

Un phân tích Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx

Hướng dẫn quy trình công việc cho MiSeqDx

DÙNG CHO CHẨN ĐOÁN IN VITRO

Tổng quan	3
Nhập thông tin lần chạy	3
Phương pháp phân tích	5
Xem lần chạy và kết quả	5
Báo cáo kết quả	6
Tập đầu ra phân tích	6
Lịch sử sửa đổi	10
Hỗ trợ kỹ thuật	11



Tài liệu này và nội dung trong đó thuộc quyền sở hữu của Illumina, Inc. và các công ty liên kết của Illumina, Inc. ("Illumina") và chỉ dành cho việc sử dụng theo hợp đồng với khách hàng của Illumina liên quan đến việc sử dụng (các) sản phẩm được mô tả trong tài liệu này và không dành cho mục đích nào khác. Tài liệu này và nội dung trong đó sẽ không được sử dụng hay phân phối vì bất kỳ mục đích nào khác và/hoặc không được truyền tải, tiết lộ hay sao chép dưới bất kỳ hình thức nào khác mà không có sự cho phép trước bằng văn bản của Illumina. Illumina không chuyển nhượng bất kỳ giấy phép nào theo các bằng sáng chế, nhãn hiệu, bản quyền hoặc các quyền theo thông luật cũng như các quyền tương tự của bất kỳ bên thứ ba nào thông qua tài liệu này.

Các hướng dẫn nêu trong tài liệu này phải được tuân thủ nghiêm ngặt và rõ ràng bởi cá nhân được đào tạo phù hợp và có đủ trình độ nhằm đảm bảo sử dụng an toàn và đúng cách (các) sản phẩm được mô tả trong tài liệu này. Phải đọc và hiểu hoàn toàn tất cả nội dung của tài liệu này trước khi sử dụng (các) sản phẩm đó.

VIỆC KHÔNG ĐỌC TOÀN BỘ VÀ TUÂN THỦ RÕ RÀNG TẤT CẢ CÁC HƯỚNG DẪN NÊU TRONG TÀI LIỆU NÀY CÓ THỂ DẪN ĐẾN GÂY HƯ HỎNG (CÁC) SẢN PHẨM, GÂY TỔN THƯƠNG CHO CON NGƯỜI, BAO GỒM NGƯỜI DÙNG HOẶC NHỮNG NGƯỜI KHÁC VÀ GÂY THIẾT HẠI TÀI SẢN KHÁC, VÀ SẼ LÀM MẤT HIỆU LỰC BẢO HÀNH ÁP DỤNG CHO (CÁC) SẢN PHẨM ĐÓ.

ILLUMINA KHÔNG CHỊU BẤT KỲ TRÁCH NHIỆM NÀO PHÁT SINH TỪ VIỆC SỬ DỤNG KHÔNG ĐÚNG CÁCH (CÁC) SẢN PHẨM ĐƯỢC MÔ TẢ TRONG TÀI LIỆU NÀY (BAO GỒM CẢ CÁC BỘ PHẬN CỦA SẢN PHẨM HOẶC PHẦN MỀM).

© 2022 Illumina, Inc. Bảo lưu mọi quyền.

Tất cả các nhãn hiệu đều là tài sản của Illumina, Inc. hoặc các chủ sở hữu tương ứng. Để biết thông tin cụ thể về nhãn hiệu, hãy truy cập trang web www.illumina.com/company/legal.html.

Tổng quan

Mô-đun Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx trước tiên thực hiện việc tách đoạn các đoạn đọc đã được lập chỉ thị. Nếu có, DNA GenerateFASTQ Dx sẽ tạo ra các tệp đầu ra trung gian ở định dạng FASTQ, sau đó thoát khỏi quy trình công việc. Không thực hiện căn chỉnh hoặc phân tích bổ sung nào. Các tệp FASTQ là dữ liệu đầu vào bắt buộc để phân tích bằng các công cụ phân tích của bên thứ ba.

Mô-đun Local Run Manager DNA GenerateFASTQ Dx có thể chạy trên Local Run Manager v3.1.0 (trở lên) và tương thích với của Windows 10. Mô-đun phân tích hỗ trợ quá trình từ giải trình tự đến phân tích cho xét nghiệm Illumina DNA Prep with Enrichment Dx.

Giới thiệu về tài liệu hướng dẫn này

Hướng dẫn này cung cấp các chỉ dẫn để thiết lập các tham số lần chạy cho việc giải trình tự và phân tích trong mô-đun phân tích DNA GenerateFASTQ Dx. Việc sử dụng phần mềm yêu cầu kiến thức cơ bản về hệ điều hành Windows hiện tại và giao diện người dùng dựa trên trình duyệt web. Để biết thông tin về bảng điều khiển Local Run Manager và các thiết lập hệ thống, hãy tham khảo phần *Hướng dẫn tham khảo về phần mềm Local Run Manager dành cho MiSeqDx (tài liệu số 200003931)*.

Nhập thông tin lần chạy

Thiết lập thông số

- 1 Đăng nhập vào Local Run Manager.
- 2 Chọn **Create Run** (Tạo lần chạy), sau đó chọn **DNA GenerateFASTQ Dx**.
- 3 Nhập tên lần chạy duy nhất để giúp xác định lần chạy từ bước giải trình tự đến bước phân tích (tối đa 40 ký tự).
Tên lần chạy có thể chứa ký tự chữ và số, khoảng trắng, và các ký tự đặc biệt `~!@#\$\$%-\_{}`. Bạn không thể sử dụng tên từ lần chạy trước.
- 4 **[Không bắt buộc]** Nhập mô tả lần chạy để giúp nhận diện lần chạy (từ 150 ký tự trở xuống).
Mô tả lần chạy có thể chứa ký tự chữ và số, khoảng trắng, và các ký tự đặc biệt: `~!@#\$\$%-\_{}`.
- 5 Cấu hình các cài đặt chạy sau:
 - ▶ Index Plate (Khay chỉ thị)—Chọn bố cục khay chỉ thị được sử dụng trong quá trình chuẩn bị thu viện. Bạn có thể chọn từ Bộ chỉ thị A, Bộ chỉ thị B và Bộ chỉ thị AB. Tham khảo *Tờ thông tin sản phẩm Illumina DNA Prep with Enrichment Dx* để biết thông tin về bố cục khay chỉ thị. Bộ chỉ thị A và B chứa 96 mẫu cùng với các mỗi kép duy nhất (UDP) tương ứng. Bộ chỉ thị AB chứa 192 mẫu cùng với các UDP tương ứng.
 - ▶ Read Type (Loại đọc): Chọn single read (đọc đơn) hoặc paired end (đọc kết đôi). Loại đọc mặc định là đọc kết đôi.
 - ▶ Read Lengths (Độ dài đọc)—Nhập độ dài đoạn đọc. Độ dài đọc mặc định là 151.
- 6 Trong Module-Specific Settings (Cài đặt theo mô-đun), thiết lập tùy chọn Adapter Trimming (Cắt adapter).
Tính năng cắt adapter được bật theo mặc định.
- 7 Chọn số lượng mẫu cần giải trình tự. Số lượng mẫu đã chọn sẽ bao gồm các khuyến nghị UDP được tự động điền. Nếu không muốn sử dụng khuyến nghị UDP, hãy chọn **Custom** (Tùy chỉnh).

Nếu số lượng mẫu bạn đang giải trình tự không có trong danh sách thả xuống, hãy chọn số lượng mẫu gần nhất. Đảm bảo rằng số đã chọn nhỏ hơn số được sắp xếp theo thứ tự và để thêm các UDP bổ sung khi cần. Ví dụ: để xét nghiệm 18 mẫu, hãy chọn tùy chọn 16 mẫu.

Chỉ định mẫu cho lần chạy

Xác định mẫu cho lần chạy bằng một trong các tùy chọn sau:

- ▶ **Nhập mẫu theo cách thủ công** – Sử dụng bảng trống trên màn hình Create Run (Tạo lần chạy).
- ▶ **Nhập mẫu** – Chuyển đến tệp bên ngoài ở định dạng giá trị được phân tách bằng dấu phẩy (*.csv). Trên màn hình Create Run (Tạo lần chạy) sẽ có sẵn một mẫu cho bạn tải xuống.

Nhập mẫu theo cách thủ công

- 1 Nhập ID mẫu duy nhất vào tab Sample ID (ID mẫu). Sử dụng ký tự chữ-số và/hoặc dấu gạch ngang (từ 40 ký tự trở xuống).
ID mẫu cùng với mô tả mẫu tương ứng và vị trí UDP sẽ được tô màu xanh lam để cho biết mẫu đã được nhập.
- 2 **[Không bắt buộc]** Để chọn mẫu chứng dương và âm, hãy nhấp chuột phải vào giếng mẫu.
- 3 **[Không bắt buộc]** Nhập mô tả mẫu trong tab sample Description (Mô tả mẫu). Mô tả mẫu có thể chứa ký tự chữ-số, dấu chấm, và các ký tự đặc biệt: `~!@\$%-\_{}`. Không được phép có khoảng trắng.
Nếu ID mẫu gắn với mô tả mẫu được sử dụng lại trong lần chạy sau, mô tả mẫu ban đầu sẽ bị ghi đè.
- 4 Chỉnh sửa các vị trí UDP được đề xuất nếu cần. Các vị trí giếng mẫu được đề xuất sẽ được tô màu vàng, tím, cam và hồng.
Nếu sử dụng các giếng mẫu được đề xuất, phần mềm sẽ tự động điền các adapter chỉ thị UDP đáp ứng yêu cầu về đa dạng chỉ thị. Nếu số lượng mẫu bạn chọn không đúng bằng số lượng mẫu bạn sẽ xét nghiệm, hãy đảm bảo chọn adapter chỉ thị UDP cho các giếng bổ sung.
- 5 **[Không bắt buộc]** Chọn **Export Samples** (Xuất mẫu) để xuất tệp thông tin mẫu.
- 6 Chọn **Save Run** (Lưu Lần chạy).

Nhập Bảng thông tin mẫu

Bạn có thể nhập thông tin mẫu từ tệp thông tin mẫu đã được xuất trước đó từ mô-đun DNA GenerateFASTQ Dx bằng tính năng Export Samples (Xuất mẫu), hoặc từ tệp mẫu được tạo bằng cách chọn **Template** (Mẫu) trên màn hình Create Run (Tạo lần chạy). Xem phần [Nhập mẫu theo cách thủ công trên trang 4](#) để biết hướng dẫn cách tạo và xuất thông tin mẫu.

Tập mẫu không bao gồm các khuyến nghị UDP được tự động điền.

Để chỉnh sửa tệp mẫu:

- 1 Chọn **Template** (Mẫu) trên màn hình Create Run (Tạo lần chạy) để tạo cách bố trí khay mới. Tệp mẫu chứa các tiêu đề cột chính xác để nhập thông tin. Chỉnh sửa tệp như sau.
 - a Mở bảng thông tin mẫu trong một trình soạn thảo văn bản.
 - b Nhập thông tin mẫu được yêu cầu.
 - c Lưu tệp ở định dạng giá trị được phân tách bằng dấu phẩy (*.csv). Đảm bảo rằng các ID mẫu không trùng nhau.

Để nhập thông tin mẫu:

- 2 Chọn **Import Samples** (Nhập mẫu), sau đó chọn tệp CSV đó.
- 3 **[Không bắt buộc]** Chọn **Export** (Xuất) để xuất thông tin mẫu ra tệp bên ngoài.
- 4 Chọn **Save Run** (Lưu Lần chạy).

Chỉnh sửa lần chạy

Để biết hướng dẫn về cách chỉnh sửa thông tin trong lượt chạy của bạn trước khi giải trình tự, hãy tham khảo *Hướng dẫn tham khảo về phần mềm Local Run Manager dành cho MiSeqDx (tài liệu số 200003931)*.

Phương pháp phân tích

Mô-đun phân tích DNA GenerateFASTQ Dx thực hiện các bước phân tích sau và sau đó ghi các tệp đầu ra phân tích vào thư mục Alignment (Căn chỉnh).

- ▶ Tách các đoạn đọc chỉ thị
- ▶ Tạo tệp FASTQ

Tách đoạn

Bước tách đoạn so sánh từng trình tự Đoạn đọc chỉ thị với các trình tự chỉ thị được chỉ định cho lần chạy. Bước này không xem xét giá trị chất lượng nào.

Đoạn đọc chỉ thị được xác định bằng các bước sau:

- ▶ Các mẫu được đánh số bắt đầu từ 1 dựa trên thứ tự mẫu được liệt kê cho lần chạy.
- ▶ Mẫu số 0 được dành riêng cho các cụm không được chỉ định cho một mẫu.
- ▶ Các cụm được chỉ định cho một mẫu khi trình tự chỉ thị khớp chính xác hoặc khi có tối đa một lần không khớp trên mỗi Đoạn đọc chỉ thị.

Tạo tệp FASTQ

Sau khi tách đoạn, phần mềm tạo các tệp phân tích trung gian ở định dạng FASTQ, đây là định dạng văn bản được sử dụng để trình bày các trình tự. Tệp FASTQ chứa các đoạn đọc cho từng mẫu và điểm chất lượng liên quan. Bất kỳ mẫu chứng nào được sử dụng cho lần chạy và các cụm không đi qua bộ lọc đều bị loại trừ.

Mỗi tệp FASTQ chứa các đoạn đọc cho riêng một mẫu và tên của mẫu đó sẽ có trong tên tệp FASTQ. Tệp FASTQ là đầu vào chính để căn chỉnh.

Xem lần chạy và kết quả

- 1 Từ bảng điều khiển Local Run Manager, chọn tên lần chạy.
- 2 Từ tab Run Overview (Tổng quan về lần chạy), các số liệu của lần chạy giải trình tự.
- 3 Để thay đổi vị trí tệp dữ liệu phân tích cho các lần xếp lại hàng đợi trong tương lai của lần chạy đã chọn, chọn biểu tượng **Edit** (Chỉnh sửa) và chỉnh sửa đường dẫn tệp thư mục đầu ra của lần chạy. Bạn không thể chỉnh sửa tên của thư mục đầu ra của lần chạy.
- 4 **[Không bắt buộc]** Chọn **Copy to Clipboard** (Sao chép vào bảng tạm) để sao chép đường dẫn tệp thư mục đầu ra của lần chạy.

- 5 Chọn tab Sequencing Information (Thông tin giải trình tự) để xem lại các tham số lần chạy và thông tin về vật tư tiêu hao.
- 6 Chọn tab Samples & Results (Mẫu và kết quả) để xem báo cáo phân tích.
 - ▶ Nếu phân tích được xếp lại hàng đợi, hãy chọn phân tích phù hợp từ danh sách thả xuống Select Analysis (Chọn phân tích).
 - ▶ Từ thanh điều hướng bên trái, chọn một ID mẫu để xem báo cáo cho mẫu khác.
- 7 **[Không bắt buộc]** Chọn **Copy to Clipboard** (Sao chép vào bảng tạm) để sao chép đường dẫn tệp Thư mục phân tích.

Báo cáo kết quả

Kết quả được tóm tắt trong tab Samples and Results (Mẫu và kết quả).

Mẫu

Bảng 1 Bảng mẫu

Tiêu đề cột	Mô tả
Sample ID (ID mẫu)	ID mẫu được cung cấp khi quá trình chạy được tạo.
Plate (Khay)	Khay được cung cấp cùng với khay chỉ thị khi lần chạy được tạo. Cột này chỉ được hiển thị nếu chọn khay chỉ thị AB.
Index Well (Giếng chỉ thị)	Giếng chỉ thị được cung cấp cùng với vị trí giếng mẫu khi lần chạy được tạo.
Description (Mô tả)	Mô tả mẫu được cung cấp khi lần chạy được tạo.
UDP	UDP được sử dụng với mẫu.
Control (Mẫu chứng)	Mẫu chứng dương hoặc âm được sử dụng cùng với mẫu.

Lập chỉ thị

Bảng 2 Bảng lập chỉ thị

Tiêu đề cột	Mô tả
Mã số chỉ thị	ID được gán dựa trên thứ tự các mẫu được liệt kê trong bảng mẫu.
ID mẫu	ID mẫu được cung cấp khi quá trình chạy được tạo.
UDP	UDP được sử dụng với mẫu.
% số đoạn đọc đã xác định (PF)	Tỷ lệ phần trăm số đoạn đọc đi qua bộ lọc.

Tập đầu ra phân tích

Các tập đầu ra phân tích sau đây được tạo ra cho mô-đun phân tích DNA GenerateFASTQ Dx.

Tên tệp	Mô tả
Demultiplexing (*.demux)	Các tệp trung gian chứa kết quả tách đoạn.
FASTQ (*.fastq.gz)	Tập trung gian chứa các phát hiện base đã được chấm điểm chất lượng. Tập FASTQ là đầu vào chính cho bước căn chỉnh.

Định dạng tệp tách đoạn

Quá trình tách đoạn đọc trình tự chỉ thị gắn với mỗi cụm để xác định cụm đó bắt nguồn từ mẫu nào. Ánh xạ giữa các cụm và số mẫu được ghi vào một tệp tách đoạn (*.demux) cho mỗi ô lưới của tế bào dòng chảy.

Định dạng tên tệp tách đoạn là **s_1_X.demux**, trong đó X là số ô lưới.

Các tệp tách đoạn bắt đầu với phần đầu:

- ▶ Phiên bản (số nguyên 4 byte), hiện tại là 1
- ▶ Số lượng cụm (số nguyên 4 byte)

Phần còn lại của tệp bao gồm số mẫu cho mỗi cụm từ ô lưới.

Khi bước tách đoạn hoàn tất, phần mềm tạo ra tệp tách đoạn tên là **DemultiplexSummaryF1L1.txt**.

- ▶ Trong tên tệp, **F1** đại diện cho số tế bào dòng chảy.
- ▶ Trong tên tệp, **L1** đại diện cho số lần.
- ▶ Kết quả tách đoạn là một bảng, mỗi hàng tương ứng với một ô lưới, mỗi cột tương ứng với một mẫu, bao gồm cả mẫu số 0.
- ▶ Ngoài ra, tệp còn ghi lại các chuỗi thường gặp nhất trong đoạn đọc chỉ thị.

Định dạng tệp FASTQ

FASTQ là một định dạng tệp văn bản chứa các phát hiện base và giá trị chất lượng cho mỗi đoạn đọc. Mỗi bản ghi có 4 dòng:

- ▶ Mã nhận dạng
- ▶ Trình tự
- ▶ Dấu cộng (+)
- ▶ Điểm chất lượng Phred được mã hóa theo định dạng ASCII + 33

Mã nhận dạng được định dạng là:

@Instrument:RunID:FlowCellID:Lane:Tile:X:Y ReadNum:FilterFlag:0:SampleNumber

Ví dụ:

```
@SIM:1:FCX:1:15:6329:1045 1:N:0:2
TCGCACTCAACGCCCTGCATATGACAAGACAGAATC
+
<>;##=><9=AAAAAAAAAA9#:<#<;<<<????#=#
```

Tệp đầu ra bổ sung

Các tệp đầu ra sau đây cung cấp thông tin bổ sung hoặc tóm tắt kết quả chạy và lỗi phân tích. Mặc dù các tệp này không bắt buộc để đánh giá kết quả phân tích, nhưng chúng có thể được sử dụng cho mục đích xử lý sự cố. Tất cả các tệp đều nằm trong thư mục Alignment (Căn chỉnh), trừ khi có chỉ định khác.

Tên tệp	Mô tả
AdapterTrimming.txt	Liệt kê số lượng base đã được cắt và phần trăm base cho mỗi ô lưới. Chỉ có tệp này nếu quá trình cắt adapter được chỉ định cho lần chạy.
AnalysisLog.txt	Nhật ký xử lý mô tả từng bước đã diễn ra trong quá trình phân tích thư mục chạy hiện tại. Tệp này không chứa thông báo lỗi. Nằm ở cấp độ gốc của thư mục chạy.
AnalysisError.txt	Nhật ký xử lý liệt kê bất kỳ lỗi nào xảy ra trong quá trình phân tích. Tệp này sẽ trống nếu không có lỗi nào xảy ra. Nằm ở cấp độ gốc của thư mục chạy.
CompletedJobInfo.xml	Được ghi sau khi phân tích hoàn tất, chứa thông tin về lần chạy, chẳng hạn như ngày, ID tế bào dòng chảy, phiên bản phần mềm và các tham số khác. Nằm ở cấp độ gốc của thư mục chạy.
Checksum.csv	Chứa tên tệp và giá trị tổng kiểm duy nhất cho các tệp FASTQ (đã xác định và chưa xác định), tệp BCL, và tệp SampleSheetUsed.csv .
DemultiplexSummaryF1L1.txt	Báo cáo kết quả tách đoạn trong một bảng, với 1 hàng cho mỗi ô lưới và 1 cột cho mỗi mẫu.
GenerateFASTQRunStatistics.xml	Chứa thống kê tóm tắt cụ thể cho lần chạy. Nằm ở cấp độ gốc của thư mục chạy.

Thư mục phân tích

Thư mục phân tích chứa các tệp được phần mềm Local Run Manager tạo ra.

Mối quan hệ giữa thư mục đầu ra và thư mục phân tích được tóm tắt như sau:

- ▶ Trong quá trình giải trình tự, Real-Time Analysis (RTA) sẽ điền vào thư mục đầu ra các tệp được tạo ra trong quá trình phân tích hình ảnh, phát hiện base và chấm điểm chất lượng.
- ▶ RTA sao chép các tệp vào thư mục phân tích trong thời gian thực. Sau khi RTA gán điểm chất lượng cho từng base ở mỗi chu kỳ, phần mềm sẽ ghi tệp RTAComplete.xml vào cả hai thư mục.
- ▶ Khi tệp RTAComplete.xml xuất hiện, quá trình phân tích bắt đầu.
- ▶ Khi quá trình phân tích tiếp tục, Local Run Manager sẽ ghi các tệp đầu ra vào thư mục phân tích, sau đó sao chép các tệp này trở lại thư mục đầu ra.

Thư mục căn chỉnh

Mỗi lần phân tích được xếp lại hàng đợi, Local Run Manager sẽ tạo một thư mục căn chỉnh có tên là **Alignment_N**, trong đó N là một số thứ tự tăng dần.

Cấu trúc thư mục

Data

Alignment_## hoặc Alignment_Imported_##

[Dấu thời gian lần chạy]

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

Ghi nhật ký

. BuildFastq0.stdout.txt
 . BuildFastq1.stdout.txt
 . commands.txt

Biểu đồ

. AdapterCounts.txt
 . AdapterTrimming.txt
 . AnalysisError.txt
 . AnalysisLog.txt
 . Checkpoint.txt
 . Checksum.csv
 . CompletedJobInfo.xml
 . DemultiplexSummaryF1L1.txt
 . GenerateFASTQRunStatistics.xml
 . SampleSheetUsed.csv

Phát hiện base và tính đa dạng của chỉ thị

Khi các mẫu được giải trình tự trên thiết bị MiSeqDx, quá trình phát hiện base sẽ xác định một base (A, C, G hoặc T) cho mỗi cụm của một ô cho trước hoặc vùng chụp ảnh trên tế bào dòng chảy ở một chu kỳ cụ thể. Thiết bị MiSeqDx sử dụng phương pháp giải trình tự bốn kênh. Phương pháp này cần bốn hình ảnh để mã hóa dữ liệu cho bốn base ADN, hai từ kênh đỏ và hai từ kênh xanh lục.

Quy trình dành cho các đoạn đọc chỉ thị phát hiện base khác với quy trình phát hiện base trong các đoạn đọc khác.

Khi lựa chọn các chỉ thị trong quá trình tạo lần chạy, cảnh báo tính đa dạng thấp sẽ xuất hiện nếu các chỉ thị không đáp ứng yêu cầu về tính đa dạng. Để ngăn xuất hiện cảnh báo tính đa dạng thấp, hãy chọn trình tự chỉ thị cung cấp tín hiệu trong cả hai kênh cho mọi chu kỳ.

- ▶ Kênh đỏ: A hoặc C
- ▶ Kênh xanh lục: G hoặc T

Quy trình phát hiện base này đảm bảo độ chính xác khi phân tích các mẫu ít kênh. Để biết thêm thông tin về trình tự của các chỉ thị, hãy tham khảo *Tờ thông tin sản phẩm Illumina DNA Prep with Enrichment Dx*.

Trong quá trình tạo lần chạy trong Local Run Manager, bạn sẽ chọn số lượng mẫu cần được xét nghiệm. Các tổ hợp chỉ thị được đề xuất đáp ứng các yêu cầu về tính đa dạng chỉ thị sẽ được phần mềm tự động điền. Dù không bắt buộc nhưng chúng tôi khuyến khích sử dụng các tổ hợp chỉ thị UDP được đề xuất.

Lịch sử sửa đổi

Tài liệu	Ngày	Mô tả thay đổi
Tài liệu số 200015661 v01	Tháng 5 2022	Đã thêm địa chỉ cho nhà bảo trợ tại Úc. Đã làm rõ giới hạn mô tả mẫu.
Tài liệu số 200015661 v00	Tháng 2 năm 2022	Phát hành lần đầu

Hỗ trợ kỹ thuật

Để được hỗ trợ kỹ thuật, hãy liên hệ với bộ phận Hỗ trợ kỹ thuật của Illumina.

Trang web: www.illumina.com
Email: techsupport@illumina.com

Các số điện thoại hỗ trợ khách hàng của Illumina

Khu vực	Số miễn cước	Khu vực
Bắc Mỹ	+1.800.809.4566	
Úc	+1.800.775.688	
Áo	+43 800006249	+43 19286540
Bỉ	+32 80077160	+32 34002973
Trung Quốc	400.066.5835	
Đan Mạch	+45 80820183	+45 89871156
Phần Lan	+358 800918363	+358 974790110
Pháp	+33 805102193	+33 170770446
Đức	+49 8001014940	+49 8938035677
Hồng Kông, Trung Quốc	800960230	
Ireland	+353 1800936608	+353 016950506
Ý	+39 800985513	+39 236003759
Nhật Bản	0800.111.5011	
Hà Lan	+31 8000222493	+31 207132960
New Zealand	0800.451.650	
Na Uy	+47 800 16836	+47 21939693
Singapore	+1.800.579.2745	
Hàn Quốc	+82 80 234 5300	
Tây Ban Nha	+34 911899417	+34 800300143
Thụy Điển	+46 850619671	+46 200883979
Thụy Sĩ	+41 565800000	+41 800200442
Đài Loan, Trung Quốc	00806651752	
Vương quốc Anh	+44 8000126019	+44 2073057197
Các quốc gia khác	+44.1799.534000	

Các bảng dữ liệu an toàn (SDS)—Có trên trang web của Illumina tại địa chỉ support.illumina.com/sds.html.

Tài liệu hướng dẫn về sản phẩm—Có thể tải xuống từ support.illumina.com.



Illumina
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (ngoài khu vực Bắc Mỹ)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com



Illumina Netherlands B.V.
Steenoven 19
5626 DK Eindhoven
Hà Lan

Nhà bảo trợ tại Úc
Illumina Australia Pty Ltd
Nursing Association Building
Level 3, 535 Elizabeth Street
Melbourne, VIC 3000
Úc