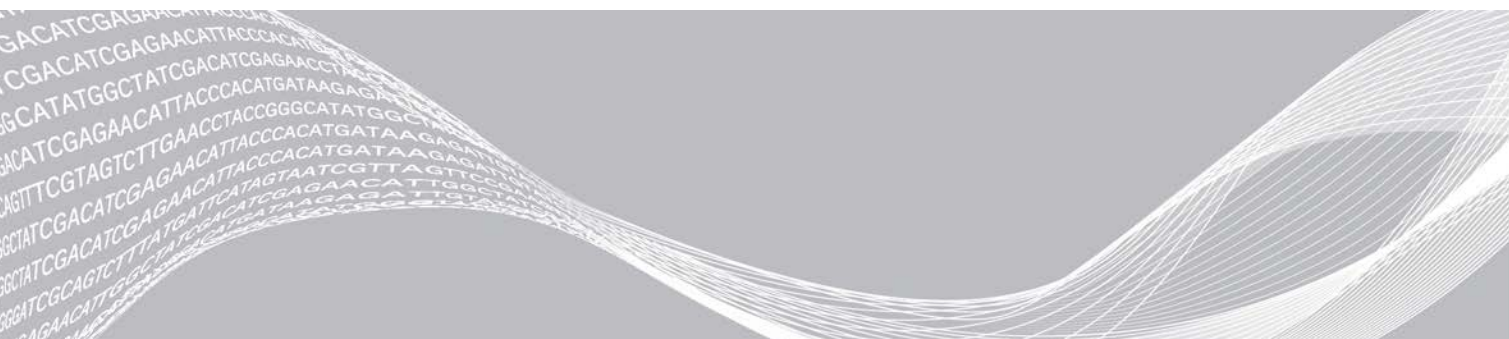


Moduł analityczny lokalnego menedżera przebiegu do sekwencjonowania klinicznego genu mukowiscydozy, wer. 2.0

Instrukcja wykonywania procedur

DO STOSOWANIA W DIAGNOSTYCE IN VITRO

Przegląd	3
Wprowadzanie informacji o przebiegu	3
Metody analityczne	5
Wyświetlanie przebiegu i wyników	6
Plik z danymi śledzenia serii	6
Raport z wyników	7
Pomoc techniczna	10



Niniejszy dokument oraz jego treść stanowią własność firmy Illumina, Inc. oraz jej podmiotów zależnych („Illumina”) i są przeznaczone wyłącznie do użytku zgodnego z umową przez klienta firmy w związku z użytkowaniem produktów opisanych w niniejszym dokumencie, z wyłączeniem innych celów. Niniejszy dokument oraz jego treść nie będą wykorzystywane ani rozpowszechniane do innych celów i/lub publikowane w inny sposób, ujawniane ani kopiowane bez pisemnej zgody firmy Illumina. Firma Illumina na podstawie niniejszego dokumentu nie przenosi żadnych licencji podlegających przepisom w zakresie patentów, znaków towarowych czy praw autorskich ani prawa powszechnemu lub prawom pokrewnym osób trzecich.

W celu zapewnienia właściwego i bezpiecznego użytkowania produktów opisanych w niniejszym dokumencie podane instrukcje powinny być ściśle przestrzegane przez wykwalifikowany i właściwie przeszkolony personel.

Przed rozpoczęciem użytkowania tych produktów należy zapoznać się całą treścią niniejszego dokumentu.

NIEZAPOZNANIE SIĘ LUB NIEDOKŁADNE PRZESTRZEGANIE WSZYSTKICH INSTRUKCJI PODANYCH W NINIEJSZYM DOKUMENCIE MOŻE SPOWODOWAĆ SZKODZENIE PRODUKTÓW LUB OBRAŻENIA CIAŁA UŻYTKOWNIKÓW LUB INNYCH OSÓB BŁĄDZIECZNE USZKODZENIE INNEGO MIENIA, A TAKŻE SPOWODUJE UNIEWAŻNIENIE WSZELKICH GWARANCJI DOTYCZĄCYCH PRODUKTÓW

FIRMA ILLUMINA NIE PONOSI ODPOWIEDZIALNOŚCI ZA NIEWŁAŚCIWE UŻYTKOWANIE PRODUKTÓW W TYM ICH CZĘŚCI I OPROGRAMOWANIA) OPISANYCH W NINIEJSZYM DOKUMENCIE.

© 2021 Illumina, Inc. Wszelkie prawa zastrzeżone.

Wszystkie znaki towarowe są własnością firmy Illumina, Inc. lub ich odpowiednich właścicieli. Szczegółowe informacje na temat znaków towarowych można znaleźć na stronie www.illumina.com/company/legal.html.

Przegląd

Moduł analityczny lokalnego menedżera przebiegu do sekwencjonowania klinicznego genu mukowiscydozy, wer. 2.0, przeznaczony jest do użytku z oznaczeniem TruSight do sekwencjonowania klinicznego genu mukowiscydozy. Oznaczenie wykrywa mutacje w regionach kodowania białek oraz w połączeniach intron-ekson w genie błonowego regulatora przewodnictwa związanego z mukowiscydozą (*CFTR*), w tym dwie duże delecje i dwie głębokie mutacje intronowe.

Moduł analityczny wykonuje wtórne analizy oraz generuje raporty z przebiegów sekwencjonowania przy użyciu zestawu TruSight do oznaczania wariantów genotypu mukowiscydozy. Patrz: ulotka dołączona do opakowania testu *TruSight do oznaczania wariantów genotypu mukowiscydozy* (nr dokumentu: 1000000097720).

Moduł analizy ocenia krótkie regiony amplifikowanego DNA, czyli amplikony, pod kątem wariantów. Celowane sekwencjonowanie amplikonów zapewnia wysokie pokrycie określonych regionów w dużej liczbie próbek.

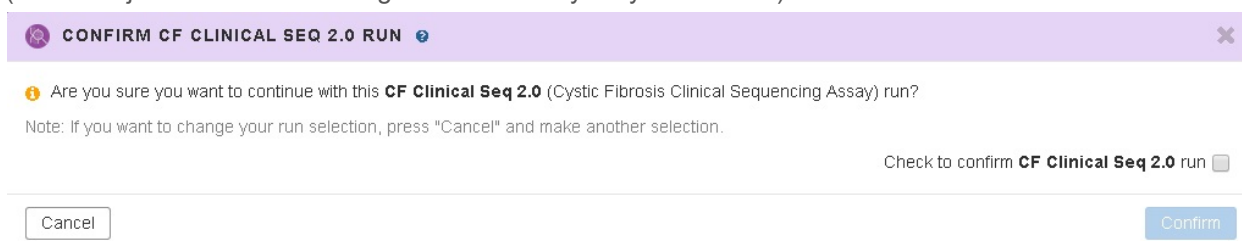
Informacje na temat niniejszego przewodnika

W niniejszym przewodniku zawarto instrukcje dotyczące konfigurowania parametrów przebiegu sekwencjonowania i analizy przy użyciu modułu analitycznego do sekwencjonowania klinicznego genu mukowiscydozy, wer. 2.0. Korzystanie z oprogramowania wymaga podstawowej znajomości aktualnej wersji systemu operacyjnego Windows oraz interfejsu użytkownika działającego w oparciu o przeglądarkę internetową. Informacje na temat panelu lokalnego menedżera przebiegu i ustawień systemu zawarto w *Instrukcji obsługi oprogramowania lokalnego menedżera przebiegu do systemu MiSeqDx* (nr dokumentu: 1000000011880).

Wprowadzanie informacji o przebiegu

Ustawianie parametrów

- 1 Zalogować się do lokalnego menedżera przebiegu.
- 2 Wybrać **Create Run** (Utwórz przebieg), a następnie **CF Clinical Seq 2.0** (Sekwencjonowanie kliniczne genu mukowiscydozy – wer. 2.0).
Pojawi się wyskakujące okno z potwierdzeniem, że wybrana została opcja CF Clinical Seq 2.0 (Sekwencjonowanie kliniczne genu mukowiscydozy – wer. 2.0).



- 3 Zaznaczyć pole i wybrać opcję **Confirm** (Potwierdź), aby kontynuować (lub opcję **Cancel** [Anuluj]), aby powrócić do ekranu głównego.
- 4 Wprowadzić nazwę przebiegu, która identyfikuje przebieg od sekwencjonowania po analizę. Nazwa może zawierać znaki alfanumeryczne, spacje, znaki podkreślenia lub łączniki (maksimum 40 znaków).

- 5 **[Opcjonalnie]** Wprowadzić opis przebiegu.
Nazwa może zawierać znaki alfanumeryczne, spacje, znaki podkreślenia lub łączniki (maksimum 150 znaków).
- 6 Wprowadzić numer serii i datę ważności zestawu do przygotowania biblioteki.

Określanie próbek do przebiegu

Próbki do uwzględnienia w przebiegu należy określić za pomocą jednej z poniższych opcji.

- ▶ **Enter samples manually** (Ręczne wprowadzanie próbek) – należy użyć pustej tabeli na ekranie Create Run (Tworzenie przebiegu).
- ▶ **Import samples** (Importowanie próbek) – należy przejść do pliku zewnętrznego w formacie wartości rozdzielonych przecinkami (*.csv). Szablon jest dostępny do pobrania na ekranie Create Run (Tworzenie przebiegu).

Ręczne wprowadzanie próbek

- 1 Wprowadzić niepowtarzalną nazwę próbki w polu Sample Name (Nazwa próbki).
Nazwa może zawierać znaki alfanumeryczne, łączniki lub znaki podkreślenia (maksimum 40 znaków).
- 2 Kliknąć prawym klawiszem myszy, aby wybrać dodatnią lub ujemną próbkę kontrolną.
Aby można było zapisać przebieg, musi on zawierać co najmniej jedną dodatnią i jedną ujemną próbkę kontrolną.
- 3 **[Opcjonalnie]** Wprowadzić opis próbki w odpowiadającej jej karcie Description (Opis).
Nazwa może zawierać znaki alfanumeryczne, łączniki lub znaki podkreślenia (maksimum 50 znaków).
- 4 **[Opcjonalnie]** Wybrać adapter indeksu 1 z listy rozwijanej Index 1 (i7) (Indeks 1 [i7]).
Krok ten jest opcjonalny, ponieważ kombinacje indeksów i7 oraz i5 w domyślnym układzie wypełniane są automatycznie.
- 5 **[Opcjonalnie]** Wybrać adapter indeksu 2 z listy rozwijanej Index 2 (i5) (Indeks 2 [i5]).
Krok ten jest opcjonalny, ponieważ kombinacje indeksów i7 oraz i5 w domyślnym układzie wypełniane są automatycznie.
- 6 Wybrać ikonę **Print** (Drukuj), aby wyświetlić układ płytki.
- 7 Wybrać opcję **Print** (Drukuj), aby wydrukować układ płytki jako odniesienie do przygotowania bibliotek.
- 8 **[Opcjonalnie]** Wybrać opcję **Export** (Eksportuj), aby wyeksportować informacje o próbce.
- 9 Wybrać opcję **Save Run** (Zapisz przebieg).
W przypadku wprowadzenia danych dla mniej niż 24 próbek zostanie wyświetlone okno Insufficient Sample (Niewystarczająca liczba próbek). Należy wybrać **Proceed** (Kontynuuj), aby kontynuować lub **Cancel** (Anuluj), aby dokonać edycji próbek.



PRZESTROGA

Wykonywanie przebiegu z liczbą próbek mniejszą niż 24 nie zostało zwalidowane przez firmę Illumina. Więcej informacji można znaleźć w ulotce dołączonej do opakowania zestawu TruSight do oznaczania wariantów genotypu mukowiscydozy (nr dokumentu: 1000000097720).

Importowanie próbek

Informacje na temat próbek można zaimportować z dwóch rodzajów plików:

- ▶ Pliku z informacjami o próbce wyeksportowanego uprzednio z modułu do sekwencjonowania klinicznego genu mukowiscydozy ver. 2.0, przy użyciu funkcji eksportowania.
- ▶ Szablону, który można wygenerować przy użyciu polecenia **Template** (Szablon) na ekranie Create Run (Utwórz przebieg). Plik szablonu zawiera właściwe nagłówki kolumn do zaimportowania danych wraz z symbolami zastępczymi w każdej kolumnie. Szablon należy dostosować przy użyciu zewnętrznego edytora:
 - 1 Dodać informacje o próbce dla każdej próbki w przebiegu.
 - 2 Po wprowadzeniu wszystkich informacji usunąć pozostałe symbole zastępcze w nieużywanych komórkach.
 - 3 Zapisać plik szablonu.

Aby zaimportować informacje o próbce:

- 1 Wybrać polecenie **Import Samples** (Importuj próbki), znaleźć plik docelowy na liście, a następnie wybrać go.
- 2 Wybrać ikonę **Print** (Drukuj), aby wyświetlić układ płytki.
- 3 Wybrać opcję **Print** (Drukuj), aby wydrukować układ płytki jako odniesienie do przygotowania bibliotek.
- 4 **[Opcjonalnie]** Wybrać opcję **Export** (Eksportuj), aby wyeksportować informacje o próbce do pliku zewnętrznego.
- 5 Wybrać opcję **Save Run** (Zapisz przebieg).
W przypadku wprowadzenia danych dla mniej niż 24 próbek zostanie wyświetlone okno Insufficient Sample (Niewystarczająca liczba próbek). Należy wybrać **Proceed** (Kontynuuj), aby kontynuować lub **Cancel** (Anuluj), aby dokonać edycji próbek.



PRZESTROGA

Wykonywanie przebiegu z liczbą próbek mniejszą niż 24 nie zostało zwalidowane przez firmę Illumina. Więcej informacji można znaleźć w ulotce dołączonej do opakowania zestawu TruSight do oznaczania wariantów genotypu mukowiscydozy (nr dokumentu: 1000000097720).

Edycja przebiegu

Instrukcje na temat edycji informacji dotyczących przebiegu przed rozpoczęciem sekwencjonowania zawarto w *Instrukcji obsługi oprogramowania lokalnego menedżera przebiegu do systemu MiSeqDx* (nr dokumentu: 1000000011880).

Metody analityczne

Opis metod analitycznych dotyczących testu TruSight do oznaczania wariantów genu mukowiscydozy znajduje się w ulotce dołączonej do opakowania testu TruSight do oznaczania wariantów genu mukowiscydozy (nr dokumentu: 1000000097720).

Wyświetlanie przebiegu i wyników

- 1 Kliknąć nazwę przebiegu na ekranie głównym oprogramowania lokalnego menedżera przebiegu.
- 2 Przejrzeć parametry sekwencjonowania na karcie Run Overview (Przegląd przebiegu).
- 3 **[Opcjonalnie]** Aby skopiować ścieżkę dostępu do folderu wyników przebiegu, należy kliknąć ikonę **Copy to Clipboard** (Kopiuje do schowka).
- 4 Wybrać kartę Sequencing Information (Informacje dotyczące sekwencjonowania), aby przejrzeć parametry przebiegu i informacje o materiałach eksploatacyjnych.
- 5 Wybrać kartę Samples and Results (Próbki i wyniki), aby wyświetlić wyniki analizy.
Na karcie znajduje się lista zbiorcza informacji o próbkach z podaniem wskaźnika rozpoznania, wyniku analizy, współrzędnych z nierozpoznanym nukleotydem i informacji o próbkach kontrolnych.
 - ▶ Jeśli analizę powtarzano, należy rozwinąć listę Select Analysis (Wybierz analizę) i wybrać odpowiednią analizę.
- 6 **[Opcjonalnie]** Kliknąć dwukrotnie w polu Comment (Komentarz), aby dodać komentarz na temat próbki wymienionej na liście. Kliknąć **Save Changes** (Zapisz zmiany).
- 7 Wybrać z listy próbki, aby wyświetlić szczegółowe informacje na temat wariantów.
Informacje dotyczące wariantów wykrytych w próbkach wyświetlane są poniżej listy próbek.
- 8 **[Opcjonalnie]** Dwukrotnie kliknąć pole w kolumnie Interpretation (Interpretacja), aby wybrać jedną z poniższych opcji:
 - ▶ CF — powoduje mukowiscydozę.
 - ▶ MVCC — mutacja o różnych konsekwencjach klinicznych (ang. Mutation of Varying Clinical Consequence).
 - ▶ MOUS — mutacja o nieznanym znaczeniu (ang. Mutation of Unknown Significance).
 - ▶ NCFCM — mutacja niepowodująca mukowiscydozy (ang. Non CF Causing Mutation).
 - ▶ Unknown (Nieznana).Kliknąć **Save Changes** (Zapisz zmiany).



UWAGA

Każde zapisanie zmian skutkuje utworzeniem pliku wyników w folderze **Alignment** (Dopasowanie).
Do nazwy tego pliku dołączony jest znacznik daty i godziny o formacie **RRMMDD_GGMMSS**.

Więcej informacji na temat kart Run Overview (Przegląd przebiegu) i Sequencing Information (Informacje dotyczące sekwencjonowania) oraz sposobu ponownego umieszczenia analizy w kolejce zawarto w *Instrukcji obsługi oprogramowania lokalnego menedżera przebiegu do systemu MiSeqDx* (nr dokumentu: 1000000011880).

Plik z danymi śledzenia serii

Aby wyświetlić plik **LotTracking.txt**, po zakończeniu analizy należy wybrać jedną z następujących opcji:

- ▶ Kliknąć polecenie **Export Lot Tracking Data** (Eksportuj dane śledzenia serii) na karcie Sample and Results (Próbki i wyniki).
- ▶ Otworzyć plik w folderze Alignment (Dopasowanie).
Ścieżka dostępu do folderu Alignment (Dopasowanie) podana jest w polu Analysis Folder (Folder analizy) na karcie Sample and Results (Próbki i wyniki).

- ▶ **[Opcjonalnie]** Aby skopiować ścieżkę dostępu do folderu analiz, należy kliknąć ikonę **Copy to Clipboard** (Kopiuuj do schowka).

Po zakończeniu analizy plik z danymi śledzenia serii jest zapisywany w folderze Alignment (Dopasowanie) danego przebiegu. Na przykład: MiSeqAnalysis\

Raport z wyników

Po zakończeniu analizy wtórnej podsumowanie wyników analitycznych znajdzie się na karcie Samples and Results (Próbki i wyniki). Podsumowanie wyników oznaczenia umieszczane jest również w pliku wyników analizy (wyjściowym), będącym pojedynczym plikiem tekstowym o nazwie TruSightCFClinicalSequencingAssay.txt, rozdzielonym tabulatorami.

Dane zawarte w pliku wyników analizy są danymi wyświetlanymi na karcie Samples and Results (Próbki i wyniki). Aby wyświetlić plik wyników analizy TruSightCFClinicalSequencingAssay.txt, należy wybrać jedną z następujących opcji:

- ▶ Kliknąć polecenie **Export Data** (Eksportuj dane) na karcie Sample and Results (Próbki i wyniki).
- ▶ Otworzyć plik w folderze **Alignment** (Dopasowanie).
Ścieżka dostępu do folderu **Alignment** (Dopasowanie) podana jest w polu Analysis Folder (Folder analizy) na karcie Sample and Results (Próbki i wyniki).



UWAGA

Aby skopiować ścieżkę dostępu do folderu analiz, należy kliknąć ikonę **Kopiuuj do schowka**.

Pliki z wynikami analiz dla każdego przebiegu sekwencjonowania przechowywane są na aparacie i zapisywane w folderach MiSeqAnalysis\

Informacje zawarte w pliku z wynikami analizy

Plik z wynikami analizy (TruSightClinicalSequencingAssay.txt) składa się z trzech sekcji: nagłówek pliku, informacji o próbce oraz informacji o wariantach wykrytych w próbce. Nagłówek jest umieszczony na początku pliku i zawiera ogólne informacje na temat przebiegu. Uwaga: dla każdego przebiegu generowany jest tylko jeden nagłówek pliku. Natomiast informacje dotyczące próbki i wariantów obecnych w próbce podawane są osobno dla każdej próbki uwzględnionej w analizie. Sekcje te łączone są w pary dla każdej z próbek.

W poniższej tabeli zawarto opis każdego wiersza w nagłówku pliku zawierającym informacje na temat przebiegu:

Tabela 1 Nagłówek pliku (informacje nt. przebiegu)

Nagłówek wiersza	Opis
Test	Opis wykonywanego testu.
Run ID (Identyfikator przebiegu)	Identyfikator przebiegu generowany przez oprogramowanie MiSeq Operating Software (MOS) na początku przebiegu sekwencjonowania.
Run Date (Data przebiegu)	Data (RRMMDD) uruchomienia przebiegu sekwencjonowania w oprogramowaniu MOS.
Analysis Version (Wersja analizy)	Wersja oprogramowania użytego do analizy.

W poniższej tabeli zawarto opis każdego wiersza w sekcjach informacji o próbce:

Tabela 2 Informacje o próbce

Nagłówek wiersza	Opis
Sample ID (Identyfikator próbki)	Nazwa próbki nadana w momencie tworzenia przebiegu połączona z identyfikatorem analizy przypisanym przez oprogramowanie lokalnego menedżera przebiegu. W przypadku ponownego umieszczenia przebiegu w kolejnej części identyfikatora próbki zawierająca jej nazwę pozostanie niezmienną, natomiast zmieniony zostanie identyfikator analizy. Pole to występuje wyłącznie w pliku *.txt.
Sample Name (Nazwa próbki)	Nazwa próbki podana w momencie tworzenia przebiegu.
Control (Próbka kontrolna)	Rodzaj próbki kontrolnej podany przy tworzeniu przebiegu. Dostępne wartości to: dodatnia lub ujemna. Puste pole wskazuje na użycie jedynie próbki analitycznej.
Comment (Komentarz)	Opcjonalne pole tekstowe na komentarze. Komentarze z poprzedniego przebiegu analizy nie są przenoszone do następnego przebiegu.
Performance (Wynik)	Pass (Powodzenie) lub Fail (Niepowodzenie) na podstawie wskaźnika rozpoznania nukleotydów. Dla dodatniej próbki kontrolnej: <ul style="list-style-type: none">• PASS (Powodzenie) — wskaźnik rozpoznania $\geq 99\%$• FAIL (Niepowodzenie) — wskaźnik rozpoznania $< 99\%$ Dla ujemnej próbki kontrolnej: <ul style="list-style-type: none">• PASS (Powodzenie) — wskaźnik rozpoznania $\leq 10\%$• FAIL (Niepowodzenie) — wskaźnik rozpoznania $> 10\%$ Dla próbki nieoznaczonej jako dodatnia lub ujemna próbka kontrolna: <ul style="list-style-type: none">• PASS (Powodzenie) — wskaźnik rozpoznania $\geq 99\%$• FAIL (Niepowodzenie) — wskaźnik rozpoznania $< 99\%$
Sample Call Rate (Wskaźnik rozpoznania dla próbki)	Liczba pozycji wariantowych spełniających wcześniej zdefiniowaną wartość progową przedziału ufności podzieloną przez łączną liczbę przeanalizowanych pozycji wariantowych. Wskaźnik rozpoznania opisywany jest w odniesieniu do próbki i podawany jako wartość procentowa obliczana według wzoru: 1 minus [liczba pozycji z niepełnymi rozpoznaniem nukleotydów podzielona przez łączną liczbę sekwencjonowanych pozycji].

W poniższej tabeli zawarto opis każdej kolumny w sekcjach informacji o wariantach wykrytych w próbce.

Tabela 3 Informacje o wariantach wykrytych w próbce

Nagłówek kolumny	Opis
Variant Type (Typ wariantu)	Typ wariantu. <ul style="list-style-type: none"> • SNV — wariant pojedynczego nukleotydu • DIV — wariant delecja/insercja • DEL — wariant z dużą delecją • PolyTGPolyT — genotyp poliTG/poliT w genie kodującym mukowiscydozę
Coordinate (Współrzędna)	Pozycja w genomie, w której znaleziono wariant. Nazwa pola w pliku *.txt to Coordinate (Współrzędna).
Chromosome (Chromosom)	Identyfikator chromosomu referencyjnego. Nazwa pola w pliku *.txt to Chromosome (Chromosom).
Frequency (Częstość)	Odsetek odczytów próbki zawierających wariant. Na przykład, jeśli nukleotydem referencyjnym w danej pozycji jest A i próbka 1 ma 60 odczytów A i 40 odczytów T, to częstość wariantu pojedynczych nukleotydów (SNV) wynosi 0,4.
Depth (Głębokość)	Liczba odczytów do pokrycia próbki w danej pozycji.
cDNA Name (HGVS) (Nazwa cDNA [HGVS])	Opis wariantu na poziomie DNA z zastosowaniem nazewnictwa sekwencji kodującego DNA (cDNA) zgodnego z zaleceniami stowarzyszenia Human Genome Variation Society (HGVS).
Protein Name (HGVS) (Nazwa białka (HGVS))	Opis wariantu na poziomie białka z zastosowaniem nazewnictwa sekwencji białek zgodnie z zaleceniami stowarzyszenia Human Genome Variation Society (HGVS).
dbSNP ID (Identyfikator w bazie dbSNP).	Identyfikator wariantu w bazie danych dbSNP. Nazwa pola w pliku *.txt to dbSNP ID (Identyfikator w bazie dbSNP).
Reference (Odniesienie)	Nukleotyd referencyjny na współrzędnej genomowej, w której pojawia się wariant. W pliku *.txt to Reference (Odniesienie).
Result (Wynik)	Genotyp wariantu. <ul style="list-style-type: none"> • SNV lub DIV — opisano dwa obserwowane allele. Na przykład A/T określa wariant typu SNV, gdzie obserwuje się oba allele A i T, a wariant ten jest heterozygotyczny. Jako pierwszy na liście wymieniany jest allel typu dzikiego, a następnie allel wariantu. • Małe delecje — allel wariantu określa allel z delecją. Na przykład ATCT/A. • Insercje — allel wariantu określa allel z insercją. Na przykład C/CT. • DEL — wynik jest raportowany jako delecja heterozygotyczna lub homozygotyczna. • PoliTG/poliT — raportowany jest rzeczywisty genotyp. Nazwa pola w pliku *.txt to Result (Wynik).
Interpretation (Interpretacja)	Pole pozwalające specjalistom w zakresie genetyki klinicznej przedstawić kliniczną interpretację mutacji w każdej próbce. <ul style="list-style-type: none"> • CF — powoduje mukowiscydozę. • MVCC — mutacja o różnych konsekwencjach klinicznych (ang. Mutation of Varying Clinical Consequence). • MOUS — mutacja o nieznanym znaczeniu (ang. Mutation of Unknown Significance). • NCFCM — mutacja niepowodująca mukowiscydozy (ang. Non CF Causing Mutation). • Unknown (Nieznana).

Sekcja Informacje o wariantach wykrytych w próbce zawiera także wpis Coordinates Not Called (Współrzędne z nierozpoznanym nukleotydem), który wyświetla listę współrzędnych genomowych w regionie docelowym, w których nie rozpoznano nukleotydu ze względu na niskie wartości poziomu ufności.

Pomoc techniczna

W celu uzyskania pomocy technicznej należy skontaktować się z działem pomocy technicznej firmy Illumina.

Witryna: www.illumina.com
Adres e-mail: techsupport@illumina.com

Numery telefonów do działu pomocy technicznej firmy Illumina

Region	Bezpłatne	Regionalne
Ameryka Północna	+1 800 809 4566	
Australia	+1 800 775 688	
Austria	+43 800006249	+43 19286540
Belgia	+32 80077160	+32 34002973
Chiny	400 066 5835	
Dania	+45 80820183	+45 89871156
Finlandia	+358 800918363	+358 974790110
Francja	+33 805102193	+33 170770446
Hiszpania	+34 911899417	+34 800300143
Holandia	+31 8000222493	+31 207132960
Hongkong, Chiny	800960230	
Irlandia	+353 1800936608	+353 016950506
Japonia	0800 111 5011	
Korea Południowa	+82 80 234 5300	
Niemcy	+49 8001014940	+49 8938035677
Norwegia	+47 800 16836	+47 21939693
Nowa Zelandia	0800 451 650	
Singapur	+1 800 579 2745	
Szwajcaria	+41 565800000	+41 800200442
Szwecja	+46 850619671	+46 200883979
Tajwan, Chiny	00806651752	
Wielka Brytania	+44 8000126019	+44 2073057197
Włochy	+39 800985513	+39 236003759
Inne kraje	+44 1799 534000	

Karty charakterystyki — dostępne na stronie firmy Illumina pod adresem support.illumina.com/sds.html.

Dokumentacja produktu jest dostępna do pobrania w witrynie support.illumina.com.



Illumina

5200 Illumina Way

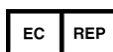
San Diego, California 92122, USA

+1 800 809 ILMN (4566)

+1 858 202 4566 (poza Ameryką Północną)

techsupport@illumina.com

www.illumina.com



Illumina Netherlands B.V.

Steenoven 19

5626 DK Eindhoven

Holandia

Sponsor australijski

Illumina Australia Pty Ltd

Nursing Association Building

Level 3, 535 Elizabeth Street

Melbourne, VIC 3000

Australia

DO STOSOWANIA W DIAGNOSTYCE IN VITRO

© 2021 r. Illumina, Inc. Wszelkie prawa zastrzeżone.

illumina[®]