf der NovaSeq™ X Series durchgeführt wurden (Tabelle 3).

† Q30 = 1 Fehler bei 1.000 Base-Calls bzw. eine Genauigkeit von 99,9 %.

### Vereinfachte Analyse mit der DRAGEN-Sekundäranalyse

Labore können die Exomsequenzierungs-Datenanalyse mit der Illumina DRAGEN-Sekundäranalyse durchführen. Dabei handelt es sich um eine Reihe genauer, umfassender und effizienter Datenanalyse-Pipelines, die auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System verfügbar sind.<sup>‡</sup> Diese PrecisionFDA prämierte Informatiklösung<sup>§</sup> unterstützt Anwender mit optimierten, hardwarebeschleunigten Algorithmen dabei, Schwierigkeiten bei der Datenanalyse zu bewältigen, was die Abhängigkeit von externen Informatikexperten verringert.

Die DRAGEN Enrichment-Pipeline analysiert die Ergebnisse des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System und führt ein genaues Varianten-Calling in weniger als zwei Stunden nach Abschluss eines Sequenzierungslaufs durch (Abbildung 3). Die Pipeline bietet branchenweit führende Genauigkeit beim Mapping sowie beim Calling kleiner Varianten und ist in den Modi „Germline“ (Keimbahn) und „Somatic“ (somatisch) verfügbar.<sup>6-8</sup>

‡ Die DRAGEN-Hardware ist im NextSeq 1000 System und im NextSeq 2000 System integriert. Eine DRAGEN-Lizenz ist im Lieferumfang des Geräts enthalten und muss daher nicht separat erworben werden.

§ Die DRAGEN-Sekundäranalyse wurde 2020 bei der PrecisionFDA Truth Challenge V2 für die beste Leistung in den Kategorien „Difficult-to-Map Regions“ (schwer zu mappende Regionen) und „All Benchmark Regions“ (alle Benchmark-Regionen) für Illumina-Sequenzierungsdaten ausgezeichnet.<sup>7,8</sup>

Tabelle 2: NextSeq 1000- und NextSeq 2000-Leistungsparameter für die Exomsequenzierung

	Single-End-Reads <sup>a</sup>	Read-Länge	Ausgabe <sup>a</sup>	Laufzeit <sup>b</sup>	Datenqualität <sup>c</sup>
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagents <sup>d</sup>	100 Mio.	2 × 150 bp	30 Gb	17 h	≥ 85 % der Basen über Q30
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagents <sup>d</sup>	400 Mio.	2 × 100 bp	80 Gb	19 h	
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagents <sup>d,e</sup>	1,2 Mrd.	2 × 100 bp	240 Gb	31 h	
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagents <sup>e</sup>	1,7 Mrd.	2 × 100 bp	330 Gb	34 h	

a. Die Ausgabespezifikationen basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten.  
 b. Die Laufzeiten umfassen Clusterbildung, Sequenzierung und Base-Calling auf einem NextSeq 1000 System oder einem NextSeq 2000 System.  
 c. Die Qualitäts-Scores wurden anhand einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek ermittelt. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren. Der Prozentsatz der Basen > Q30 wird über den gesamten Lauf gemittelt.  
 d. XLEAP-SBS-Reagenzien für P1-, P2- und P3-Fließzellen sind ab dem 2. Quartal 2024 erhältlich.  
 e. P3- und P4-Reagenzien sind nur für das NextSeq 2000 System erhältlich.

Mit der auf dem Gerät verfügbaren DRAGEN Enrichment-App kann die Analyse während der Laufplanung eingerichtet werden, wodurch sich der Workflow von der Probe bis zum Ergebnis optimiert lässt. Die DRAGEN Enrichment-App in BaseSpace Sequence Hub und Illumina Connected Analytics bietet erweiterte Funktionen zur Ergebnisvisualisierung und Tabellensortierung in einer intuitiven Oberfläche für neue und erfahrene Anwender.

Die Ausgabe der DRAGEN Enrichment-Pipeline kann direkt in einer Vielzahl verfügbarer Tools für die nachgeschaltete Analyse in BaseSpace Sequence Hub und Illumina Connected Analytics verwendet werden. Neben DRAGEN-Analysen umfassen beide Cloudlösungen eine wachsende Anzahl an Softwaretools für Visualisierung, Analyse und Freigabe.

### Umfassender technischer Support von Illumina

Illumina bietet erstklassigen Support mit einem Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse. Dieses engagierte Team besteht aus hochqualifizierten Servicetechnikern, Technical Applications Scientists (TAS), Field Application Scientists (FAS), Systemsupporttechnikern, Bioinformatikern und IT-Netzwerkexperten, die alle bestens mit der NGS und den Anwendungen der Illumina-Kunden weltweit vertraut sind. Den [technischen Support](#) erreichen Sie telefonisch an fünf Tagen in der Woche. Der Onlinesupport steht weltweit rund um die Uhr in zahlreichen Sprachen zur Verfügung.

Mit diesem Service und Support unterstützt Illumina die Anwender bei der effizienten und optimalen Verwendung des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System, der Schulung neuer Mitarbeiter und dem Erlernen neuester Techniken und Best Practices.

Tabelle 3: Illumina-Exomsequenzierungsdurchsatz nach System

Sequenzier-system	Sequenzierungs-reagenzien	Anzahl der Exome pro Lauf <sup>a</sup>
NextSeq 1000 System und NextSeq 2000 System	P1 – 300 Zyklen	ca. 3
	P2 – 200 Zyklen	10
	P3 <sup>b</sup> – 200 Zyklen	30
	P4 <sup>c</sup> – 200 Zyklen	ca. 41
NovaSeq X Series <sup>c</sup>	1.5B – 200 Zyklen	ca. 41
	10B – 200 Zyklen	ca. 250
	25B – 300 Zyklen	ca. 750 <sup>d</sup>

- a. Bei der Berechnung der Anzahl der Exome wird von ca. 8 Gb pro Probe für eine 100-fache Coverage ausgegangen. Der Durchsatz hängt von zahlreichen Faktoren ab, darunter die Größe des Exom-Panels und das verwendete Bibliotheksvorbereitungskit.
- b. P3- und P4-Reagenzien sind nur für das NextSeq 2000 System erhältlich.
- c. Das NovaSeq X Plus System ist für Läufe mit einer oder zwei Fließzellen geeignet. Das NovaSeq X System ist für Läufe mit einer Fließzelle geeignet.
- d. Es sind max. 384 eindeutige doppelte Indizes verfügbar. Bei der NovaSeq X Series ermöglicht das unabhängige Laden von Lanes das Multiplexing von mehr Proben.

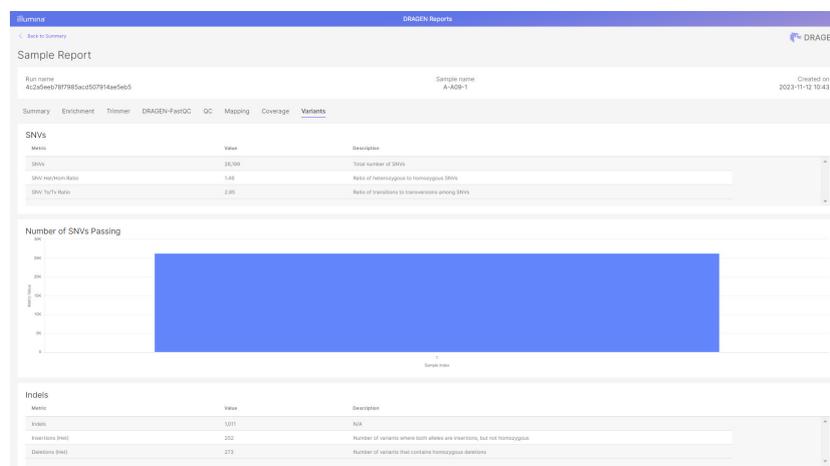


Abbildung 3: DRAGEN Enrichment-Pipeline: Beispielscreenshot für branchenweit führende Genauigkeit beim Mapping und beim Calling kleiner Varianten mit der DRAGEN Enrichment-Pipeline, verfügbar auf dem Gerät beim NextSeq 1000 System und beim NextSeq 2000 System oder in der Cloud mit BaseSpace Sequence Hub oder Illumina Connected Analytics.

## Zusammenfassung

Die Exomsequenzierungslösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 bietet einen integrierten, skalierbaren Workflow zur Identifizierung von Varianten in codierenden Regionen. Die Lösung kombiniert die Leistung, Geschwindigkeit und Flexibilität des NextSeq 1000 Sequencing System und des NextSeq 2000 Sequencing System mit einer äußerst robusten XLEAP-SBS-Chemie, Optionen für eine hochwertige Bibliotheksvorbereitung und -anreicherung sowie einer schnellen, anwenderfreundlichen Analysesoftware.

## Weitere Informationen

[Exomsequenzierung](#)

[Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment](#)

[NextSeq 1000 Sequencing System und NextSeq 2000 Sequencing System](#)

[DRAGEN-Sekundäranalyse](#)

[Demodaten in BaseSpace Sequence Hub](#)

## Quellen

1. NIH National Library of Medicine. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database. [ncbi.nlm.nih.gov/refseq](https://ncbi.nlm.nih.gov/refseq). Aktualisiert am 18. Juli 2023. Aufgerufen am 25. August 2023.
2. The GENCODE Project. GENCODE: Encyclopedia of genes and gene variants. [genencodegenes.org/](https://genencodegenes.org/). Aufgerufen am 25. August 2023.
3. NCBI-Website. Consensus coding sequences (CCDS) Database. [ncbi.nlm.nih.gov/projects/CCDS/CcidsBrowse.cgi](https://ncbi.nlm.nih.gov/projects/CCDS/CcidsBrowse.cgi). Aktualisiert am 9. November 2022. Aufgerufen am 25. August 2023.
4. University of California, Santa Cruz Genome Browser. UCSC Known Genes. [genome.ucsc.edu/](https://genome.ucsc.edu/). Aktualisiert am 18. August 2023. Aufgerufen am 25. August 2023.
5. NIH National Library of Medicine. ClinVar Database. [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar](https://ncbi.nlm.nih.gov/clinvar). Aktualisiert am 28. August 2023. Aufgerufen am 28. August 2023.
6. Illumina. [Accuracy improvements in germline small variant calling with the DRAGEN Platform](#). Aufgerufen am 25. August 2023.
7. PrecisionFDA-Website. Truth Challenge V2: Calling variants from short and long reads in difficult-to-map regions. [precision.fda.gov/challenges/10](https://precision.fda.gov/challenges/10). Aufgerufen am 25. August 2023.
8. 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://illumina.com/science/genomics-research/dragen-wins-precisionfda-challenge-showcase-accuracy-gains.html). Aufgerufen am 25. August 2023.

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a, b</sup>	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a, b</sup>	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) <sup>a, b</sup>	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a, b</sup>	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a, b</sup>	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a, b</sup>	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) <sup>a, b</sup>	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a, b</sup>	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a, b</sup>	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a, b</sup>	20100988

- a. XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits für die Geräte NextSeq 1000 und NextSeq 2000 werden bei der gleichen Temperatur versandt und gelagert wie standardmäßige SBS-Reagenzien-Kits.
- b. XLEAP-SBS-Reagenzien für P1-, P2- und P3-Fließzellen sind ab dem 2. Quartal 2024 erhältlich. Die Kit-Konfiguration umfasst Illumina DNA Prep with Enrichment und Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.
- c. Die Kit-Konfiguration umfasst Illumina DNA Prep with Enrichment und Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) <sup>a</sup>	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a</sup>	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a</sup>	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a</sup>	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers <sup>a</sup>	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit <sup>a</sup>	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit <sup>a</sup>	20112859
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment, (S) Tagmentation Set B (96 samples, 12-plex) <sup>c</sup>	20077595
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment, (S) Tagmentation Set D (96 samples, 12-plex) <sup>c</sup>	20077596
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (16 samples)	20025523
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (96 samples)	20025524
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091660

- a. XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits für die Geräte NextSeq 1000 und NextSeq 2000 werden bei der gleichen Temperatur versandt und gelagert wie standardmäßige SBS-Reagenzien-Kits.
- b. XLEAP-SBS-Reagenzien für P1-, P2- und P3-Fließzellen sind ab dem 2. Quartal 2024 erhältlich. Die Kit-Konfiguration umfasst Illumina DNA Prep with Enrichment und Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.
- c. Die Kit-Konfiguration umfasst Illumina DNA Prep with Enrichment und Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)  
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 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](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-GL-00479 DEU v3.0