

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

Résultats d'exomes rapides,
flexibles et évolutifs avec prise
en charge des échantillons FFIP
à faible entrée

- Détectez les variants rares avec de faibles fréquences alléliques à partir de l'ADNg extrait de tissus FFIP
- Préparez des bibliothèques prêtes pour le séquençage en ≤ 10 heures, avec une durée de manipulation d'environ 4 heures
- Analysez les données et réalisez un appel des variants avec une sensibilité analytique élevée à l'aide de l'analyse secondaire DRAGEN^{MC}
- Permettez l'interprétation définie par l'utilisateur et la génération de rapports de recherche avec Illumina Connected Insights

Séquençage des exomes de l'échantillon aux renseignements avec un partenaire de confiance

Dans le domaine de la recherche sur le cancer, les échantillons préservés de tissus fixés au formol et inclus en paraffine (FFIP) contiennent une abondance de renseignements précieux pour les études sur le cancer. Étant donné que les échantillons FFIP produisent généralement de l'ADN fortement dégradé, ils peuvent être difficiles à analyser avec les méthodes de séquençage de nouvelle génération (SNG).

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 est une solution polyvalente de préparation de bibliothèques (tableau 1) qui utilise la puissance de la technologie de SNG pour obtenir une détection hautement sensible des variants de faible abondance dans les échantillons FFIP à faible entrée. Cette solution à fournisseur unique comprend la trousse de préparation de bibliothèques, Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel et les systèmes de séquençage à débit moyen à élevé d'Illumina, notamment NextSeq^{mc} 2000 System et la série NovaSeq^{mc} X. L'analyse des données est effectuée à l'aide des pipelines DRAGEN disponibles dans BaseSpace^{mc} Sequence Hub et Illumina Connected Analytics. Illumina Connected Insights peut être utilisé pour permettre une analyse et une interprétation définies par l'utilisateur.

Flux de travail rationalisé

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment fait partie d'un flux de travail « tumeur/de référence » intégré de séquençage de l'exome entier (WES, Whole-exome Sequencing), offrant une performance et une qualité des données excellentes. Le flux de travail évolutif débute avec de l'ADN génomique (ADNg) extrait des échantillons FFIP, suivi de la préparation et de l'enrichissement des bibliothèques. Les bibliothèques enrichies sont séquencées sur les systèmes à débit moyen et élevé d'Illumina et un appel des variants très précis est effectué à l'aide de l'analyse secondaire DRAGEN (figure 1). Cette solution conviviale offre des performances élevées pour le séquençage des exomes, fournit des volumes de remplissage faciles à automatiser et prend en charge le multiplexage des échantillons pour un développement efficace (tableau 1).

Tableau 1 : Aperçu d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

Paramètre	Caractéristique
Type d'ADN	ADNg de tissu FFIP
Entrée d'ADN	40 ng d'ADN FFIP
Multiplexage des échantillons	96 à 192 index doubles uniques
Marquage des répétitions	Identifiants moléculaires uniques (IMU) non aléatoires
Plexité d'enrichissement	4 niveaux
Systèmes de séquençage pris en charge	NextSeq 2000 System, Flow Cell P3 ou P4 NovaSeq 6000 System, Flow Cell SP, S1 ou S2 Série NovaSeq X, Flow Cell 1.5B
Durée totale du flux de travail ^a	≤ 10 heures
Durée de manipulation totale	~ 4 heures

a. Comprend les étapes de préparation, d'enrichissement et de normalisation de bibliothèques.

Préparation de bibliothèques rapide et flexible

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment est un test basé sur la ligation qui utilise une seule étape d'hybridation pour la préparation rapide de bibliothèques (figure 2). Il utilise Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel et permet l'interrogation de cibles mitochondriales ou supplémentaires lorsqu'il est complété par Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel ou Illumina Custom Enrichment Panel v2.

Les bibliothèques prêtes pour le séquençage sont préparées en ≤ 10 heures, avec une durée de manipulation de seulement 4 heures environ, ce qui permet aux chercheurs de passer de l'extraction de l'ADN au séquençage en une seule journée. La trousse QIAGEN AllPrep DNA/RNA FFPE Kit (QIAGEN, référence n° 80234) est recommandée pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons FFIP.

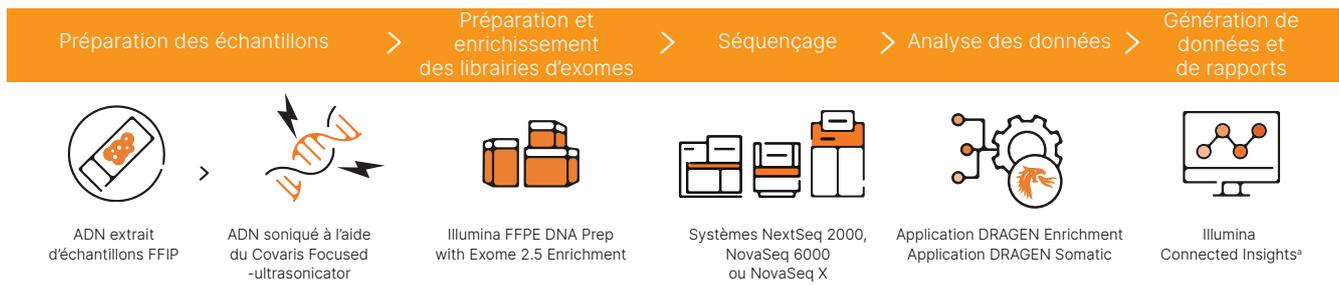


Figure 1 : Des échantillons à la génération de rapports avec un seul partenaire : Illumina prend en charge un flux de travail rationalisé pour le WES, couvrant la préparation des bibliothèques, le séquençage et l'analyse des données.

a. La gamme de produits Illumina Connected Insights prend en charge l'analyse définie par l'utilisateur par le biais d'appels basés sur l'interface de programmation d'application (API, Application Programming Interface) à des sources de connaissances tierces. L'intégration d'Illumina Connected Insights sera disponible lors d'une mise à jour du logiciel DRAGEN au 2e trimestre 2025.

Couverture flexible et évolutive

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment utilise un panel d'enrichissement de l'exome ciblé, complet et à jour. Cette couverture ciblée permet d'obtenir une solution « tumeur/de référence » de WES économique avec un nombre optimal d'échantillons par analyse de séquençage (tableau 2). La couverture du génome mitochondrial (chrM) peut être ajoutée facilement en utilisant Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel comme panel de contrôle dans le protocole d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment. Des régions d'intérêt spécifiques peuvent être ajoutées à l'aide de panels de contrôle personnalisés de 10 000 sondes maximum à l'aide d'Illumina Custom Enrichment Panel v2.

Performance de haute qualité

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment comprend la même chimie de préparation et d'enrichissement de bibliothèques qu'Illumina Cell-Free DNA with Enrichment pour offrir une performance exceptionnelle avec les échantillons FFIP.

 Lisez la [fiche technique d'Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment](#) pour en savoir plus.

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment démontre une performance du test d'enrichissement exceptionnelle avec des échantillons de tissus FFIP. Les bibliothèques ont été préparées à partir de 40 ng d'ADN FFIP d'entrée provenant de 12 paires d'échantillons tumoraux/de référence à l'aide d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment Kit et de Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel.

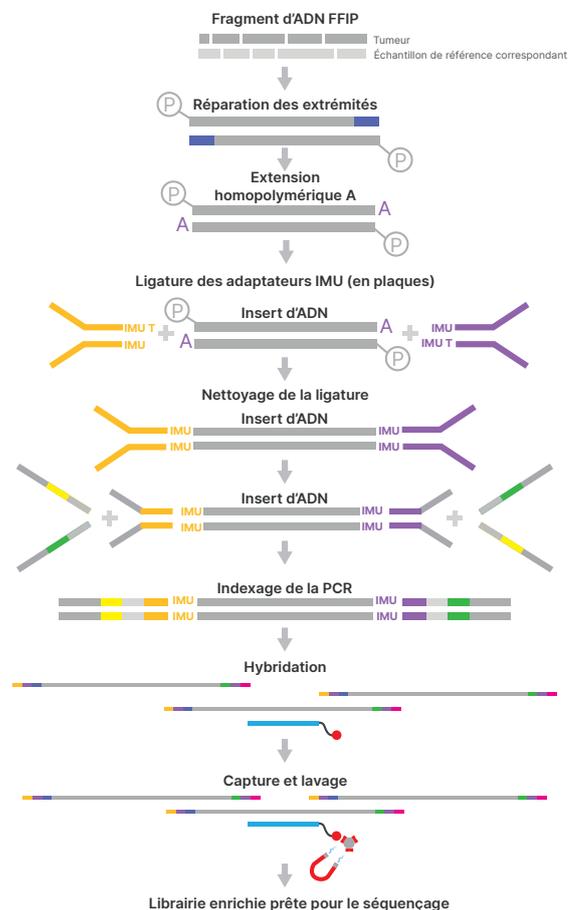


Figure 2 : Préparation rationalisée de bibliothèques basées sur la ligature avec enrichissement de l'exome : après l'enrichissement par capture hybride, les bibliothèques d'exomes sont prêtes pour le séquençage.

Tableau 2 : Plexité de séquençage pour les librairies d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

Type d'échantillon	Profondeur moyenne de couverture cible souhaitée ^a	Nombre de lectures uniques recommandé	Nombre maximal de librairies par Flow Cell					
			NextSeq 2000 System		NovaSeq 6000 System			Série NovaSeq X
			P3	P4	SP	S1	S2	
Tumoral	≥ 130×	≥ 100 millions	8	12	4	12	28	12
De référence	≥ 30×	≥ 28 millions	8	12	4	12	28	12

a. La couverture cible moyenne a été calculée avec le paramètre pour ne pas dénombrer deux fois les couples qui se chevauchent.

Le séquençage a été effectué sur NovaSeq 6000 System à l'aide de la Flow Cell S1 avec une profondeur de séquençage ciblée de ≥ 100 millions de lectures uniques pour les échantillons tumoraux et ≥ 28 millions de lectures uniques pour les échantillons de référence correspondants. Les librairies d'échantillons tumoraux FFIP de qualité moyenne à élevée montrent une profondeur moyenne de couverture cible supérieure à 130× (où la couverture moyenne cible a été calculée avec le paramètre de ne pas dénombrer deux fois les couples qui se chevauchent) et ≥ 90 % des cibles ont atteint une couverture ≥ 50×, avec un impact minimal sur les autres indicateurs de contrôle de la qualité (CQ) des librairies (figure 3).

Détection sensible des variants à faible fréquence

La librairie Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment détecte les petits variants d'ADN à de faibles fréquences alléliques de variants (FAV). Les librairies ont été préparées à l'aide de 40 ng provenant de Seraseq Tumor Mutation DNA Mix v2 AF10 (SeraCare, référence n° 0710-0094) comme échantillon « tumoral » et de 40 ng provenant de Seraseq FFPE WT (DNA/RNA) Reference Material (SeraCare, référence n° 0710-0137) comme échantillon « de référence » apparié. Le mélange de mutations a été dilué à < 10 % de la FAV. Douze réplicats de librairies d'échantillons « tumoraux » et quatre réplicats de librairies d'échantillons « de référence » par niveau de FAV ont été préparés. Les 13 librairies enrichies à quatre niveaux avec Twist for Illumina Exome 2.5 Panel ont été séquencées sur deux Flow Cell S2 sur NovaSeq 6000 System à une longueur de lecture de 2 × 151 pb. Pour l'analyse, les lectures de séquençage des librairies d'échantillons tumoraux ont été sous-échantillonnées à une profondeur de lecture de 100 millions, 70 millions et 46 millions de lectures uniques pour explorer la relation entre la couverture exacte réduite par l'IMU et la détection des variants.

Les lectures pour les librairies d'échantillons de référence ont été sous-échantillonnées en 28 millions de lectures uniques. L'appel des variants a été effectué à l'aide de l'application DRAGEN Somatic dans BaseSpace Sequence Hub.

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment détecte les amplifications géniques à une modification de facteur de 2,5. Les réplicats de librairies ont été préparés à l'aide de 40 ng ou de 20 ng (quatre réplicats chacun) de Seraseq Solid Tumor CNV Mix + 3 copies (SeraCare, référence n° 0710-2866) comme échantillon « tumoral » et de 40 ng d'ADN de Seraseq FFPE WT (DNA/RNA) Reference Material (SeraCare, référence n° 0710-0137) comme échantillon « de référence ». Les librairies ont été séquencées sur une Flow Cell S1 sur NovaSeq 6000 System à une longueur de lecture de 2 × 151 pb, et les lectures de séquençage ont été sous-échantillonnées à 100 millions de lectures uniques pour CNV Mix et à 28 millions de lectures pour l'échantillon WT DNA Reference. L'appel de variants somatiques du nombre de copies a été effectué à l'aide de l'application DRAGEN Somatic dans BaseSpace Sequence Hub à l'aide d'un fichier de référence provenant d'un panel de référence élaboré à partir de 45 échantillons de tissus FFIP de référence et analysé avec l'algorithme de segmentation par défaut de DRAGEN. Les valeurs rapportées sont la moyenne et l'écart-type des huit réplicats du CNV Mix et comparées à la modification de facteur attendue rapportée par SeraCare.

Le test permet une détection de 90 % des variants mononucléotidiques (SNV, Single Nucleotide Variant) (figure 4A) et des insertions/suppressions (indels) (figure 4B) à une FAV de 5 % à partir d'une entrée de 40 ng avec 100 millions de lectures uniques. La sensibilité à une FAV de 6 à 7 % reste élevée avec seulement 46 millions de lectures par librairie d'échantillons tumoraux. Une sensibilité de 100 % a été observée pour la détection de 12 amplifications géniques à une modification de facteur d'environ 2,5 dans un échantillon de contrôle avec trois copies supplémentaires par gène (figure 5).

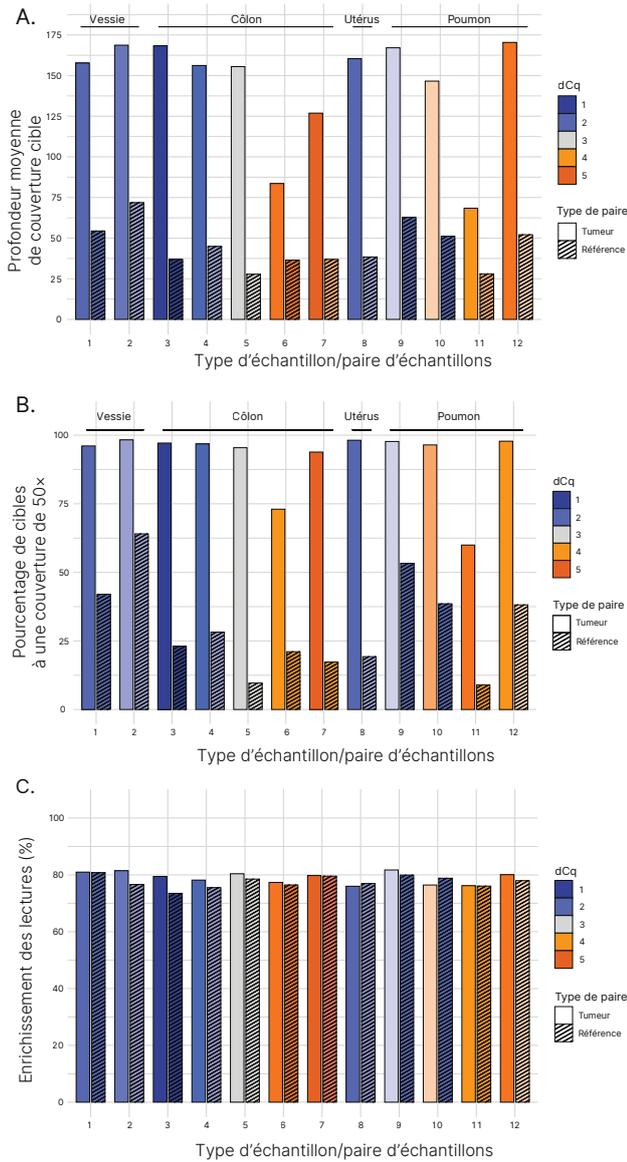


Figure 3 : Indicateurs de performance pour les échantillons de tissus FFPE : les bibliothèques d'échantillons tumoraux/de référence de tissus FFPE de qualité moyenne à élevée ont obtenu d'excellents indicateurs d'enrichissement, notamment un enrichissement des lectures > 70 %, une profondeur moyenne de couverture élevée et > 90 % des cibles avec une couverture ≥ 50x.

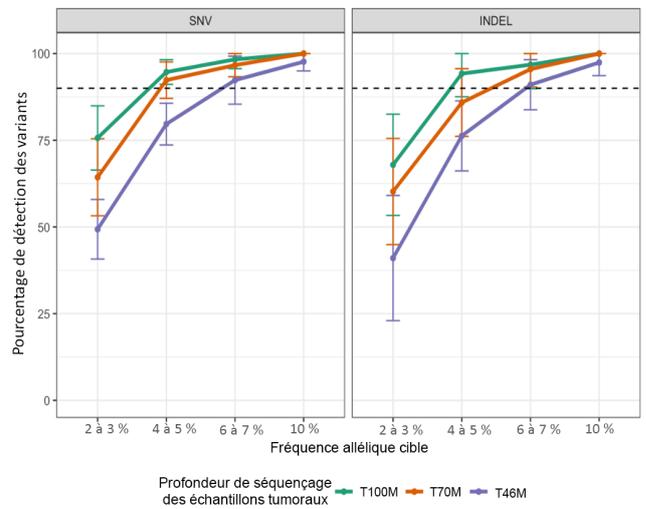


Figure 4 : Détection des variants à une FAV faible : les résultats démontrent qu'illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment permet d'obtenir une détection de 90 % des SNV et des indels à une FAV de 5 % à partir d'une entrée de 40 ng avec 100 millions de lectures uniques (ligne verte). Comme prévu, le taux de détection des variants à FAV comprise entre 4 et 5 % diminue avec le nombre de lectures. Cependant, la sensibilité reste élevée pour les variants à FAV d'environ 6 à 7 % avec seulement 46 millions de lectures uniques (ligne violette) par bibliothèque d'échantillons tumoraux. La ligne en pointillés représente une détection des variants de 90 %.

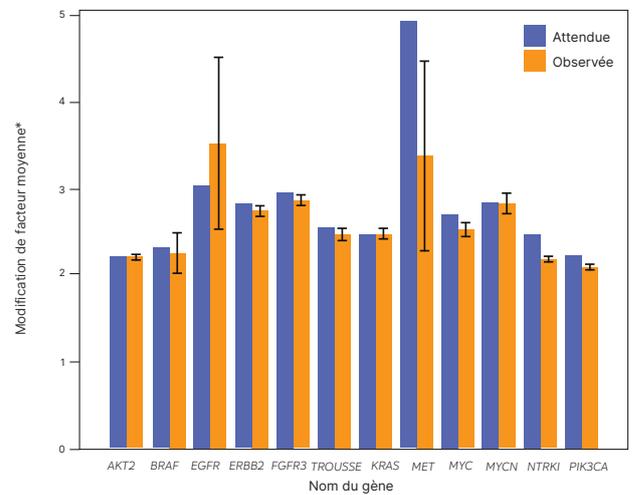


Figure 5 : Détection de l'amplification génique : une sensibilité de 100 % a été observée à l'aide d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment pour la détection de 12 amplifications géniques dans un échantillon de contrôle avec trois copies supplémentaires par gène. Les valeurs rapportées sont la moyenne et l'écart-type des huit réplicats du CNV Mix et comparées à la modification de facteur attendue rapportée par SeraCare. * Seracare rapporte que les gènes *BRAF*, *EGFR* et *MET* ont été amplifiés à l'aide de deux structures synthétiques avec de petites zones de chevauchement. Par conséquent, les événements de VNC couvrant ces régions de chevauchement peuvent montrer une valeur d'amplification gonflée.

Évaluation précise de la charge mutationnelle tumorale (CMT)

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment combine le contenu d'exome complet de Twist for Illumina Exome 2.5 Panel et le pipeline sophistiqué bioinformatique de DRAGEN Somatic pour fournir des estimations précises de la CMT. La capacité d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment à estimer la CMT a été évaluée à l'aide des normes de référence en matière de CMT de SeraCare et de l'ADN FFIP provenant d'échantillons de tissus. Les bibliothèques d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment ont été préparées avec 40 ng de Seraseq gDNA TMB Mix Score 7 et TMB Mix Score 13 standards et leurs échantillons « de référence » respectifs (SeraCare, référence n° 0710-1326 et 0170-1586, respectivement). Les données de séquençage ont été analysées avec l'application DRAGEN Enrichment et les fichiers BAM importés en tant que paires d'échantillons « tumoraux/de référence » dans l'application DRAGEN Somatic. Les résultats montrent que les valeurs de CMT observées correspondent aux valeurs attendues ([tableau 3](#)).

Tableau 3 : Évaluation précise de la CMT avec Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

Seraseq gDNA TMB Mix	Score de CMT attendu	Score de CMT de l'application DRAGEN Somatic
CMT – élevée	13	16,7 (0,1)
CMT – faible	7	9,4 (0,1)

Les valeurs rapportées sont la moyenne et l'écart-type de six répliques techniques.

Concordance avec TruSight^{MC} Oncology 500

Les bibliothèques d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment ont été préparées avec 40 ng d'ADN FFIP provenant d'échantillons tumoraux et des échantillons de référence correspondants. Les bibliothèques ont été séquencées sur plusieurs Flow Cell S2 de NovaSeq 6000 System à une longueur de lecture de 2 × 151 pb, et les lectures de séquençage pour les bibliothèques d'échantillons tumoraux et d'échantillons de référence correspondants ont été sous-échantillonnées au nombre de lectures recommandé ([tableau 2](#)). Les données ont été analysées à l'aide de l'application DRAGEN Enrichment et les fichiers BAM importés en tant que paires d'échantillons « tumoraux/de référence » dans l'application DRAGEN Somatic dans BaseSpace Sequence Hub. En parallèle, 40 ng du même ADN FFIP provenant des échantillons

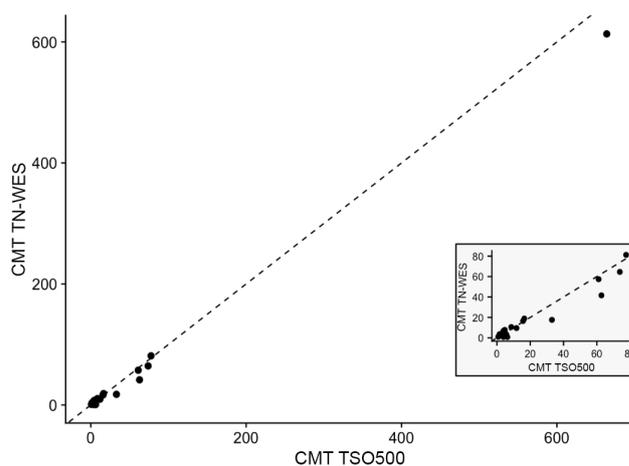


Figure 6 : Évaluation précise de la CMT : l'évaluation de la CMT avec Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment montre une concordance élevée avec les scores de CMT obtenus avec TruSight Oncology 500. Le graphique de l'encadré montre les valeurs de CMT agrandies à ≤ 80 .

tumoraux ont été traités avec TruSight Oncology 500 et les données analysées à l'aide du logiciel TruSight Oncology 500 v2.2.1 (application locale). Les résultats montrent une concordance élevée ($R^2 = 0,999$) avec le score de CMT rapporté par le flux de travail TruSight Oncology 500, démontrant une excellente performance d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment pour l'évaluation de ce biomarqueur oncologique clé ([figure 6](#)). Un pipeline d'analyse pour les biomarqueurs d'instabilité microsatellitaire (IMS) et de déficit de recombinaison homologe (DRH) est en cours de développement; les résultats de l'application DRAGEN Somatic doivent être considérés comme préliminaires. Communiquez avec votre spécialiste des ventes pour en savoir plus sur ces biomarqueurs.

Flexibilité du contenu avec Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment est compatible avec les sondes personnalisées conçues pour couvrir de nouvelles cibles ou pour augmenter la couverture des régions d'intérêt plus élevé. Les panels sont conçus pour une liste de cibles personnalisée et ajoutés facilement en tant que sondes de contrôle dans le protocole Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment. Les panels personnalisés Illumina Custom Panel v2 sont conçus à l'aide de l'[outil de conception en ligne DesignStudio^{MC}](#) ou avec l'aide de l'équipe des services à la carte d'Illumina.

Tableau 4 : Compatibilité d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment avec du contenu supplémentaire

Panel	Twist for Illumina Mitochondrial	Custom Enrichment v2 Panel A	Custom Enrichment v2 Panel B	
Taille du panel (bases)	16 659	244 283	1 590 551	
Nombre de sondes	139	2 804	10 353	
Nombre de gènes couverts	37	79	1 038	
Rapport panel de contrôle/ panel d'exomes	0,008 ^a	0,4 ^a	0,4 ^a	
Lectures de séquençage ^b	100 millions	100 millions	100 millions	110 millions à 220 millions ^c
Couverture cible moyenne : exome ^d	136×	137×	111×	151×
Couverture cible moyenne : région de contrôle ^d	1 397×	193×	52×	72×
Pourcentage de couverture ≥ 50× des cibles d'exome	93 %	93 %	85 %	93 %
Pourcentage de couverture ≥ 50× des cibles de contrôle	99,70 %	99 %	42 %	57 %

a. 2 µl de dilution à 1:50 de Twist for Illumina Mitochondrial Panel, ou 2 µl de Custom Enrichment v2 Panel mélangé à 3 µl de Twist for Illumina Exome 2.5 Panel.

b. Nombre de lectures de séquençage uniques en millions.

c. Indique la plage de lectures de séquençage observée pour les différents échantillons tumoraux d'ADN FFIP.

d. La couverture cible moyenne a été calculée avec le paramètre pour ne pas dénombrer deux fois les couples qui se chevauchent.

Pour démontrer la compatibilité d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment avec une large gamme de tailles de panel de contrôle, le protocole d'Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment a été réalisé avec Twist for Illumina Mitochondrial Panel ou deux panels Illumina Custom Enrichment Panel v2 (tableau 4). Les résultats démontrent une corrélation entre la taille du panel de contrôle et la couverture de l'exome et des cibles de contrôle. Une couverture plus élevée est obtenue avec le petit panel mitochondrial, tandis qu'une excellente couverture est obtenue pour l'exome et les cibles de contrôle lors de l'utilisation d'un panel de contrôle de taille moyenne (panel A). Pour le grand panel de contrôle B, la couverture de l'exome reste élevée tandis que la couverture de la région ciblée par le panel de contrôle est modeste, mais peut être augmentée avec un séquençage approfondi. Une couverture importante des régions qui se chevauchent (figure 7A) ou une couverture de séquençage pour de nouvelles cibles (figure 7B) est observée en présence de panels de contrôle. En outre, une augmentation d'environ 10 fois de la profondeur moyenne de couverture cible et du pourcentage de cibles avec une couverture ≥ 50× a été observée dans les régions ciblées par Custom Enrichment v2 Panel B lorsque le panel de contrôle a été combiné au Twist for Illumina Exome 2.5 Panel pendant la réaction d'enrichissement (tableau 5).

Tableau 5 : Le panel de contrôle Illumina Custom Enrichment v2 Panel améliore les indicateurs d'enrichissement

Paramètre	Twist for Illumina Exome 2.5	Twist for Illumina Exome 2.5 + Panel de contrôle ^a
Profondeur moyenne de couverture cible pour la région de contrôle ^b	5,5×	52×
Uniformité de couverture de contrôle	20 %	89 %
Pourcentage de cibles de contrôle avec une couverture ≥ 20×	5 %	78 %
Pourcentage de cibles de contrôle avec une couverture ≥ 50×	4 %	42 %

a. Custom Enrichment v2 Panel B, consultez le tableau 4 pour plus de détails sur le panel.
b. La couverture cible moyenne a été calculée avec le paramètre pour ne pas dénombrer deux fois les couples qui se chevauchent.

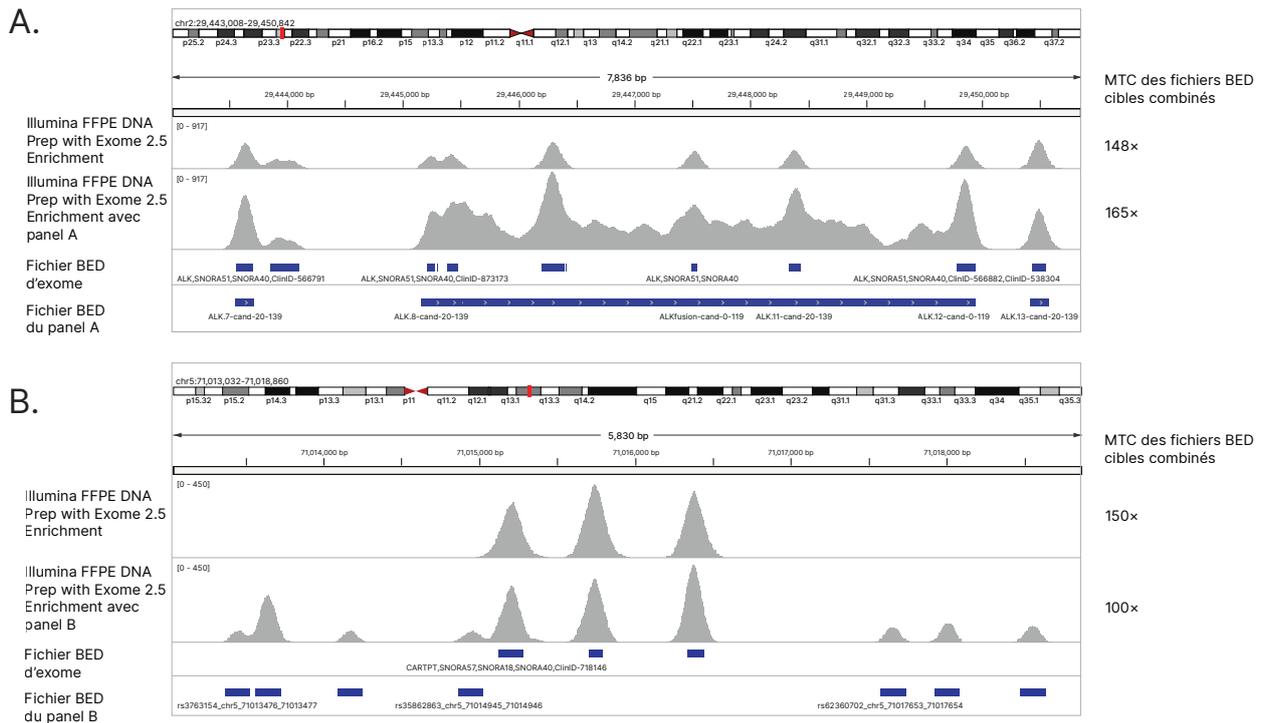


Figure 7 : Couverture de séquençage plus importante avec les panels de contrôle Illumina Custom Enrichment v2 : (A) la comparaison de la couverture cible moyenne (MTC, Mean Target Coverage, calculée avec le paramètre pour ne pas dénombrer deux fois les couples qui se chevauchent) de régions qui se chevauchent entre Illumina FFPE DNA Prep Exome 2.5 Enrichment Panel et Custom Enrichment v2 Panel A (voir le tableau 4) avec ou sans panel de contrôle montre une augmentation de couverture de plus de deux fois en présence du panel de contrôle A. (B) La comparaison de la couverture de nouvelles régions ciblées par Custom Enrichment v2 Panel B (voir le tableau 4) avec ou sans panel de contrôle montre la couverture en présence du panel de contrôle B.

Résumé

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment offre une solution à fournisseur unique et polyvalente de préparation de bibliothèques optimisée pour une utilisation avec de l'ADN à faible entrée provenant d'échantillons de tissus FFIP. Grâce à la solution Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment, les chercheurs peuvent détecter les variations somatiques peu fréquentes avec une sensibilité analytique exceptionnelle. La solution Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment haute performance, combinée au séquençage sur les puissants systèmes de séquençage d'Illumina et à l'analyse accélérée des données, fournit un flux de travail « tumeur/de référence » de SNG de haute qualité, allant du traitement des échantillons à l'analyse des données, à partir d'un seul partenaire de confiance.

En savoir plus

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

[Analyse secondaire DRAGEN](#)

[Illumina Connected Insights](#)

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 échantillons, 4 niveaux)	20104103
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 échantillons, 4 niveaux), sur site ^a	20104104
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Ligation (16 échantillons)	20104105
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Ligation (96 échantillons)	20104106
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Enrichment (16 réactions)	20104107
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20034702
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set A, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set B, Ligation (96 index, 96 échantillons)	20126237
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213
Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel	20076914
Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel	20093180

a. 10 000 Gb; licence d'un an incluse pour le serveur DRAGEN.



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03347 FRA v1.0