

Bijsluiter

BESTEMD VOOR IN-VITRODIAGNOSTIEK.

Beoogd gebruik

De VeriSeq™ NIPT Solution v2 is een diagnostische *in-vitro*test bedoeld voor gebruik als screeningstest voor de detectie van genoombrede foetale genetische anomalieën uit monsters van perifeer volbloed van vrouwen die ten minste 10 weken zwanger zijn. VeriSeq NIPT Solution v2 detecteert met behulp sequencing van het hele genoom partiële deleties en duplicaties voor alle autosomen en de aneuploidie-status voor alle chromosomen. Met de test is het mogelijk om aneuploidie van geslachtschromosomen (SCA) vast te stellen. Dit product mag niet worden gebruikt als enige basis voor diagnostiek of andere beslissingen met betrekking tot de zwangerschapsbegeleiding.

De VeriSeq NIPT Solution v2 omvat: de VeriSeq NIPT Workflow Manager v2 voor de VeriSeq NIPT Microlab STAR, de VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit en de VeriSeq Onsite Server v2 met de VeriSeq NIPT Assay Software v2. De VeriSeq NIPT Solution v2 is bedoeld voor gebruik met een next-generation sequencer.

Samenvatting en uitleg van de assay

Foetale chromosomale afwijkingen, met name aneuploidie, wat een afwijkend aantal chromosomen is, zijn een veelvoorkomende oorzaak van onvruchtbaarheid, congenitale afwijkingen, vertraagde ontwikkeling en verstandelijke beperkingen. Aneuploidie treft ongeveer 1 op de 300 levendgeborenen, met een veel hoger aantal dat in verband wordt gebracht met miskramen en doodgeborenen.^{1,2} Tot voor kort waren er twee soorten prenatale tests voor deze aandoeningen: een diagnostische test of een screening. Diagnostische tests zijn invasieve procedures, zoals amniocentese of chorionvillusbiopsie. Deze testmethoden worden beschouwd als de gouden standaard voor de detectie van foetale aneuploidie. Ze gaan echter gepaard met een risico op een miskraam tussen 0,11% en 0,22%.³ Bij conventionele screenings voor meerdere markers is er geen sprake van risico op een miskraam, omdat het om niet-invasief onderzoek gaat, maar ze zijn minder nauwkeurig dan diagnostische tests. De detectiepercentages voor trisomie 21 variëren tussen 69–96%, afhankelijk van de betreffende screening, leeftijd van de moeder en de zwangerschapsduur op het moment van de test.⁴ Nog belangrijker is dat ze een fout-positiefpercentage hebben van ongeveer 5%, hetgeen kan leiden tot invasieve diagnostische tests ter bevestiging en, daarmee samenhangend, het risico op een proceduregerelateerde miskraam.⁴ Echografisch onderzoek kan ook chromosoomafwijkingen opsporen, maar met nog minder zekerheid dan deze andere methoden.

Foetale aneuploidie voor chromosomen 21, 18, 13, X en Y kan met een hoge mate van nauwkeurigheid worden gedetecteerd door een niet-invasieve prenatale test (NIPT) uit te voeren met behulp van volledig genoomsequencing van celvrij DNA (cfDNA), verkregen uit maternaal plasma bij een zwangerschapsduur van 10 weken of langer. Op basis van een recente meta-analyse van meerdere klinische onderzoeken werden de volgende gewogen gepoolde detectiepercentages en specificiteiten voor trisomie 21 en trisomie 18 bij enkelvoudige zwangerschappen gemeld: trisomie 21 respectievelijk 99,7% en 99,96% en trisomie 18 respectievelijk 97,9% en

99,96%.⁵ Uit de resultaten van één onderzoek blijkt dat het gebruik van NIPT als primaire screening voor alle zwangerschappen zou kunnen resulteren in een afname van 89% van het aantal bevestigende invasieve procedures.⁶

Gezien de significante afname in het percentage fout-positieve uitslagen met NIPT, vergeleken met de conventionele screening met meerdere markers, hebben talrijke professionele medische organisaties positief gereageerd op verschillende indicaties voor het gebruik van NIPT.

Met name de International Society for Prenatal Diagnosis, het American College of Obstetricians and Gynecologists (ACOG)/Society for Maternal Fetal Medicine (SMFM), het American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) en de European Society of Human Genetics/American Society of Human Genetics staan positief tegenover het aanbieden van NIPT aan alle zwangere vrouwen.^{7,8,9} Een adviesgesprek voorafgaand aan de test, geïnformeerde toestemming en een diagnostische test ter bevestiging van een positief cfDNA-screeningsresultaat worden aangeraden.⁴

De VeriSeq NIPT Solution v2 is een niet-invasieve in-vitrodiagnostische (IVD) test die gebruikmaakt van volledig genoom-sequencing van cfDNA-fragmenten die zijn verkregen uit maternaal perifeer volbloedmonsters van zwangere vrouwen met een zwangerschapsduur van ten minste 10 weken. De test biedt twee opties voor soorten screening: basaal en genoombreed. De basale screening geeft alleen informatie over de aneuploidie-status van de chromosomen 21, 18, 13, X en Y. Genoombrede screeningen geven informatie over partiële duplicaties en deleties voor alle autosomen en de aneuploidie-status van alle chromosomen. Beide screeningtypes bieden de optie van rapportage van aneuploidie van geslachtschromosomen (SCA), al dan niet inclusief het geslacht van de foetus. De rapportageoptie voor SCA kan worden uitgeschakeld. Als de rapportageoptie voor SCA is uitgeschakeld, wordt het geslacht van de foetus ook niet vermeld. Raadpleeg voor meer informatie over de geslachtsrapportageopties de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding* (documentnr. 1000000067940).

Principes van de procedure

De VeriSeq NIPT Solution v2 is een geautomatiseerde oplossing voor NIPT-laboratoriumtests die bestaat uit geautomatiseerde monstervoorbereiding en analyse van sequencinggegevens. De VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskits zijn specialistische reagentia voor eenmalig gebruik die worden gebruikt in combinatie met de VeriSeq NIPT Microlab STAR om batches van 24, 48 of 96 monsters voor te bereiden op next-generation sequencing. Gegevens van paired-end sequencing van het volledige genoom worden geanalyseerd door specialistische software, de VeriSeq NIPT-assaysoftware v2, en er wordt een rapport gegenereerd van de kwalitatieve resultaten.

De workflow bestaat uit de procedures monsterafname, plasma-isolatie, cfDNA-extractie, bibliotheekvoorbereiding, bibliotheekkwantificering, bibliotheekpooling, sequencing en analyse, die hieronder nader worden beschreven:

- **Monsterafname**—Er wordt 7–10 ml maternaal perifeer volbloed afgenomen in een Streck celvrij DNA-bloedafnamebuisje (Blood Collection Tube, BCT) dat cellyse en genoomverontreiniging voorkomt en volbloed stabiliseert.

- **Plasma-isolatie**—Plasma wordt binnen 5 dagen na afname geïsoleerd uit maternaal perifeer volbloed met behulp van standaard centrifugetechnieken. De VeriSeq NIPT Microlab STAR aspireert en verdeelt plasma in een plaat met 96 diepe wells voor verdere verwerking. Als opnieuw testen nodig is, kunnen monsters na verwerking opnieuw van een dop worden voorzien en nog eens vijf dagen (tot in totaal tien dagen na de bloedafname) bij 4 °C worden bewaard.

**LET OP**

Langere opslagtijden dan hierboven wordt genoemd, kunnen ertoe leiden dat de analyse van individuele monsters vaker mislukt.

- **cfDNA-extractie**—Zuivering van cfDNA uit plasma wordt bereikt door absorptie op een bindingsplaat, wassen van de bindingsplaat om verontreinigingen te verwijderen en elutie.
- **Bibliotheekvoorbereiding**—De gezuiverde cfDNA-fragmenten ondergaan een uiteindereparatieproces om de overhangende 5'- en 3'-uiteinden stomp te maken. Vervolgens wordt een deoxyadenosinenucleotide aan de 3'-uiteinden toegevoegd om een overhangend uiteinde met één base te maken. Geïndexeerde adapters met een overhangend 3'-deoxythymidine-uiteinde met één base worden daarna geligeerd op de verwerkte cfDNA-fragmenten. Het geligeerde DNA wordt gezuiverd met behulp van vaste omgekeerde immobilisatieparels. Elk monster in een set van 24, 48 of 96 krijgt een unieke, geïndexeerde adapter. De adapters hebben 2 functies:

**LET OP**

Wees uiterst voorzichtig om kruisbesmetting van de indexen te voorkomen, wat kan leiden tot onjuiste resultaten.

- De indexen zorgen voor monsteridentificatie in latere sequencing.
- Indexadapters bevatten sequenties voor bibliotheekopname op het vaste oppervlak van een sequencingstroomcel voor de vorming van clusters en latere sequencing.
- **Kwantificering**—Het bibliotheekproduct wordt gekwantificeerd met behulp van een fluorescente kleurstof met een concentratie die wordt bepaald aan de hand van een vergelijking met een DNA-standaardcurve.
- **Bibliotheekpooling en sequencing**—De monsterbibliotheeken worden gepoold in pools van 24 of 48 monsters in aangepaste hoeveelheden voor minimale variatie in dekking. Elke pool wordt vervolgens gesequenced met een next-generation sequencingsysteem.
- De VeriSeq NIPT Solution v2 omvat geen sequencingapparatuur en verbruiksartikelen.
- **Analyse**—De analyse voor elk monster bestaat uit het volgende:
 - Identificatie van bibliotheekfragmenten aan de hand van de indexsequentie en uitlijning van de paired-end bepalingen met een humaan referentiegenoom.
 - Schatting van de foetale fractie van de bibliotheek door combinatie van informatie uit de verdeling van de lengtes en de genomcoördinaten van de bibliotheekfragmenten.

- Na correctie voor bekende vertekeningen detecteert een statistisch model regio's van het genoom die in de bibliotheek op zodanige wijze onder- of oververtegenwoordigd zijn dat dit consistent is met een anomalie bij het geschatte foetale-fractiepercentage.
- Het NIPT-rapport geeft een overzicht van de resultaten voor het geselecteerde testmenu met vermelding van ANOMALY DETECTED (Anomalie gedetecteerd) of NO ANOMALY DETECTED (Geen anomalie gedetecteerd), samen met een schatting van de foetale fractie voor monsters die de QC met succes hebben doorlopen.
- Het aanvullend rapport vermeldt voor elke gedetecteerde anomalie de kenmerkende kwantitatieve metrieken.

Beperkingen van de procedure

Beperkingen van de assay

- Bewijsmateriaal ter onderbouwing van de sensitiviteit en specificiteit van de test beslaat enkelvoudige en tweelingzwangerschappen. Deze gebruiksinstructies bieden geen sensitiviteits- of specificiteitsgegevens voor zwangerschappen met drie of meer baby's.
- De VeriSeq NIPT Solution v2 is niet bedoeld voor het detecteren van polyploidie, zoals triploidie.
- De VeriSeq NIPT Solution v2 is niet bedoeld voor het detecteren van gebalanceerde chromosoomherschikkingen.
- Voor de assay zijn maternale perifere volbloedmonsters nodig van vrouwen die ten minste 10 weken zwanger zijn.
- Voor basale screeningen kijkt de VeriSeq NIPT Solution v2-test naar specifieke chromosoomafwijkingen. Resultaten die worden gemeld als NO ANOMALY DETECTED (Geen anomalie gedetecteerd) sluiten de mogelijkheid van chromosomale afwijkingen van de geteste chromosomen niet uit. Een negatief resultaat sluit niet uit dat er bij de zwangerschap sprake is van andere chromosomale afwijkingen, genetische aandoeningen of aangeboren afwijkingen (zoals open neurale buis-defecten).
- Voor genoombrede screeningen kunnen grote deleties en duplicaties die minder dan 75% van het chromosoom uitmaken een aanwijzing zijn voor een aneuploidie van het gehele chromosoom.
- Voor genoombrede screeningen worden bepaalde regio's uitgesloten van de analyse. Een lijst van dergelijke uitgesloten regio's is beschikbaar op de Illumina Support-website. Alleen niet-uitgesloten regio's worden onderzocht op de aanwezigheid van genoomanomalieën.
- Rapportage over het geslacht van de foetus is niet in alle regio's beschikbaar vanwege lokale regelgeving inzake geslachtsrapportage.
- Uit literatuuronderzoek blijkt dat de screeningresultaten op basis van celvrij DNA kunnen worden beïnvloed door bepaalde maternale en foetale factoren. Deze factoren omvatten, maar zijn niet beperkt tot het volgende:
 - een recente maternale bloedtransfusie;

- een eerdere maternale orgaantransplantatie of stamceltransplantatie;
- een maternale auto-immuunziekte;
- maternale neoplasma's (goedaardig en kwaadaardig);
- matернаal mozaïcisme;
- maternale copy number variations;
- foetoplacentaal mozaïcisme of tot de placenta beperkt mozaïcisme;
- overlijden van de foetus of vanishing twin.

Rapportage VeriSeq NIPT Solution v2

- De VeriSeq NIPT Solution v2 is een screeningstest en mag niet op zichzelf staand zonder andere klinische bevindingen en testresultaten worden beschouwd. Conclusies over de foetale aandoening en beslissingen met betrekking tot de zwangerschapsbegeleiding mogen niet uitsluitend zijn gebaseerd op de resultaten van de NIPT-screening.⁷
- De VeriSeq NIPT Solution v2 rapporteert het volgende:
 - De basale screeningstest op de oververtegenwoordiging van chromosomen 13, 18 en 21.
 - De genoombrede screeningstest op onder- en oververtegenwoordiging van alle autosomen, inclusief partiële deleties en duplicaties van ten minste 7 Mb.
 - Bij enkelvoudige zwangerschappen, waarbij als optie voor geslachtsrapportage Yes (Ja) of SCA is geselecteerd, worden de volgende geslachtschromosoomanomalieën gerapporteerd: XO, XXX, XXY en XYY.
 - Bij enkelvoudige zwangerschappen, waarbij als optie voor geslachtsrapportage Yes (Ja) is geselecteerd, wordt het geslacht van de foetus gerapporteerd.
 - De aanwezigheid van een Y-chromosoom bij tweelingzwangerschappen.

Productonderdelen

De VeriSeq NIPT Solution v2 bestaat uit de volgende monstervoorbereidingen:

- VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (24 monsters) (onderdeelnr. 20025895)
- VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (48 monsters) (onderdeelnr. 15066801)
- VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (96 monsters) (onderdeelnr. 15066802)

De VeriSeq NIPT Solution v2 bestaat uit de volgende softwareonderdelen:

- VeriSeq NIPT Assay Software v2 (onderdeelnr. 20047024), vooraf geïnstalleerd op de VeriSeq Onsite Server v2.
 - VeriSeq Onsite Server v2 (onderdeelnr. 20028403, 20047000 of 20101927) of een bestaande VeriSeq Onsite Server (onderdeelnr. 15076164 of 20016240) die is geüpgraded naar v2.

- VeriSeq NIPT Workflow Manager v2 (onderdeelnr. 20044988), vooraf geïnstalleerd op de VeriSeq NIPT Microlab STAR.
 - VeriSeq NIPT Microlab STAR (onderdeelnr. Hamilton Company Reno: 95475-01 (115 V) & 95475-02 (230 V), Hamilton Company Bonaduz: 806288).
- Local Run Manager VeriSeq NIPT-module (onderdeelnr. 20044989)

Reagentia

Meegeleverde reagentia

Illumina heeft de volgende reagentia meegeleverd: VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (24 monsters) (onderdeelnr. 20025895), VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (48 monsters) (onderdeelnr. 15066801) en VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit (96 monsters) (onderdeelnr. 15066802). De VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit is geconfigureerd voor gebruik met de VeriSeq NIPT Microlab STAR (ML STAR) (onderdeelnr. 95475-01, 95475-02 of 806288), die wordt geleverd door de Hamilton Company.

VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit, extractiedoos

Tabel 1 VeriSeq NIPT-extractiedoos (24) en (48), onderdeelnr. 20025869 en 15066803

Naam reagens op label	Aantal containers in kit	Werkzame bestanddelen	Opslag
Lysisbuffer	1	Guanidinehydrochloride in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Wasbuffer I	1	Guanidinehydrochloride en 2-propanol in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Wasbuffer II	1	Gebufferde waterige oplossing die zouten bevat	15 °C tot 30 °C
Elutiebuffer	1	Gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Proteïnasebuffer	1	Glycerol in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Proteïnase K	3	Gevriesdroogd proteïnase K	15 °C tot 30 °C

Tabel 2 VeriSeq NIPT-extractiedoos (96), onderdeelnr. 15066807

Naam reagens op label	Aantal containers in kit	Werkzame bestanddelen	Opslag
Lysisbuffer	1	Guanidinehydrochloride in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Wasbuffer I	1	Guanidinehydrochloride en 2-propanol in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Wasbuffer II	2	Gebufferde waterige oplossing die zouten bevat	15 °C tot 30 °C
Elutiebuffer	1	Gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Proteïnasebuffer	1	Glycerol in gebufferde waterige oplossing	15 °C tot 30 °C
Proteïnase K	4	Gevriesdroogd proteïnase K	15 °C tot 30 °C

VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit, bibliotheekvoorbereidingsdoos

Tabel 3 VeriSeq NIPT-bibliotheekvoorbereidingsdoos (24) en (48), onderdeelnr. 20026030 en 15066809

Naam reagens op label	Aantal containers in kit	Werkzame bestanddelen	Opslag
Uiteinde-reparatiemengsel	1	DNA-polymerase en dNTP's in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
A-Tailing-mengsel	1	DNA-polymerase en dATP in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
Ligatiemengsel	1	DNA-ligase in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
Hybridisatie-buffer	1	Gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
NIPT DNA-adapterplaat	1	Oligonucleotiden in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C

Tabel 4 VeriSeq NIPT-bibliotheekvoorbereidingsdoos (96), onderdeelnr. 15066810

Naam reagens op label	Aantal containers in kit	Werkzame bestanddelen	Opslag
Uiteinde-reparatiemengsel	1	DNA-polymerase en dNTP's in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
A-Tailing-mengsel	2	DNA-polymerase en dATP in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
Ligatiemengsel	2	DNA-ligase in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
Hybridisatie-buffer	1	Gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C
NIPT DNA-adapterplaat	1	Oligonucleotiden in gebufferde waterige oplossing	-25 °C tot -15 °C

VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit, accessoiredoos

Tabel 5 VeriSeq NIPT-accessoiredoos, onderdeelnr. 15066811

Naam reagens op label	Aantal containers in kit	Werkzame bestanddelen	Opslag
DNA-bindingsplaat	1	Propyleen microplaat met aangepast siliconen membraan	2 °C tot 8 °C
Resuspensiebuffer	1	Gebufferde waterige oplossing	2 °C tot 8 °C
Zuiveringsparels monster	1	Vaste paramagnetische parels in gebufferde waterige oplossing	2 °C tot 8 °C
DNA-kwantificeringsreagens	1	DNA-intercalatiekleurstof in DMSO	2 °C tot 8 °C
DNA-kwantificeringsnorm	1	dsDNA-norm, niet-specifiek DNA en natriumazide in gebufferde waterige oplossing	2 °C tot 8 °C

VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit, workflowbuisjes en -labels

Tabel 6 Workflowbuisjes en -labels, onderdeelnr. 15071543

Naam artikel op label	Aantal artikelen in kit	Opslag
Label (LBL)–Streepjescode plaat	9	15 °C tot 30 °C
Label (LBL)–Streepjescode plaat met diepe wells	12	15 °C tot 30 °C
Buisje (TB)–Leeg poolingbuisje	5	15 °C tot 30 °C

Niet meegeleverde reagentia

Benodigde, maar niet meegeleverde reagentia

- Sequencingreagentia en verbruiksartikelen voor het next-generation sequencing-systeem (NGS)
- Gecertificeerd DNase/RNase-vrij water voor moleculaire biologie
- Ethanol, 100% (200 proof) voor moleculaire biologie

OPMERKING Ethanol dat niet geschikt is voor moleculaire biologie kan een negatief effect hebben op de prestaties van de assay.

Optionele reagentia, niet meegeleverd

- Dulbecco's fosfaatgebufferde fysiologische zoutoplossing (DPBS) voor amplificatiereagenscontrole (NTC)

Opslag en hantering

1. Kamertemperatuur betekent tussen 15 °C en 30 °C.
2. Alle reagentia zijn uitsluitend bedoeld voor eenmalig gebruik. Nadat reagentia zijn bereid voor gebruik, moeten ze direct worden gebruikt.
3. Als de verpakking of inhoud van de onderdelen van de VeriSeq NIPT Solution is beschadigd of aangetast, moet u contact opnemen met de klantenservice van Illumina.
4. Reagentia zijn stabiel mits opgeslagen als aangegeven en tot de op de kitlabels vermelde uiterste gebruiksdatum. Raadpleeg voor de opslagcondities de kolom Opslag in de tabellen in de paragraaf [Reagentia](#). Gebruik geen reagentia waarvan de uiterste gebruiksdatum is verstreken.
5. Veranderingen in het uiterlijk van de meegeleverde reagentia kunnen duiden op kwaliteitsverslechtering van de materialen. Als er sprake is van uiterlijke veranderingen (zoals duidelijke veranderingen in de kleur van het reagens of troebelheid als gevolg van microbiële verontreiniging), mogen de reagentia niet worden gebruikt.
6. Volg de volgende beste werkwijzen voor het hanteren van zuiveringsparels voor monsters:
 - Vries de parels nooit in.
 - Laat de parels vóór gebruik op kamertemperatuur komen.
 - Vortex de parels direct vóór gebruik tot ze goed gesuspendeerd zijn en de kleur homogeen is.
7. Lysisbuffer, wasbuffer I, wasbuffer II, elutiebuffer en proteïnasebuffer kunnen zichtbare neerslag of kristallen vormen. Vortex krachtig vóór gebruik en controleer de buffer visueel op neerslag.
8. Vries volbloed na afname nooit in.

9. Sequence de bibliotheken zo snel mogelijk na pooling. Gepoolde bibliotheken zijn stabiel gedurende zeven achtereenvolgende dagen opslag bij -25 °C tot -15 °C. Bij opslag van het product gedurende deze tijdsduur onder deze omstandigheden is extra denaturatie niet nodig.

Apparatuur en materialen

Benodigde, maar niet meegeleverde apparatuur en materialen

Benodigde, maar niet meegeleverde apparatuur

Apparatuur	Leverancier
Een next-generation sequencing (NGS)-systeem met de volgende functies: <ul style="list-style-type: none"> • 2 x 36 bp paired-end sequencing • Compatibel met dual-indexadapters in de VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit • Automatische productie van BCL-bestanden • Tweekanaals-chemie • 400 miljoen paired-end-bepalingen per run • Compatibel met VeriSeq NIPT Assay Software v2 of een NextSeq 550Dx Sequencing-systeem. 	Leverancier instrument of Illumina, onderdeelnr. 20005715
Vriezer, -25 °C tot -15 °C	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Microcentrifuge	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Pipethulp	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Koelkast, 2 °C tot 8 °C	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Enkelkanaalspipetten van 20 µl	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Enkelkanaalspipetten van 200 µl	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Enkelkanaalspipetten van 1000 µl	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden

Apparatuur	Leverancier
Vortexer	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Centrifuge en rotoeenheid voor bloedafnamebuisjes	
<p>Gelijkwaardig:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Gekoelde centrifuge met een vermogen van 1600 × g met de mogelijkheid om niet te remmen • Zwaairotor met buckets • Bucketinzetstukken met een minimumdiepte van 76 mm • Inzetstukadapters als ondersteuning van bloedafnamebuisjes van 16 x 100 mm 	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Aanbevolen:	
<ul style="list-style-type: none"> • Allegra-centrifuge X12R-serie, 1600 g • Allegra-centrifuge GH-3.8 rotor met buckets 	Beckman Coulter, artikelnr. 392304 (120 V of 230 V)
<ul style="list-style-type: none"> • Bucketdeksels voor Allegra-centrifuge, set van twee • Adaptereenheid voor Allegra-centrifuge, 16 mm, set van vier 	Beckman Coulter, artikelnr. 369704
	Beckman Coulter, artikelnr. 392805
	Beckman Coulter, artikelnr. 359150
Centrifuge en rotoeenheid voor microplaten	
<p>Gelijkwaardig:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Centrifuge met een vermogen van 5600 × g • Zwaaiplaatrotor met dragers voor platen met 96 wells, minimale diepte 76,5 mm • Multifuge X4 Pro-MD 120V TX-1000BT • Sorvall Legend XTR-centrifuge 	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
	Thermo Fisher Scientific, nr. 75016034 Thermo Fisher Scientific, catalogusnr. 75004521 (120 V) of catalogusnr. 75004520 (230 V)

Apparatuur	Leverancier
<ul style="list-style-type: none"> HIGHPlate 6000-microplaatrotor Rotor hoge plaat 6000 Steunbasis voor microplaten: <ul style="list-style-type: none"> Aanbevolen: <ul style="list-style-type: none"> Steunbasis voor MicroAmp-plaat met 96 wells Drager voor PCR-plaat met 96 wells 	Thermo Fisher Scientific, catalogusnr. 75003606 Thermo Scientific VWR-catalogusnr. 97040-244 Thermo Fisher Scientific, catalogusnr. 4379590 Thermo Fisher Scientific, catalogusnr. AB-0563/1000
Een van de volgende microplaatlezers, of gelijkwaardig, (fluorometer) met SoftMax Pro v6.2.2–7.1.2: <ul style="list-style-type: none"> Gemini XPS SpectraMax M2, M3, M4, en M5. <ul style="list-style-type: none"> Bij de microplaatlezer is een paars inzetstuk vereist voor gebruik in de workflow. 	Molecular Devices, onderdeelnr. XPS Moleculaire hulpmiddelen, onderdeelnr. M2, M3, M4 en M5
SpectraMax High-Speed USB, seriële adapter	Molecular Devices, onderdeelnr. 9000-0938
Thermocycler met de volgende specificaties: <ul style="list-style-type: none"> Verwarmd deksel Temperatuurbereik 4 °C tot 98 °C Temperatuurnauwkeurigheid ±2 °C Minimum stijgings-/dalingssnelheid 2 °C per seconde Compatibel met Twin.tec PCR-plaat met 96 wells, volledig omrand 	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
VeriSeq NIPT Microlab STAR	Hamilton, onderdeelnr. 95475-01 (115 V), onderdeelnr. 95475-02 (230 V) of onderdeelnr. 806288 (voor Hamilton Company Bonaduz)
VeriSeq Onsite Server v2 of een geüpgradede VeriSeq Onsite Server	illumina, onderdeelnr. 20028403 of 20047000 (v2) of 20101927 of nr. 15076164 of nr. 20016240 (geüpgradede)
Bij gebruik van een NextSeq 550Dx-sequencingsysteem: <ul style="list-style-type: none"> NextSeq 550Dx-reagenskit met hoge output v2.5, 75 cycli 	illumina, onderdeelnr. 20028870

Optionele apparatuur, niet meegeleverd

Apparatuur	Leverancier
Pluggo-ontdopsysteem	LGP Consulting, onderdeelnr. 4600 4450

Apparatuur	Leverancier
SpectraMax SpectraTest FL1 fluorescente valideringsplaat	Molecular Devices, onderdeelnr. 0200-5060
Draai-/roltafel voor buisjes, buisjes van 15 ml, 40 tpm, 100–240 V	Thermo Scientific, catalogusnr. 88881001 (VS) of catalogusnr. 88881002 (EU)

Benodigde, maar niet meegeleverde materialen

Verbruiksartikel	Leverancier
Geleidende, niet-steriele filtertips van 1000 µl	Hamilton, onderdeelnr. 235905
Geleidende, niet-steriele filtertips van 300 µl	Hamilton, onderdeelnr. 235903
Geleidende, niet-steriele filtertips van 50 µl	Hamilton, onderdeelnr. 235948
<p>Reservoir met diepe monsterwells met de volgende specificaties:</p> <ul style="list-style-type: none"> • SLAS 1-2004 microplaatformaat met 96 wells met een piramide- of kegelvormige bodem en een minimumcapaciteit van 240 ml. • Polypropyleen met bij voorkeur een lage DNA-binding voor alle oppervlakken die met het monster in contact komen. • De inwendige afmetingen (vloeistofniveau) zijn compatibel met de geautomatiseerde aspiratie- en dispenseerstappen van VeriSeq NIPT Microlab STAR. • De hoogteafmetingen zijn compatibel met de geautomatiseerde bewegingen van VeriSeq NIPT Microlab STAR. 	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p> <p>Compatibele reservoirs:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Corning Axygen, productnr. RES-SW96-HP-SI • Agilent, productnr. 201246-100
<p>Reagensbakje met de volgende specificaties:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Bakje dat stevig in de drager van de VeriSeq NIPT Microlab STAR past, maar daar niet in hoeft worden geforceerd, met taps toelopende bodem en een minimumcapaciteit van 20 ml. • Polypropyleen dat geen RNase/DNase bevat. • De inwendige reservoirafmetingen (vloeistofniveau) genereren vloeistofniveaus met behulp van testreagensvolumes die compatibel zijn met de geautomatiseerde aspiratie- en dispenseerstappen van VeriSeq NIPT Microlab STAR. • De hoogteafmetingen zijn compatibel met de geautomatiseerde bewegingen van VeriSeq NIPT Microlab STAR. 	<p>Compatibele bakjes:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Illumina-reagensbakje, onderdeelnr. 20095418

Verbruiksartikel	Leverancier
<p>Platen met diepe wells met de volgende specificaties:</p> <ul style="list-style-type: none"> • SLAS 1-2004, 3-2004 en 4-2004 microplaatformaat met 96 wells met een piramide- of kegelvormige bodem en een minimale wellcapaciteit van 2 ml. • Transparant polypropyleen met voorkeur voor materiaal met een lage DNA-binding voor alle oppervlakken die met het monster in contact komen. • De afmetingen van de wells genereren een vloeistofniveau dat compatibel is met de geautomatiseerde aspiratie- en dispenseerstappen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. • Plaatrand die plaatsing van plaatstreepjescodes mogelijk maakt waarbij een positie met veilige, vlakke hechting op het oppervlak vereist is. • Torsiebestendig frame dat minimaal 5600 x g kan dragen. • De hoogteafmetingen van de plaat zijn compatibel met de geautomatiseerde bewegingen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. 	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p> <p>Compatibele platen:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Eppendorf, onderdeelnr. 0030505301 • Eppendorf, onderdeelnr. 30502302 • USA Scientific, onderdeelnr. 1896-2000
<p>Plaat met 384 wells met de volgende specificaties:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Microplaat met 384 wells, geoptimaliseerd voor lage volumes, met een minimale wellcapaciteit van 50 µl. • Zwart ondoorzichtig polystyreen met lichtwering en een lage DNA-binding voor alle oppervlakken die met monster in contact komen. • De afmetingen van de wells genereren een vloeistofniveau dat compatibel is met de geautomatiseerde aspiratie- en dispenseerstappen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. • De hoogteafmetingen van de plaat zijn compatibel met de geautomatiseerde bewegingen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. • Plaatrand die plaatsing van plaatstreepjescodes mogelijk maakt waarbij een positie met veilige, vlakke hechting op het oppervlak vereist is. 	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p> <p>Compatibele platen:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Corning, productnr. 3820

Verbruiksartikel	Leverancier
<p>Plaat met 96 wells met de volgende specificaties:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Microplaat met een torsiebestendig frame dat minimaal 5600 × g kan dragen en 96 transparante wells met taps toelopende bodems, verhoogde randen en een minimale wellcapaciteit van 150 µl. • Polypropyleen dat geen RNase/DNase bevat met een lage DNA-binding voor alle oppervlakken die met monster in contact komen. • De afmetingen van de wells genereren een vloeistofniveau dat compatibel is met de geautomatiseerde aspiratie- en dispenseerstappen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. • De hoogteafmetingen van de plaat zijn compatibel met de geautomatiseerde bewegingen van de VeriSeq NIPT Microlab STAR. <p>OPMERKING: Compatibel plastic materiaal met verschillende onderdeelnummers, bijvoorbeeld compatibele platen met 96 wells van verschillende fabrikanten, is mogelijk niet direct uitwisselbaar zonder onderdeel specifieke kalibratie van het VeriSeq NIPT Microlab STAR-systeem door de service- en ondersteuningsmedewerkers van Illumina. Raadpleeg uw Illumina-ondersteuningsteam om tussen plastic materiaal te wisselen.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Plaatrand die plaatsing van plaatstreepjescodes mogelijk maakt waarbij een positie met veilige, vlakke hechting op het oppervlak vereist is. • Compatibel met thermocyclers voor denatureren. 	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p> <p>Compatibele platen:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Eppendorf, onderdeelnr. 0030129512 • Eppendorf, onderdeelnr. 30129580 • Eppendorf, onderdeelnr. 30129598 • Eppendorf, onderdeelnr. 30129660 • Eppendorf, onderdeelnr. 30129679 • BioRad, onderdeelnr. HSP9601
<p>Een van de volgende afsluitmaterialen:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Microseal 'F' Foil • Folieafsluitingen 	<p>Bio-Rad, catalogusnr. MSF1001 Beckman Coulter, itemnr. 538619</p>
<p>Celvrij DNA BCT CE</p>	<p>Streck, catalogusnr. 218997</p>
<p>Duwdoppen</p>	<p>Sarstedt, bestelnr. 65.802</p>
<p>2 ml-buisjes met schroefdop</p>	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p>
<p>Filtertips van 20 µl voor pipet van 20 µl</p>	<p>Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden</p>

Verbruiksartikel	Leverancier
Filtertips van 200 µl voor pipet van 200 µl	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Filtertips van 1000 µl voor pipet van 1000 µl	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Gelijkwaardig: <ul style="list-style-type: none"> Een snelle desinfectiespray op alcoholbasis Een oplossing met desinfectiemiddel Aanbevolen: <ul style="list-style-type: none"> Gedestilleerd water en 70% ethanol 	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden

Optionele materialen, niet meegeleverd

Verbruiksartikel	Leverancier
Dulbecco's fosfaatgebufferde fysiologische zoutoplossing (DPBS) voor amplificatiereagenscontrole (NTC)	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Buisje, schroefdop, 10 ml (alleen voor controlemonsters)	Sarstedt, bestelnr. 60.551
Buisje, schroefdop, 50 ml	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Serologische pipetten van 25 ml	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden
Serologische pipetten van 10 ml	Algemene leverancier van laboratoriumbenodigdheden

Afname, transport en opslag van monsters



LET OP

Hanteer alle monsters alsof het potentieel infectieuze stoffen zijn.

- Volbloedmonsters van 7-10 ml moeten worden afgenomen in een Streck celvrij DNA-bloedafnamebuisje. Niet invriezen.
- Het transport van volbloed moet voldoen aan alle toepasselijke heersende regelgeving inzake het transport van etiologische stoffen. Er wordt aanbevolen gebruik te maken van snelverzending/-transport.
- Tijdens het transport gekoeld bewaren tussen 4 °C en 30 °C. De monsters na ontvangst bewaren bij 2 °C tot 8 °C tot verdere verwerking. Er mogen niet meer dan 5 dagen verstrijken tussen de bloedafname en de eerste plasma-isolatie.

- Als opnieuw testen nodig is, kunnen monsters na verwerking opnieuw van een dop worden voorzien en nog eens vijf dagen (tot in totaal tien dagen na de bloedafname) bij 4 °C worden bewaard.



LET OP

Blootstelling aan hogere temperaturen dan hierboven wordt genoemd, kan ertoe leiden dat de analyse van individuele monsters vaker mislukt en/of een negatief effect hebben op de prestatie-eisen.

Waarschuwingen en voorzorgsmaatregelen

- Deze assay bevat proteïnase K. Inademen, inslikken, contact met de huid en met de ogen kunnen resulteren in persoonlijk letsel. Gebruik de assay in een goed geventileerde ruimte, draag beschermende kleding, adem geen stof in en voer containers en ongebruikte inhoud af overeenkomstig de toepasselijke overheidsregels met betrekking tot veiligheid.
- Deze assay bevat guanidiniumchloride. Inademen, inslikken en contact met de huid en met de ogen kunnen resulteren in persoonlijk letsel. Gebruik de assay in een goed geventileerde ruimte, draag beschermende kleding en voer containers en ongebruikte inhoud af overeenkomstig de toepasselijke lokale overheidsregels met betrekking tot veiligheid.
- Deze assay bevat 2-propanol, een brandbare chemische stof. Buiten bereik van hitte en open vuur houden. Inademen, inslikken en contact met de huid en met de ogen kunnen resulteren in persoonlijk letsel. Gebruik de assay in een goed geventileerde ruimte, draag beschermende kleding en voer containers en ongebruikte inhoud af overeenkomstig de toepasselijke lokale overheidsregels met betrekking tot veiligheid.
- Deze assay bevat dimethylsulfoxide, een bijtende en brandbare vloeistof. Inademen, inslikken en contact met de huid en met de ogen kunnen resulteren in persoonlijk letsel. Gebruik de assay in een goed geventileerde ruimte, draag beschermende kleding en voer containers en ongebruikte inhoud af overeenkomstig de toepasselijke lokale overheidsregels met betrekking tot veiligheid.
- Om de vorming van schadelijke gassen te voorkomen, mag cfDNA-extractieafval (dat guanidinehydrochloride bevat) niet worden afgevoerd in combinatie met afval dat bleekmiddel (natriumhypochloriet) bevat.
- Hanteer alle monsters alsof het potentieel infectieuze stoffen zijn.
- Volg de standaard voorzorgsmaatregelen die in het laboratorium gelden. Pipetteer niet met de mond. Niet eten, drinken of roken in de aangegeven werkgebieden. Draag wegwerphandschoenen en een laboratoriumjas bij het hanteren van monsters en assayreagentia. Was de handen grondig na het hanteren van monsters en assayreagentia.
- Gebruik geen assay-onderdelen waarvan de uiterste gebruiksdatum die op het label op de assaydoos staat vermeld, is verstreken. Wissel de assay-onderdelen van verschillende assaypartijen niet onderling uit. Assaypartijen staan vermeld op het label op de assaydoos. Bewaar de assay-onderdelen bij de aangegeven temperatuur.

- Om kwaliteitsverslechtering van het monster of het reagens te voorkomen, moeten alle natriumhypochlorietdampen van het reinigen volledig zijn verdwenen alvorens met het protocol te beginnen.
- Wanneer de omschreven procedures niet worden gevolgd, kunnen de resultaten onjuist zijn of kan de monsterkwaliteit significant slechter zijn.
- Meld ernstige incidenten in verband met dit product onmiddellijk aan Illumina en de bevoegde autoriteiten van de lidstaten waar de gebruiker en de patiënt gevestigd zijn.
- Raadpleeg voor informatie met betrekking tot milieu, gezondheid en veiligheid de veiligheidsinformatiebladen (SDS) op support.illumina.com/sds.html.

Procedurele opmerkingen

Voorkomen van contaminatie

- Gebruik nieuwe tips en nieuwe laboratoriumbenodigdheden.
- Gebruik aerosolbestendige tips om het risico op overdracht en kruisverontreiniging tussen monsters onderling te verkleinen.
- Vanwege het risico op verontreiniging moet u uiterste zorg betrachten om de inhoud van monsterputjes volledig in de putjes te houden. De inhoud mag niet spetteren. Centrifugeer na elke vortexstap.
- Volg de toepasselijke voorschriften inzake een goede laboratoriumwerkwijze en hygiëne bij het hanteren van bloed en bloedderivaten.
- Gebruik geen spuitbus met bleekmiddel bij het voorbereiden van de bibliotheek. Zelfs kleine hoeveelheden bleekwater kunnen de assay laten mislukken.
- Let er bij het verwijderen van afdekfolie van platen op dat u de plaat op een stevige, vlakke ondergrond plaatst en dat u de plaat stevig vastpakt. Verwijder de afdekfolie langzaam en zorg ervoor dat de afdekfolie niet in contact komt met de blootgestelde wells. Raak geen blootgestelde wells aan en verstoor de inhoud niet. Kruisverontreiniging tussen wells kan onjuiste resultaten opleveren.

Reiniging dek VeriSeq NIPT Microlab STAR

- Controleer vóór gebruik of het dek schoon is. Voer minstens één keer per week het wekelijkse onderhoud uit en volg daarbij deze reinigingsinstructies op.
- Verwijder alle uitlaadbare dragers, reinig ze met een snelle desinfectiespray op alcoholbasis (gedestilleerd water en 70% ethanol) en laat ze aan de lucht drogen. Als de dragers erg vuil zijn, kunt u ze vervolgens in een oplossing met desinfectiemiddel laten weken, spoelen met het desinfectiemiddel op alcoholbasis en aan de lucht laten drogen.

- Open de behuizing aan de voorzijde en neem het dek af met een doek die doordrenkt is met gedestilleerd water en 70% ethanol. Met name de schuifblokken moeten schoon zijn.
- Verwijder het spuitstuk van het basisvacuümsysteem (BVS) en reinig het spuitstuk, de pakking en de inwendige compartimenten van het BVS met een doek. Reinig de pakking niet met ethanol, want deze kan hierdoor broos worden.
- Maak het afvalbakje voor de tips van de CORE 96-kop en het onafhankelijke kanaal leeg.
- Verwijder de tip-ejectieplaat van het onafhankelijke kanaal van het tipafvalstation en reinig dit: spray gedestilleerd water en 70% ethanol direct op het oppervlak en neem dit af. Trek een nieuwe plastic zak over het frame en maak het opnieuw vast. Plaats de schone tip-ejectieplaat terug.
- Spray gedestilleerd water en 70% ethanol direct op het oppervlak van het afvalbakje en de sleuf van de CORE 96-kop en veeg schoon.
 - Als de aanslag op tipafvalbakjes moeilijk te verwijderen is, veeg dan met een doek die bevochtigd is met DNase/RNase-vrij water totdat de aanslag weg is. Gooi de doek volgens de voorschriften weg. Steriliseer vervolgens met het desinfectiemiddel op alcoholbasis.
- Bevochtig een pluisvrije doek of wattenstaafje met 70% ethanol. Veeg hiermee over het laserscannervenster van de streepjescodelezer. Reinig met dezelfde doek of met een wattenstaafje elke well van de CPAC-plaatadapter. Als er een doek wordt gebruikt, moet de doek met de achterkant van een pen in elke well van de adapter worden geduwd om er zeker van te zijn dat de binnenzijde van de monsterwell goed schoon is.
- Reinig de onafhankelijke kanalen:
 - Reinig op de onafhankelijke kanalen de tip-ejectiehuls (buitenste deel van de pipetteerkanalen) met een pluisvrije doek doordrenkt in gedestilleerd water en 70% ethanol. (Raadpleeg de *Hamilton Microlab STAR-handleiding nr. 15070074*.)
 - Reinig de stopschijf en de O-ringen van de pipetteerkop (buitenste deel van de pipetteerkanalen) met een pluisvrije doek met gedestilleerd water en 70% ethanol.
- Reinig de CORE 96-kop:
 - Gebruik dezelfde pluisvrije doek met gedestilleerd water en 70% ethanol om de behuizing van de 96-kop en de onderzijde van de stopschijf te reinigen.
 - Gebruik dezelfde doek of een in repen gescheurde doek doordrenkt in gedestilleerd water en 70% ethanol om daarmee rondom de zijkanten van de pipetteerkanalen van de 96-kop te 'flossen' zodat de O-ringen worden gereinigd. Herhaal deze procedure voor elk pipetteerkanaal op de 96-kop.
- Spray de voor- en zijkant met gedestilleerd water en 70% ethanol en veeg droog.
- Reinig het Autoload-beschermlint met een doek doordrenkt in gedestilleerd water en 70% ethanol en neem af zonder druk uit te oefenen.
- Wanneer het dek en de onderdelen helemaal droog zijn, zet dan de dragers terug.

OPMERKING Onjuiste reiniging en onderhoud van de ML STAR kunnen resulteren in kruisbesmetting en slechte assayprestaties.

Kwaliteitscontrole

Er kan een beoordeling worden uitgevoerd van controle materiaal met bekende prestatie-eigenschappen om verschillen in verwerking en technische procedures in het laboratorium te detecteren.

Het verwerken van een controlemonster of een amplificatiereagenscontrole reduceert het totaal aantal onbekende maternale monsters dat met elke monstervoorbereiding kan worden verwerkt.

Gebruik niet meer dan twee NTC-monsters per batch van 24 of 48 monsters of vier NTC-monsters per batch van 96 monsters.

Gebruiksaanwijzing

Tips en technieken

Tenzij er in het protocol een veilig stoppunt is aangegeven, moet u onmiddellijk doorgaan naar de volgende stap.

Aanbrengen van streepjescodes op de platen

- Streepjescodes voor volledig omrande platen beginnen met PL.
- Streepjescodes voor platen met diepe wells beginnen met DW.
- Breng de streepjescodes voor de volledig omrande platen en de platen met diepe wells aan op de zijde naast kolom 12.
- Laad de platen met de streepjescode naar rechts voor automatisch scannen.

Afdekfolie aanbrengen over en verwijderen van de plaat

- Wees uiterst voorzichtig om kruisbesmetting te voorkomen. Er mag geen zichtbare vloeistof aan de onderkant van de afdekfolie zitten.
 - Zorg ervoor dat de blootliggende onderkant van de afdekfolie niet in contact komt met blootliggende wells.
 - Zorg ervoor dat u de blootgestelde wells niet aanraakt.
- Dek de plaat met 96 wells altijd af met afdekfolie alvorens verder te gaan met de volgende stappen in het protocol:
 - Stappen voor centrifugeren
 - Stappen voor thermocycling

- Om de plaat af te dekken, moet de folie op de plaat worden aangebracht en worden afgesloten. Zorg ervoor dat er druk op de hele plaat wordt uitgeoefend en dat de afdekfolie elke well goed afsluit.
- Voer het volgende uit voordat u de afdekfolie verwijdert van de plaat:
 - Centrifugeer de plaat met 96 wells bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
 - Plaats de plaat op een vlakke ondergrond alvorens de afdekfolie voorzichtig te verwijderen.

VeriSeq NIPT Microlab STAR

- Voer vóór gebruik het vereiste onderhoud uit volgens de instructies van de fabrikant en documenteer dit.
- Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen. Controleer de software-interface van de VeriSeq NIPT Workflow Manager v2 op prompts en instructies voor de operator.
- Laat de voorste afdekking tijdens gebruik in positie.
- Houd het dek tijdens gebruik volledig vrij.
- Als u tijdens een foutafhandeling de keuzeknop **Exclude** (Uitsluiten) te zien krijgt, kies deze optie dan in geen geval. Als de methode niet verder kan dan de foutafhandeling of beperkte opties voor foutafhandeling heeft, breekt u de run af.
- Tijdens de plaatvacuümstappen moet u, wanneer de VeriSeq NIPT Workflow Manager v2 dit vraagt, handmatig helpen om de afsluiting tussen de plaat en het vacuümspruitstuk tot stand te brengen.
- Laat het systeem de tips automatisch van de adapter afvoeren. Verwijder tips niet handmatig, tenzij u een softwaremelding krijgt met de vraag om dit te doen.
- Verwijder gebruikte reagentia en gebruikte verbruiksartikelen zodra de Workflow Manager dit vraagt.
- Maak de mandflessen voor vacuümafval dagelijks leeg. De eerste mandfles mag nooit voor meer dan de helft gevuld zijn. Als het vacuümafvalbakje overloopt, kan dit de vacuümpomp beschadigen en het toegepaste vacuüm van het systeem doen verminderen.
- Voor batches van 24, 48 en 96 monsters laadt u een volledig rek met individueel getelde 8-kanaalstips voordat u de methode start.

Verwerking van monsters

Procedure

1. Voer voor elk aliquot de volgende stappen uit:
 - a. Centrifugeer bloedmonsters met streepjescodes bij 1600 × g gedurende 10 minuten bij 4 °C met de rem uitgeschakeld.
 - b. Als de centrifuge volledig tot stilstand is gekomen, verwijder dan de monsterbuisjes. Start na het centrifugeren binnen 15 minuten met plasma-isolatie. Centrifugeer opnieuw als er meer dan 15 minuten zijn verstreken.
2. Inspecteer elk buisje op geschiktheid van het monster door verificatie van het volgende:
 - Het monstervolume voldoet aan verwachting.

- Na het centrifugeren is een duidelijke scheiding tussen de rode bloedcel- en plasmalagen van de monsters zichtbaar.
- Het plasmaniveau is minimaal 1,5 ml boven de buffy coat.
- Het monster is niet sterk gehemolyseerd (d.w.z. het plasma heeft geen dieprode kleur).
- Het monster is niet lipemisch (plasma ziet er bijvoorbeeld niet troebel wit of melkachtig en ondoorzichtig uit).
- Het monster bevat geen stolsels.

**LET OP**

Monsters die onjuist zijn opgeslagen of gehanteerd, kunnen daardoor ongeschikt zijn. Als ongeschikte monsters in de workflow worden verwerkt, kunnen ze de bindingsplaat tijdens extracties verstopen en leiden tot het overlopen van monsters naar aangrenzende wells.

3. Haal de doppen van de buisjes en plaats ze in de buisdragers. Laad alle monsters en eventuele plasmacontroles voor de batch.

**LET OP**

Als u in geval van een foutafhandeling de optie Exclude (Uitsluiten) te zien krijgt, selecteer deze dan niet. Als de methode niet verder kan dan de foutafhandeling en u hebt beperkte opties voor foutafhandeling, breekt u de run af.

Plasma isoleren

Vorbereiden

1. Label 1 plaat met diepe wells 'Plasma tussenstap' en breng een streepjescode aan.
2. Label 1 plaat met diepe wells 'Definitief plasma' en breng een streepjescode aan.
3. Voor batches met 24, 48 en 96 monsters laadt u een volledig rek met individueel getelde achtkanaalstips voordat u de methode start.

**LET OP**

Zorg ervoor dat u het juiste plaattype gebruikt voor de platen Tussenstap plasma en Definitief plasma. Het gebruik van een reservoir met diepe wells in plaats van een plaat met diepe wells leidt tot vermenging van monsters en kan tot onjuiste resultaten leiden.

Procedure

1. Open de AppLauncher en selecteer vervolgens **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode).
2. Voer een unieke batch-ID en gebruikersnaam in en selecteer vervolgens **OK**.
Batch-ID mag ≤ 26 tekens bevatten. U mag alleen cijfers, letters, onderstrepingstekens (_) of verbindingstreepjes (-) gebruiken. Een voorbeeld: 2025-10-16_Batch3.

De batch-ID is niet hoofdlettergevoelig. Batch-ID's die alleen verschillen door het gebruik van hoofd- en kleine letters, worden niet beschouwd als uniek.

De batchnaam moet uniek zijn en mag niet alleen verschillen qua gebruik van hoofd- en kleine letters. De batchnamen Batch01 en batch01 zijn bijvoorbeeld niet uniek. Deze regel geldt ook voor de naamgeving van monster-ID.

3. Selecteer **New Batch** (Nieuwe batch).
4. Selecteer na de inwerkingstelling **OK** om de plasma-isolatie te starten.
5. Selecteer de batchgrootte en selecteer vervolgens **OK**.
6. Selecteer het aantal amplificatiereagenscontroles (NTC's, no template controls) en selecteer vervolgens **OK**.
NTC-posities zijn altijd de laatste posities die worden geselecteerd. Als bijvoorbeeld een run van 24 monsters twee NTC's bevat, zijn posities 23 en 24 NTC's.
7. Voer een van de volgende stappen uit:
 - Om een bestaand monsterformulier te selecteren, selecteert u het monsterformulier dat aan de batch is gekoppeld en selecteert u vervolgens **OK**.
 - Om verder te gaan zonder een monsterformulier te selecteren, selecteert u **No Sample Sheet** (Geen monsterformulier).

Voor informatie over het aanmaken van een monsterformulier, raadpleegt u de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding* (documentnr. 1000000067940).

OPMERKING Monstertype, enkelvoudig of tweeling, moet voor ieder monster correct worden aangegeven voor een juiste gegevensanalyse. Als u **No Sample Sheet** (Geen monsterformulier) kiest, moet u ervoor zorgen dat u standaardmonsterwaarden hebt ingesteld in de servicetools van de Workflow Manager. Raadpleeg *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding* (documentnr. 1000000067940) voor meer informatie.

8. Controleer of alle streepjescodes zijn aangebracht en laad dan de monsters, tips en platen (met de streepjescode naar rechts) op de drager.
9. Selecteer **OK** na elke ladingsprompt.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	7–12	Tips van 1000 µl	5
			Tips van 1000 µl (alleen voor batchgrootte 96)	4, 5
	Buisje	15	Vorbereide bloedmonsterbuisjes 1–24 (voor alle batchgrootten)	1–24
	Buisje	16	Vorbereide bloedmonsterbuisjes 25–48 (alleen voor batchgrootten 48 en 96)	25–48
	Buisje	17	Vorbereide bloedmonsterbuisjes 49–72 (alleen voor batchgrootte 96)	49–72
	Buisje	18	Vorbereide bloedmonsterbuisjes 73–96 (alleen voor batchgrootte 96)	73–96
	Multiflex	19–24	Lege plaat met diepe wells, Definitief plasma – met streepjescode	4
	Multiflex	19–24	Lege plaat met diepe wells, Tussenstap plasma – met streepjescode	5
	Reagens	47	[Optioneel] Dulbecco's fosfaatgebufferde fysiologische zoutoplossing (DPBS) gebruikt voor amplificatiereagenscontrole	5

10. Controleer of de dragers, laboratoriumbenodigdheden en reagentia correct zijn geladen.
11. Selecteer **OK** in het scherm Pre-Spin Deck Verification (Verificatie dek vóór centrifugeren).
12. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
13. Wanneer de Workflow Manager dit aangeeft, controleer dan of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
14. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
15. Verwijder de plaat met diepe wells voor tussenstap plasma als volgt.
 - a. Controleer of er in elke well van de plaat een even groot volume zit (geen pipetteerfouten). Het verwachte volume is 1000 µl.
 - b. Registreer eventuele inconsistenties na afloop van de plasma-isolatieprocedure.
 - c. Dek de plaat af, laad deze met balans en centrifugeer bij 5600 × g gedurende 10 minuten met de rem uitgeschakeld of in de laagste stand.

16. Selecteer **Yes** (Ja) om verder te gaan naar het voorbereiden van definitief plasma.
 17. Verwijder de afdekfolie van de plaat en laad de plaat opnieuw op de drager.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Multiflex	19–24	Plaat met diepe wells voor tussenstap plasma	5

18. Selecteer het selectievakje **Intermediate Plasma plate has been spun** (Plaat tussenstap plasma is gecentrifugeerd) en selecteer vervolgens **OK**.
 19. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
 20. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, controleert u of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
 21. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
 22. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, moeten de dragers en het dek worden geleegd.
 23. Verwijder de plaat met diepe wells voor definitief plasma.
 24. Controleer de plaat op de volgende fouten:

- Ongelijke volumes in alle wells. Het verwachte volume is 900 µl.
- Zichtbare celklompjes.
- Overmatige hemolyse.

Als u abnormale zichtbare celklompjes of overmatige hemolyse waarneemt, moet het aangetaste monster na afloop van de plasma-isolatiemethode ongeldig worden verklaard, of moet Batch Manager worden gebruikt. Raadpleeg voor meer informatie over Batch Manager de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding (documentnr. 1000000067940)*.

25. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, selecteert u **OK**.
 26. Voer opmerkingen in over aangetaste wells en selecteer vervolgens **OK**.
 27. Voer een van de volgende stappen uit.
- Om door te gaan met cfDNA-extractie, selecteert u **Yes** (Ja).
 - Selecteer **Exit** (Afsluiten) om te stoppen.

VEILIG STOPPUNT

Als u stopt, moet de plaat voor definitief plasma met afdekfolie worden afgesloten en maximaal 7 dagen worden opgeslagen bij 2 °C tot 8 °C.

Extraheren cfDNA

Vorbereiden

1. Controleer de extractie- en accessoiredozen visueel om te bevestigen dat de uiterste gebruiksdatum van de kit niet is verstreken.
2. Bereid de volgende reagentia. Label de reservoirbakjes en de diepe wellreservoirs met de naam van de reagentia.

Reagens	Opslag	Instructies
Plaat met diepe wells voor definitief plasma	2 °C tot 8 °C	Wanneer de plaat eerder was opgeslagen, moet deze 30 minuten blijven staan om op kamertemperatuur te komen. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden. Verwijder vóór gebruik de afdekkfolie van de plaat met diepe wells voor definitief plasma.

3. Voeg langzaam 3,75 ml proteïnasebuffer toe aan elke reagensflacon met proteïnase K.
 - Bereid 3 flacons voor 24 en 48 monsters.
 - Bereid 4 flacons voor 96 monsters.
4. Plaats een dop op de flacons met proteïnase K en vortex tot de inhoud opnieuw is gesuspenderd.



LET OP

Verontreinig de rubber stop niet. Als er andere stoffen op de rubber stop komen, kunnen latere monsters verontreinigd raken.

5. Doe de bereide proteïnase K uit alle flacons in een reagensbakje en label het als proteïnase K.
6. Voeg 100 ml 100% EtOH toe aan elke reagensfles met wasbuffer II.
 - Bereid 1 fles voor 24 en 48 monsters.
 - Bereid 2 flessen voor 96 monsters.
7. Meng de inhoud door de flessen met wasbuffer II om te keren.
8. Plaats vinkjes in de selectievakjes op de flessen met wasbuffer II.
9. Label 1 nieuwe, volledig omrande plaat 'Tussenstap' en breng een plaatstreepjescode aan.
10. Label 1 nieuwe, volledig omrande plaat 'cdDNA-elutie' en breng een plaatstreepjescode aan.
11. Label 1 nieuwe plaat met diepe wells 'Extractie tussenstap' en breng een streepjescode voor een plaat met diepe wells aan.
12. Breng een plaatstreepjescode op de DNA-bindingsplaat aan.
13. Breng een folie aan op ongebruikte wells voor 24 en 48 monsterbatches.
14. Bereid een 70% EtOH-reinigingsoplossing (70% EtOH, 30% DNase/RNase-vrij water) voor het reinigen van het vacuümsysteem.

15. Bereid het vacuümsysteem als volgt voor.
 - a. Verwijder het vacuümspruitstuk en reinig dit met 70% EtOH.
Reinig de pakking niet met EtOH, want deze kan hierdoor broos worden.
 - b. Maak het vacuümafvalbakje leeg.
 - c. Controleer of het ML STAR-vacuümsysteem is ingeschakeld.

Procedure

1. Selecteer **OK** om te beginnen met cfDNA-extractie.
2. Als **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode) nog niet is geopend:
 - a. Open de AppLauncher en selecteer vervolgens **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode).
 - b. Voer de batch-ID en de gebruikersnaam in en selecteer vervolgens **OK**.
3. Laad de tips als volgt op de tipdragers en selecteer vervolgens **OK**.



LET OP

Voeg een volledig rek met acht-kanaaltips toe voordat u de methode voor batches van 24, 48 en 96 monsters start.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24	Tip	1–6	Tips van 1000 µl	1
		7–12	Tips van 300 µl	1
48	Tip	1–6	Tips van 1000 µl	1, 2
		7–12	Tips van 300 µl	1
96	Tip	1–6	Tips van 1000 µl	1, 2, 3, 4
		7–12	Tips van 300 µl	1

4. Laad de getelde tips als volgt op de tipdragers.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	49–54	Tips van 1000 µl	1
			Tips van 300 µl	2
			Tips van 50 µl	3

5. Voer de locatie van de eerste en laatste tip voor elk tiprek in en selecteer vervolgens **OK**.

6. Scan de streepjescodes op de extractiedoos.
7. Voer de gebruikersnaam in, of de initialen van degene die het reagens heeft voorbereid, en selecteer vervolgens **OK**.
8. Scan de streepjescodes op de accessoiredoos.
9. Voer de gebruikersnaam in, of de initialen van degene die het reagens heeft voorbereid, en selecteer vervolgens **OK**.
10. Controleer of de streepjescodes zijn aangebracht.
11. Verwijder indien nodig de afdekfolie van de plaat met diepe wells voor definitief plasma.
12. Laad de platen (streepjescode naar rechts gericht) als volgt op de plaatdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Multiflex	19–24	Nieuwe, volledig omrande plaat, Tussenstap – met streepjescode	1
			Nieuwe, volledig omrande plaat, cfDNA-elutie – met streepjescode	2
			Nieuwe plaat met diepe wells, Extractie tussenstap – met streepjescode	4
			Plaat met diepe wells voor definitief plasma – met streepjescode	5

13. Controleer of de DNA-bindingsplaat een streepjescode heeft en selecteer vervolgens **OK**.
14. Voor batches waarbij de plaat gedeeltelijk wordt gebruikt, moeten de ongebruikte wells worden afgesloten met bijgesneden plaatafdekfolie (kolommen 4-12 voor 24 monsterbatches en kolommen 7-12 voor 48 monsterbatches).
15. Laad de DNA-bindingsplaat op het vacuümspruitstuk met de streepjescode naar rechts gericht.
16. Voordat u de bindingsplaat op het BVS-spruitstuk plaatst, inspecteert u de wells visueel op mogelijke obstructies.
Dit kan de stroom van reagentia onder vacuüm belemmeren.
17. Als u batches van 24 of 48 monsters gebruikt, bedek dan ongebruikte wells en dicht deze af met folie. Selecteer het selectievakje **Are DNA Binding Plate Columns Sealed?** (Zijn de DNA-bindingsplaatkolommen afgedicht?) en selecteer vervolgens **OK**.

18. Laad de reagensbakjes als volgt op de reagensdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48	Reagens	47	16 ml elutiebuffer	1
			11 ml proteïnase K	2
96	Reagens	47	16 ml elutiebuffer	1
			15 ml proteïnase K	2

19. Breng de gespecificeerde reagentia over naar de diepe wellreservoirs en laad vervolgens de reservoirs als volgt op de diepe welldragers.

20. Selecteer **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48	Diepe wells	39–44	125 ml wasbuffer II	1
			125 ml wasbuffer I	2
			60 ml 100% EtOH	3
			100 ml lysisbuffer	4
			60 ml DNase/RNase-vrij water	5
96	Diepe wells	39–44	200 ml wasbuffer II	1
			125 ml wasbuffer I	2
			100 ml 100% EtOH	3
			100 ml lysisbuffer	4
			100 ml DNase/RNase-vrij water	5

21. Wacht tot de automatische reagensvolumecontrole is uitgevoerd.

22. Controleer of het vacuümafvalbakje leeg is (halfvol wordt aanbevolen) en selecteer vervolgens **OK**.

23. Controleer de plaatsing van alle dragers, laboratoriumbenodigdheden en reagentia en selecteer vervolgens **OK** in het scherm Extraction Deck Verification (Verificatie extractiedek).

24. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.



LET OP

U moet overgelopen monsters handmatig ongeldig verklaren als ze niet door het systeem zijn gedetecteerd voordat ze nabije wells kunnen verontreinigen.

25. Verwijder na de laatste vacuümstap de DNA-bindingsplaat en reinig de onderzijde met 70% EtOH.

26. Bedek alle vrije wells op de DNA-bindingsplaat met afdekfolie en plaats de DNA-bindingsplaat vervolgens op de lege plaat met diepe wells voor definitief plasma.

27. Centrifugeer de DNA-bindingsplaat/Definitief plasma-plaateenheid bij 5600 × g gedurende 10 minuten met de rem ingeschakeld.
28. Selecteer **OK**.
29. Voer tijdens het centrifugeren van de DNA-bindingsplaat de vacuümreiniging uit:
 - a. Verwijder het vacuümspruitstuk en selecteer vervolgens **OK**.
 - b. Wacht tot de automatische afvalafvoer is voltooid.
 - c. Reinig het vacuümspruitstuk en de binnenzijde van het vacuümsysteem met 70% EtOH, plaats dan het vacuümspruitstuk terug.
 - d. Selecteer het selectievakje **Manifold is on Vacuum** (Spruitstuk is vacuüm) om de verplaatsing van de elutieplaat op het vacuümspruitstuk te starten en selecteer vervolgens **OK**.
30. Verwijder na het centrifugeren de afdekfolie van de wells met monster op de DNA-bindingsplaat.
31. Plaats de DNA-bindingsplaat op de cfDNA-elutieplaat die zich op het vacuümspruitstuk bevindt.
32. Laad de DNA-bindingsplaat met de streepjescode naar rechts gericht en selecteer vervolgens **OK**.
33. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
34. Selecteer na de incubatiestap het selectievakje **Plates are assembled as indicated** (Platen zijn geplaatst als aangegeven). Bevestig dat de DNA-bindingsplaat/cfDNA-elutieplaat-eenheid op een steunbasis zit (indien vereist door een centrifuge).
35. Dek de vrije wells op de DNA-bindingsplaat af met afdekfolie.
36. Centrifugeer 2 minuten bij 5600 × g met de rem ingeschakeld en selecteer vervolgens **OK**.
37. Controleer visueel of er in elke well van de cfDNA-elutieplaat een even groot volume zit.
Het verwachte volume is ongeveer 55 µl.
38. Dek de cfDNA-elutieplaat af en bewaar deze voor de bibliotheekvoorbereiding.
39. Wanneer de Workflow Manager dit aangeeft, controleert u of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
40. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
41. Laad alle dragers uit en reinig het ML STAR-dek en selecteer vervolgens **OK**.
42. Voer opmerkingen in over aangetaste wells en selecteer vervolgens **OK**.
43. Voer een van de volgende stappen uit:
 - Selecteer **Yes** (Ja) om verder te gaan met het voorbereiden van bibliotheken.
 - Selecteer **Exit** (Afsluiten) om te stoppen.

VEILIG STOPPUNT

Als u stopt, moet de cfDNA-elutieplaat met afdekfolie worden afgedekt en maximaal 7 dagen worden opgeslagen bij -25 °C tot -15 °C.

Bibliotheken voorbereiden

Voorbereiden

- Controleer de bibliotheekvoorbereidings- en de accessoiredozen visueel om te bevestigen dat de uiterste gebruiksdatum van de kits niet is verstreken.
- Bereid de volgende reagentia. Label de reservoirbakjes en de diepe wellreservoirs met de reagensnamen.

Reagens	Opslag	Instructies
A-Tailing-mengsel	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen en daarna kort centrifugeren.
cfDNA-elutieplaat	-25 °C tot -15 °C	Wanneer de plaat opgeslagen is geweest, moet u zeker weten dat dit niet langer was dan 7 dagen en dat de plaat bij kamertemperatuur is ontdooid. Vortex bij 1500 tpm gedurende 1 minuut. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
Uiteindereparatiemengsel	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen.
Hybridisatiebuffer	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen. Na gebruik weer opslaan.
Ligatiemengsel	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen en daarna kort centrifugeren.
NIPT DNA-adapterplaat	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
Resuspensiebuffer	2 °C tot 8 °C	Vortex om te mengen. Na gebruik weer opslaan.
Zuiveringsparels monster	2 °C tot 8 °C	Laat 30 minuten staan om op kamertemperatuur te komen. Vortex krachtig vóór elk gebruik. Meng door vortexen of omkeren tot alle parels gesuspendeerd zijn en het mengsel homogeen is.



LET OP

Wanneer u de folie verwijdert van de NIPT DNA-adapterplaat, moet u uiterst voorzichtig zijn om kruisverontreiniging van well tot well te voorkomen, wat onjuiste resultaten kan opleveren.

- Als de cfDNA-elutieplaat in bevroren toestand was opgeslagen, bereidt u deze als volgt.
 - Ontdooien op kamertemperatuur.
 - Vortex bij 1500 tpm gedurende 1 minuut.

- c. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
4. Label één nieuwe, volledig omrande plaat 'Bibliotheken' en breng een plaatstreepjescode aan.
5. Bereid 80% EtOH van absolute EtOH. Combineer 40 ml 100% EtOH en 10 ml DNase/RNase-vrij water. Omkeren om te mengen.
6. Controleer of de ML STAR-thermocontrole is ingeschakeld.

Enzymen verdunnen

1. Doe A-Tailing-mengsel en resuspensiebuffer samen in een buisje met schroefdop. Vortex om te mengen en centrifugeer vervolgens kort.

Monsterbatchgrootte	A-Tailing-mengsel (µl)	Resuspensiebuffer (µl)
24, 48	900	1200
96	1800	2400

2. Doe ligatiemengsel en resuspensiebuffer in een buisje met schroefdop. Vortex om te mengen en centrifugeer vervolgens kort.

Monsterbatchgrootte	Ligatiemengsel (µl)	Resuspensiebuffer (µl)
24, 48	230	1713
96	440	3278

Procedure

1. Selecteer **OK** om te beginnen met de bibliotheekvoorbereiding. Als de **VeriSeq NIPT-methode** nog niet is geopend:
 - a. Open de AppLauncher en selecteer **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode).
 - b. Voer de batch-ID en de gebruikersnaam in en selecteer vervolgens **OK**.
2. Controleer of de volgende verbruiksartikelen zijn voorbereid als aangegeven in het scherm Reagent Preparation (Reagens voorbereiden):
 - A-Tailing-mengsel, ligatiemengsel en 80% EtOH
 - Zuiveringsparels monster, uiteindereparatiemengsel en NIPT DNA-adapterplaat
3. Selecteer de selectievakjes en selecteer vervolgens **OK**.
4. Scan de streepjescodes van de bibliotheekvoorbereidingsdoos.
5. Voer de gebruikersnaam in, of de initialen van degene die het reagens heeft voorbereid, en selecteer vervolgens **OK**.
6. Scan de streepjescodes op de accessoiredoos.
7. Voer de gebruikersnaam in, of de initialen van degene die het reagens heeft voorbereid, en selecteer vervolgens **OK**.

8. Laad de tips als volgt op de tipdragers en selecteer vervolgens **OK** voor alle dragers.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24	Tip	1–6	Tips van 50 µl	1
		7–12	Tips van 300 µl	1, 2
48	Tip	1–6	Tips van 50 µl	1, 2
		7–12	Tips van 300 µl	1, 2, 3, 4
96	Tip	1–6	Tips van 50 µl	1, 2, 3, 4
		7–12	Tips van 300 µl	1, 2, 3, 4, 5

9. Als u het protocol heeft gestopt na de cfDNA-extractieprocedure, laad dan de getelde tips als volgt op de tipdragers.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	49–54	Tips van 1000 µl	1
			Tips van 300 µl	2
			Tips van 50 µl	3

10. Voer de locatie van de eerste en laatste tip voor elk tiprek in en selecteer vervolgens **OK**.

11. Controleer of de streepjescodes zijn aangebracht en laad de platen (streepjescode naar rechts) als volgt op de plaatdrager. Selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Multiflex	19–24	cfDNA-elutieplaat – met streepjescode	1
			NIPT DNA-adapterplaat – met streepjescode	2
			Nieuwe plaat met 96 wells, volledig omrand, bibliotheken – met streepjescode	3
			Nieuwe plaat met 96 wells, volledig omrand	4, 5

12. Laad de drager met diepe wells als volgt en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Diepe wells	39–44	50 ml 80% EtOH in een reservoir met diepe wells	1
			Nieuwe plaat met 96 wells, volledig omrand	2, 3, 4, 5

13. Laad de reagensbakjes als volgt op de reagensdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Type drager	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Reagens	47	2,5 ml uiteindereparatiemengsel	1
			Bereid A-Tailing-mengsel (totaal volume)	2
			Bereid ligatiemengsel (totaal volume)	3
			10 ml zuiveringsparels monster	4
			12 ml hybridisatiebuffer	5

14. Bewaar de rest van de 12 ml HT1 (hybridisatiebuffer) in de container voor pooling.
15. Controleer of de dragers, laboratoriumbenodigdheden en reagentia zijn geladen als aangegeven en selecteer vervolgens **OK** in het scherm Library Deck Verification (Verificatie bibliotheekdek).
16. Wacht tot de automatische reagensvolumecontrole is uitgevoerd.
17. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
18. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, controleert u of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
19. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
20. Controleer of er in elke well van de bibliotheekplaat een even groot volume zit.



LET OP

Als de wells niet even grote volumes bevatten, is het mogelijk dat de monsters niet slagen voor de automatische kwaliteitscontrole.

21. Dek de bibliotheekplaat voor opslag af met afdekfolie en bewaar de plaat.
22. Laad de dragers uit, reinig het dek en selecteer vervolgens **OK**.
23. Voer opmerkingen in over aangetaste wells en selecteer vervolgens **OK**.
24. Voer een van de volgende stappen uit:
 - Selecteer **Yes** (Ja) om verder te gaan met het kwantificeren van bibliotheken.
 - Selecteer **Exit** (Afsluiten) om te stoppen.

VEILIG STOPPUNT

Als u stopt, moet de bibliotheekplaat vóór opslag met afdekfolie worden afgedekt. De bibliotheekplaat is tot 7 dagen na de datum van voorbereiding stabiel bij -25 °C tot -15 °C.

Bibliotheken kwantificeren

Vorbereiden

1. Bereid de volgende reagentia:

Reagens	Opslag	Instructies
DNA- kwantificeringsreagens	2 °C tot 8 °C	Buiten bereik van licht houden. Laat gedurende 30-150 minuten ontdooien bij kamertemperatuur. (Aanbevolen wordt het reagens te verwijderen bij aanvang van de procedure "Bibliotheken voorbereiden".) Vortex om te mengen en daarna kort centrifugeren.
DNA- kwantificeringsnorm	2 °C tot 8 °C	Vortex om te mengen en daarna kort centrifugeren.
Resuspensiebuffer	2 °C tot 8 °C	Vortex om te mengen.

2. Als de bibliotheekplaat in bevroren toestand was opgeslagen, bereidt u deze als volgt voor.
 - a. Controleer of de plaat niet langer dan 7 dagen opgeslagen is geweest en laat de plaat bij kamertemperatuur ontdooien.
 - b. Vortex om te mengen
 - c. Centrifugeer gedurende 1 minuut op 1000 x g.
3. Schakel de fluorometer 10 minuten vóór gebruik in.
4. Breng een plaatstreepjescode aan op een nieuwe plaat met 384 wells.
5. Breng een plaatstreepjescode aan op een nieuwe, volledig omrande plaat.

Procedure

1. Selecteer **OK** om te starten met kwantificeren.
2. Als de VeriSeq NIPT-methode nog niet is geopend:
 - a. Open de AppLauncher en selecteer **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode).
 - b. Voer de batch-ID en de gebruikersnaam in en selecteer vervolgens **OK**.
3. Scan de streepjescodes op de accessoiredoos.
4. Voer de gebruikersnaam in, of de initialen van degene die het reagens heeft voorbereid, en selecteer vervolgens **OK**.

5. Laad de tips als volgt op de tipdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48	Tip	1-6	Rek voor tips van 300 µl	1
			Rek voor tips van 50 µl	2
96	Tip	1-6	Rek voor tips van 300 µl	1
			Rek voor tips van 50 µl	2, 3

6. Controleer of de streepjescodes zijn aangebracht.

7. Verwijder indien nodig de afdekfolie van de bibliotheekplaat.

8. Laad de platen (streepjescode naar rechts gericht) als volgt op de Multiflex-drager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Multiflex	19-24	Nieuwe, volledig omrande platen – met streepjescode	1
			Nieuwe plaat met 384 wells – met streepjescode	2
			Bibliotheekplaat – met streepjescode	3
			Nieuwe plaat met 96 wells, volledig omrand	4, 5

9. Laad reagensbuisjes zonder dop als volgt in de buisdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Buisje	46	DNA-kwantificeringsnorm	1
			DNA-kwantificeringsreagens	2

10. Laad de reagensbakjes als volgt op de reagensdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Reagens	47	Nieuw reagensbakje (leeg)	1
			16 ml resuspensiebuffer	2

11. Als u het protocol heeft gestopt na de bibliotheekvoorbereidingsprocedure, laad dan de getelde tips als volgt op de tipdragers.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	49–54	Tips van 1000 µl	1
			Tips van 300 µl	2
			Tips van 50 µl	3

12. Voer de locatie van de eerste en laatste tip voor elk tiprek in en selecteer vervolgens **OK**.
13. Controleer of de dragers, laboratoriumbenodigdheden en reagentia correct zijn geladen, selecteer vervolgens **OK** in het scherm Quant Deck Verification (Verificatie kwantificeringsdek).
14. Wacht tot de automatische reagensvolumecontrole is uitgevoerd.
15. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
16. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, controleert u of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
17. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
18. Laad de bibliotheekplaat uit.
- Controleer of er in elke well van de plaat een even groot volume zit.
 - Dek de bibliotheekplaat af met afdekfolie en bewaar bij kamertemperatuur tot de fluorometrische gegevensanalyse is uitgevoerd.
19. Laad de resterende platen met 96 wells uit en controleer of er in elke well een even groot volume zit. Grote afwijkingen in volume kunnen duiden op een probleem tijdens de pipetteerstappen.
20. Laad de plaat met 384 wells uit en controleer of er in de betreffende wells vloeistof zit.
21. Dek de plaat af met een afdekfolie.
22. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
23. Incubeer bij kamertemperatuur gedurende 10 minuten, buiten het bereik van licht.
24. Laad alle dragers uit.
25. Reinig het ML STAR-dek en selecteer vervolgens **OK**.



LET OP

Gooi de kwantificatiereagentia pas weg als er gegevens zijn verkregen. U hebt de reagentia nodig als u de kwantificering opnieuw moet doen.

26. Verwijder na de incubatie de afdekfolie en laad de plaat met 384 wells op de microplaatlezer. Zorg ervoor dat u de parse adapterplaat (onderdeelnummer: 0310-4336) gebruikt die door Molecular Devices wordt geleverd, of een gelijkwaardige plaat indien dit voor het gebruikte instrument van toepassing is.
- Let erop dat bij het laden A1 linksboven zit.
27. Dubbelklik op de VeriSeq NIPT-sjabloon om deze te openen in SoftMax Pro.

28. Selecteer **New Experiment** (Nieuw experiment) in het tabblad Home (Start).
29. Selecteer **Read** (Lezen).
30. Exporteer de gegevens als XML op de volgende wijze.
 - a. Klik met de rechtermuisknop op **Plate** (Plaat) en selecteer vervolgens **Rename** (Hernoemen).
 - b. Scan de streepjescode van de kwantificeringsplaat en selecteer vervolgens **OK**.
 - c. Selecteer links bovenin het scherm het plaatpictogram en selecteer vervolgens **Export** (Exporteren) in het menu.
 - d. Selecteer het selectievakje **Expt name** (Naam export), zet de optie voor plaatgegevens op onbewerkt, zet het uitvoerformaat op XML en selecteer vervolgens **OK**.
 - e. Stel het pad en de naam voor het uitvoerbestand in en selecteer vervolgens **Save** (Opslaan).De Hamilton-computer moet toegang hebben tot de locatie van het bestand. Gebruik geen spaties bij het instellen van de naam of het pad van het bestand.

Analyse

1. Voer in het scherm Scanner Information (Scannerinformatie) op de ML STAR de fluorometer-ID in.
2. Voer opmerkingen in over de fluorometerrun en selecteer vervolgens **OK**.
3. Navigeer naar het .XML-kwantificeringsbestand met de fluorometrische gegevens en selecteer vervolgens **OK**.
4. Controleer de analyseresultaten van de standaardcurve en monsterconcentratie, en selecteer vervolgens **OK**.
5. Als u de plaat opnieuw moet scannen, selecteert u **Rescan** (Opnieuw scannen).
De monsters zijn tijd- en lichtgevoelig. Voer de herhalingsscan (indien nodig) onmiddellijk uit.
6. Voer opmerkingen in over aangetaste wells en selecteer vervolgens **OK**.
7. Beoordeel de resultaten en ga als volgt verder.
 - Als de resultaten voldoen aan de specificatie, gaat u verder naar [Bibliotheken poolen op pagina 39](#). Zie voor specificaties de tabel met kwantificerings-QC-metrieken en -grenswaarden in de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding (documentnr. 1000000067940)*.
 - Als de resultaten niet voldoen aan de specificatie, zal het systeem de methode afbreken. Herhaal de kwantificeringsprocedures vanaf [Voorbereiden op pagina 35](#).
8. Voer een van de volgende stappen uit:
 - Selecteer **Yes** (Ja) om verder te gaan met [Bibliotheken poolen op pagina 39](#).
 - Selecteer **Exit** (Afsluiten) om te stoppen.

VEILIG STOPPUNT

Als u stopt, moet de bibliotheekplaat vóór opslag met afdekfolie worden afgedekt. De bibliotheekplaat is stabiel gedurende maximaal 7 achtereenvolgende dagen opslag bij -25 °C tot -15 °C.

Bibliotheken poolen

Vorbereiden

1. Bereid de volgende reagentia:

Reagens	Opslag	Instructies
Hybridisatiebuffer	-25 °C tot -15 °C	Ontdooien op kamertemperatuur. Vortex om te mengen. Na gebruik weer opslaan.

2. Als de bibliotheekplaat in bevroren toestand was opgeslagen, bereidt u deze als volgt voor.
 - a. Controleer of de plaat niet langer dan 7 dagen opgeslagen is geweest en laat de plaat bij kamertemperatuur ontdooien.
 - b. Vortex bij 1500 tpm gedurende 1 minuut.
 - c. Centrifugeer bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
 - d. Pipetteren om te mengen.
3. Label een leeg poolingbuisje Pool A. Als het om 96 monsters gaat, label dan een tweede leeg poolingbuisje Pool B.
4. Sla het volgende denatureringsprogramma op de thermocycler met verwarmd deksel op.
 - a. Kies de optie voor voorverwarmde deksel en stel in op 102 °C.
 - b. Stel het reactievolume in op 50 µl.
 - c. Stel de stijgings-/dalingsnelheid in op maximaal (≥ 2 °C per seconde).
 - d. Incubeer bij 96 °C gedurende 10 minuten en vervolgens bij 4 °C gedurende 5 seconden.
 - e. Bewaar bij 4 °C.

Procedure

1. Plaats de bibliotheekplaat op de voorgeprogrammeerde thermocycler en voer het denatureringsprogramma uit.
Denatureer de bibliothekenplaat niet voordat de kwantificering heeft voldaan aan de QC-metrieken, omdat u de kwantificering mogelijk opnieuw wilt doen.
2. Centrifugeer de bibliotheekplaat bij 1000 × g gedurende 20 seconden.
3. Selecteer **OK** om te poolbibliotheken op te starten.
4. Als VeriSeq NIPT Method (VeriSeq NIPT-methode) nog niet is geopend:
 - a. Open de AppLauncher en selecteer **VeriSeq NIPT Method** (VeriSeq NIPT-methode).
 - b. Voer de batch-ID en de gebruikersnaam in en selecteer vervolgens **OK**.
5. Selecteer de poolconcentratie en selecteer vervolgens **OK**.
De beoogde clusterdichtheid is 220–260 K/mm².

OPMERKING Het is mogelijk dat de poolingconcentraties en/of poolingvolumes voor batches met 24 monsters verhoogd moeten worden om een vergelijkbare clusterdichtheid te verkrijgen als bij batches met 48/96 monsters.

6. Als de Workflow Manager dit vraagt, voert u een van de volgende stappen uit:
 - Om een monsterformulier te laden, selecteert u het monsterformulier voor de batch en selecteert u vervolgens **Load** (Laden).
 - Selecteer **Use Default** (Standaard gebruiken) voor alle instellingen om de standaardwaarden van het systeem te gebruiken voor de resterende monstertypen, de geslachtsrapportage of het screeningstype. Voor informatie over het aanmaken van een monsterformulier, raadpleegt u de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding* (documentnr. 1000000067940).
7. Selecteer **Start** (Starten) om de timer te starten voor het denatureren van de plaat.
8. Laad de tips als volgt op de tipdragers.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	7–12	Filtertips van 50 µl	1

9. Laad de gedenatureerde bibliotheekplaat (streepjescode naar rechts gericht) als volgt op de Multiflex-drager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Multiflex	19–24	Gedenatureerde bibliotheekplaat (met streepjescode)	1

10. Laad de poolingbuisjes als volgt op de buisdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48	Buisje	46	Nieuw 2 ml-buisje, Pool A	1
96	Buisje	46	Nieuw 2 ml-buisje, Pool A	1
			Nieuw 2 ml-buisje, Pool B	2

11. Laad de reagensbakjes als volgt op de reagensdrager en selecteer vervolgens **OK**.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Reagens	47	3 ml hybridisatiebuffer	1

12. Laad de tips als volgt op de tipdragers.

Monsterbatchgrootte	Drager-type	Spoor	Artikel	Locatiepositie
24, 48, 96	Tip	49–54	Filtertips van 1000 µl	1
			Filtertips van 300 µl	2
			Filtertips van 50 µl	3

13. Voer de locatie van de eerste en laatste tip voor elk tiprek in en selecteer vervolgens **OK**.
14. Controleer of de dragers, laboratoriumbenodigdheden en reagentia als aangegeven zijn geladen.
15. Selecteer **OK** in het scherm Pooling Deck Verification (Verificatie poolingdek).
16. Observeer de ML STAR tijdens de automatische stappen.
17. Voer opmerkingen in over aangetaste wells en selecteer vervolgens **OK**.
18. Wanneer de Workflow Manager dit vraagt, controleert u of het ML STAR-laaddek vrij is van obstructies zodat de ML STAR de dragers kan uitladen.
19. Selecteer **Unload** (Uitladen) om het dek uit te laden.
20. Laad de buisdrager uit.
21. Plaats een dop op elke poolingbuis, vortex deze en centrifugeer ze vervolgens kort.
22. Selecteer **OK**.
23. Sequence de bibliotheken zo snel mogelijk na pooling. Dek de bibliotheekplaat af met afdekfolie en bewaar maximaal 7 dagen bij -25 °C tot -15 °C om opnieuw te kunnen poolen.

VEILIG STOPPUNT

Als u stopt, moeten de doppen op de poolingbuisjes worden gedaan en de buisjes maximaal 7 dagen worden opgeslagen bij -25 °C tot -15 °C.

Gepoolde bibliotheken voorbereiden voor sequencing

Voorbereiden

1. Bereid de volgende reagentia:

Reagens	Opslag	Instructies
Poolbuisjes	-25 °C tot -15 °C	Ontdooi op kamertemperatuur wanneer eerder opgeslagen geweest. Vortex kort. Centrifugeer kort.

2. Bereid het next-generation sequencingsysteem voor door de volgende velden in te vullen in de Local Run Manager VeriSeq NIPT-module:
 - a. Run Name (Naam run)

- b. [Optioneel] Runbeschrijving
- c. Pool Barcode (Streepjescode pool)



LET OP

De in de Local Run Manager-module ingevoerde streepjescode van de pool moet overeenkomen met de streepjescode van de pool die in de Workflow Manager is ingevoerd. Onjuiste runconfiguraties worden door de analysesoftware afgewezen en de sequencing moet mogelijk worden herhaald.

Raadpleeg voor meer informatie over het gebruik van de Local Run Manager VeriSeq NIPT-module de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding (documentnr. 1000000067940)*.

Procedure

1. Combineer de volgende volumes in de reagenscartridge en pipetteer om te mengen.
 - Hybridisatiebuffer (HT1) (900 µl)
 - 450 µl Pool A (450 µl)
2. Raadpleeg voor instructies voor sequencing de handleiding voor het next-generation sequencing-instrument. Raadpleeg voor een *NextSeq 550Dx de referentiegids van het NextSeq 550Dx Instrument (documentnr. 1000000009513)* (of raadpleeg de toepasselijke bijsluiter zoals vermeld op de ondersteuningspagina van Illumina www.support.illumina.com).
3. Bevestig de correcte runconfiguratie wanneer daarom wordt gevraagd.
4. Herhaal deze procedure zo nodig voor Pool B.
 - Om de beoogde clusterdichtheid te bereiken, kan de bibliotheekplaat met de Hamilton opnieuw worden gepoold met een andere poolconcentratie. Door opnieuw te poolen, wordt de oorspronkelijke pool ongeldig.
 - Om de beoogde clusterdichtheid te bereiken, kan ook de verhouding van pool tot HT1 (450 µl+900 µl) worden gewijzigd.

Next-generation sequencing

De VeriSeq NIPT Solution v2 is te gebruiken met een next-generation sequencingsysteem met de volgende specificaties:

- Capaciteit van 2x36 paired-end bepalingen
- Compatibel met indexadapters in de VeriSeq NIPT-monstervoorbereidingskit
- Tweekanaals-chemie
- Automatische productie van BCL-bestanden (*.bcl) (onbewerkte gegevens van sequencinginstrument)
- 400 miljoen paired-end bepalingen per run
- Compatibel met VeriSeq NIPT Assay Software v2

De NextSeq 550Dx is compatibel met de VeriSeq NIPT Solution v2

Analyse sequencinggegevens

Na voltooiing van de sequencing worden de sequencinggegevens automatisch naar de VeriSeq NIPT-assaysoftware v2 gestuurd voor analyse en rapportage. Het rapport omvat classificaties voor elk monster in de batch, alsmede een beoordeling van alle QC-metrieken van de runs. Voor een batch met 48 monsters duurt het analyseproces vanaf het moment van voltooiing van de sequencing tot het definitieve resultaat ongeveer 4 uur. Voor gedetailleerde informatie over de gegevensanalyse en het uitvoerbestand, raadpleegt u de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding (documentnr. 1000000067940)*.

Interpretatie van de resultaten

Het VeriSeq NIPT Solution v2-algoritme maakt gebruik van een geavanceerd statistisch model dat verschillende soorten informatie uit de verzameling van paired-end sequencingbibliotheekfragmenten combineert. Met dit model worden regio's van het genoom gedetecteerd die onder- of oververtegenwoordigd zijn in de bibliotheek van elk monster. Het is zo dat dit model er rekening mee houdt of de mate van onder- of oververtegenwoordiging kwantitatief consistent is met een aneuploid voorval in het foetale genoom in het foetale-fractiepercentage dat voor de bibliotheek is geschat.

Voor alle chromosomen worden paired-end sequencinggegevens uitgelijnd met het referentiegenoom (HG19). Alleen unieke, niet-geduplicateerde uitgelijnde aflezingsen worden samengevoegd in bins van 100 kb. Voor de bijbehorende bintellingen is rekening gehouden met GC-vertekening en eerder vastgestelde regio-specifieke genomische dekking. Op basis van dergelijke gestandaardiseerde bintellingen worden de statistische scores afgeleid voor elk autosoom door de dekkingsgebieden waar aneuploidie kan optreden te vergelijken met de rest van de autosomen. Er wordt een aannemelijkheidsquotiënt (likelihood-ratio of LLR) berekend voor elk monster door rekening te houden met deze scores op basis van dekking en de geschatte foetale fractie. De LLR is de waarschijnlijkheid dat er in een monster afwijkingen aanwezig zijn op basis van de waargenomen dekking en foetale fractie ten opzichte van de waarschijnlijkheid dat er in een monster geen afwijkingen aanwezig zijn gezien dezelfde waargenomen dekking. De geschatte onzekerheid op het gebied van de foetale fractie wordt ook meegenomen in de berekening van deze ratio. Voor daaropvolgende berekeningen wordt het natuurlijke logaritme van de ratio gebruikt. De assaysoftware beoordeelt de LLR voor elk doelchromosoom en elk monster om een bepaling voor aneuploidie te geven.

Tijdens het aanmaken van de batch wordt voor elk monster het type monster (enkelvoudig of tweeling), het screeningstype (basaal of genoombreed) en de geslachtschromosoomrapportage (Ja, Nee en SCA) opgegeven dat/die gewenst is. Samen bepalen deze opties welke informatie voor elk monster wordt gerapporteerd.

Voor alle monstertypen bepaalt het screeningstype welke autosomale anomalieën worden gerapporteerd. Voor het basale screeningstype worden alleen volledig-chromosoomtrisomievoorvallen gemeld waarbij de chromosomen 13, 18 en 21 betrokken zijn. Voor het genoombrede screeningstype worden volledige of partiële chromosoomdeleties of -duplicaties van een autosomaal chromosoom gerapporteerd. De lengte van de kleinste partiële chromosoomdeletie of -duplicatie die kan worden gerapporteerd is 7 Mb.

Voor monsters van enkelvoudige zwangerschappen kunt u de geslachtschromosoomrapportage uitschakelen. Ook is in te stellen dat aneuploidieën van geslachtschromosomen met of zonder vermelding van het geslacht van euploïde monsters worden gerapporteerd.

Voor tweelingmonsters geldt dat als Yes (Ja) is geselecteerd voor geslachtschromosoomrapportage, het resultaat beperkt is tot rapportage van de aan- of afwezigheid van een Y-chromosoom in de bibliotheek. Voor tweelingmonsters kan geen aneuploidie van geslachtschromosomen worden gerapporteerd.

OPMERKING Als alle monsters in een batch hetzelfde gerapporteerde geslacht hebben, waarschuwt een e-mail/WebUI-foutmelding de gebruiker met een waarschuwing voor monstervermenging/-verontreiniging. De batch wordt ongeldig verklaard en er wordt geen rapport gemaakt. (Van toepassing op VeriSeq NIPT Solution v2-serversoftware v2.2 en hoger.)

Het resultaat ANOMALY DETECTED (Anomalie gedetecteerd) geeft aan dat het monster positief test op een of meer anomalieën, overeenkomstig het geselecteerde screeningstype en de geselecteerde optie voor geslachtschromosoomrapportage. Bij detectie van een anomalie wordt in het rapport een beschrijving van de anomalie in cytogenetische notatie gegeven.

Aan de hand van statistiek die tijdens de sequencing is gegenereerd, geeft de VeriSeq NIPT Assay Software v2 voor elk monster een fetal fraction estimation (FFE, schatting foetale fractie). De FFE is de geschatte foetale cfDNA-component die door de assay wordt bepaald en voor elk monster als afgerond percentage wordt gerapporteerd. De gemiddelde standaarddeviatie van deze schatting voor alle monsters is 1,3%. Wanneer resultaten worden gerapporteerd, mag de FFE niet op zichzelf stand worden gebruikt om monsters uit te sluiten.

Om conclusies over chromosomale samenstellingen te trekken, gebruikt de VeriSeq NIPT Assay Software v2 de individuele betrouwbaarheidstest voor foetale aneuploidie (iFACT, individualized Fetal Aneuploidy Confidence Test), een dynamische drempelwaardemetriek die aangeeft of het systeem voldoende sequencingdekking heeft gegenereerd, gezien de geschatte foetale fractie van elk monster. Negatieve uitslagen worden alleen gerapporteerd als het monster aan de iFACT-drempelwaarde voldoet. Als een monster deze drempelwaarde niet bereikt, wordt er in de QC-beoordeling FAILED iFACT (Mislukte iFACT) weergegeven en genereert het systeem geen resultaat.

De VeriSeq NIPT Assay Software v2 beoordeelt tijdens de analyse naast iFACT verschillende andere QC-metrieken. De aanvullende metrieken omvatten beoordeling van de dekkingsuniformiteit van genomische referentieregio's en de verdeling van de cfDNA-fragmentlengtes. De QC-beoordeling geeft alleen een QC-waarschuwing of QC-mislukking weer voor metrieken buiten het aanvaardbare bereik. Als de QC mislukt, genereert het systeem geen resultaat voor het monster. Als de QC van een monster mislukt, kan het monster opnieuw worden verwerkt, mits het bloedafnamebuisje voldoende plasma bevat.

De VeriSeq NIPT Solution v2 genereert gegevens voor een definitief rapport. Er wordt geen definitief rapport voor de patiënt gegenereerd. De klant is verantwoordelijk voor de vormgeving en de inhoud van het definitieve rapport dat de behandelend arts krijgt. Illumina is niet verantwoordelijk voor de nauwkeurigheid van de tekst in het definitieve rapport voor klanten.

**LET OP**

Controleer de geschatte foetale fractie van alle monsters. Als de schattingen van de foetale fractie voor alle monsters binnen een run ongeveer gelijk zijn, kan er sprake zijn van vermenging van monsters die de resultaten heeft beïnvloed. Neem contact op met de technische ondersteuningsdienst van Illumina voor hulp bij het oplossen van problemen.

Prestatiekenmerken

De volgende gegevens in de paragrafen Klinische prestaties en Analytische prestaties zijn gegenereerd door gebruikmaking van de protocollen en materialen die worden genoemd in de Gebruiksaanwijzing vanaf plasma. Alle sequencinggegevens voor deze paragraaf zijn gegenereerd met een NextSeq 500/550-sequencingstelsel of een NextSeq 550Dx-sequencingstelsel met de volgende configuraties:

	NextSeq 500/550	NextSeq 550Dx
Op het instrument geïnstalleerde software	NextSeq-besturingssoftware 4.0	NextSeq-besturingssoftware 1.3
Versie reagenskit	NextSeq 500/550 High Output v2.5-reagenskit (75 cycli)	NextSeq 550Dx High Output v2.5-reagenskit (75 cycli)
Sequencingmethode	2x36 paired-end sequencing-run in hoge outputmodus	2x36 paired-end sequencing-run in hoge outputmodus

Klinisch onderzoek

De klinische nauwkeurigheid van de VeriSeq NIPT Solution v2 werd aangetoond door beoordeling van plasmamonsters afkomstig van zwangere vrouwen met een enkelvoudige zwangerschap of een tweelingzwangerschap. De monsters werden verkregen uit anoniem opgeslagen plasmamonsters uit perifere volbloedmonsters die eerder waren verwerkt. Meer dan 45.000 monsters werden onderzocht op geschiktheid voor opname in het onderzoek. Deze monsters waren eerder prenataal gescreend op foetale chromosomale aneuploidieën en partiële deleties en duplicaties van 7 Mb of meer. Alle monsters van de aangedane zwangerschappen en een subset van opeenvolgende monsters van niet-aangedane zwangerschappen kwamen voor onderzoek in aanmerking indien er klinische resultaten waren en aan de monstercriteria werd voldaan. In totaal bevatte de testanalyse-set 2335 monsters. In deze set waren 2328 monsters afkomstig van enkelvoudige zwangerschappen en waren zeven monsters afkomstig van tweelingzwangerschappen.

Van deze monsters mislukte bij 28 (1,2%, 28/2335) monsters de QC van de assay bij de eerste run tijdens de analyse van de voltooide sequencinggegevens:

- 27 gevallen van mislukte iFACT (één XO, 26 niet aangedaan)
- één fout vanwege gegevens buiten verwacht bereik

Demografische gegevens en kenmerken zwangerschap

In [Tabel 7](#) worden de leeftijd van de moeder, de zwangerschapsduur en het trimester van de zwangerschap weergegeven voor de monsters in de genoombrede screening, inclusief bekende mozaïekmonsters. De meerderheid (98%) van de testmonsters zijn afkomstig uit het eerste trimester van de zwangerschap.

De demografische gegevens van de basale en genoombrede cohorten bleken na beoordeling geen statistisch verschil te vertonen. De demografische gegevens en de zwangerschapskenmerken waren vergelijkbaar, inclusief of exclusief bekende mozaïeken.

Tabel 7 Demografische gegevens en kenmerken zwangerschap

Overzicht statistiek	Genoombreed (inclusief bekende mozaïeken)
Aantal monsters	2307*
Leeftijd moeder – jaren	
Gemiddeld	35,08
Standaarddeviatie	4,04
Mediaan	34,95
25 ^e percentiel, 75 ^e percentiel	32,31, 37,79
Minimum, maximum	20,22, 53,02
Zwangerschapsduur op het moment van bloedafname - weken	
Gemiddeld	10,93
Standaarddeviatie	1,20
Mediaan	10,57
25 ^e percentiel, 75 ^e percentiel	10,29, 11,14
Minimum, maximum	10,00, 27,86
Zwangerschapstrimester – n (%)	
< Eerste (< 14 weken)	2252 (98%)
Tweede	54 (2%)
Derde (≥ 27 weken)	1 (0%)

* De gepresenteerde definitieve monsters omvatten 7 tweelingen.

Klinische prestaties

De resultaten die zijn verkregen met de VeriSeq NIPT Solution v2 werden vergeleken met de klinische referentienormresultaten. Alle onderzoeksmonsters hadden klinische referentienormresultaten (klinische waarheid) die gerelateerd waren aan foetale chromosomale aneuploidie en partiële deleties en duplicaties van 7 Mb of meer. Het klinische referentienormresultaat voor de monsters in dit onderzoek hing af van de resultaten van de chromosoomanalyse of een lichamelijk onderzoek bij pasgeborenen met een NGS-gebaseerde negatieve NIPT-screening. Getraind onderzoekspersoneel classificeerde de klinische referentienormgegevens in overeenstemming met het document voor medische codering van de sponsor.

Als methoden voor de chromosoomanalyse werden onder meer karyotypering, fluorescentie-in-situhybridisatie (FISH) of op chromosomale microarray (CMA) gebaseerde vergelijkende genoomhybridisatie gebruikt. Er werden chromosoomanalyses gedaan met perifeer bloed of speeksel van pasgeborenen of zuigelingen, monsters van conceptieproducten (POC), amniocyten, chorionvlokken, placentaweefsels of postnataal navelstrengbloed.

Mozaïcisme wordt gedefinieerd als de aanwezigheid van twee of meer cellijnen met een verschillende chromosoomsamenstelling bij een persoon. De cellijnen zijn afkomstig van dezelfde zygoöt. Het type en de omvang van mozaïcisme varieert en is afhankelijk van het moment tijdens de embryogenese en de foetale ontwikkeling waarop er mozaïekvorming optreedt. In prenatale diagnoses komen verschillende typen mozaïcisme voor, afhankelijk van de verdeling van abnormale versus normale cellijnen over cytotrofoblast, mesenchym of de foetus.¹⁰ Hoewel mozaïcisme bij elke chromosoomafwijking kan worden aangetroffen, is de prevalentie van mozaïcisme bij zeldzame trisomieën hoger dan bij de trisomieën van de chromosomen 21, 18 en 13 (T21, T18 en T13).¹¹ In de prestatiebeoordeling zijn gevallen van mozaïcisme in de genoombrede analyse opgenomen, omdat dit screeningstype voor deze assay tot doel heeft zeldzame autosomale aneuploidieën (RAA's) te detecteren.

Prestaties basale screening

De anomalieën voor de basale screening omvatten T21, T18 en T13. In de analyse waren in totaal 2243 monsters afkomstig van enkelvoudige zwangerschappen en tweelingzwangerschappen opgenomen. Alle zeven tweelingzwangerschappen werden correct gedetecteerd als T21 en worden niet vermeld in de volgende tabel.

Tabel 8 Sensitiviteit en specificiteit van de VeriSeq NIPT Solution v2 met betrekking tot de detectie van trisomieën 21, 18 en 13 in een basale screening voor enkelvoudige zwangerschappen (exclusief bekende mozaïeken)

	T21	T18	T13
Sensitiviteit	> 99,9% (130/130)	> 99,9% (41/41)	> 99,9% (26/26)
2-zijdig 95%-BI	97,1%, 100%	91,4%, 100%	87,1%, 100%
Specificiteit	99,90% (1982/1984)	99,90% (1995/1997)	99,90% (2000/2002)
2-zijdig 95%-BI	99,63%, 99,97%	99,64%, 99,97%	99,64%, 99,97%

De assayprestaties in de basale screening, zoals weergegeven in [Tabel 8](#), zijn berekend met uitsluiting van een subset van 64 monsters met RAA's, autosomale partiële deleties of duplicaties, of bekend mozaïcisme. Van deze 64 monsters waren er acht T21- en drie T18-mozaïek. Bij vijf van deze 11 monsters werd vastgesteld dat de anomalie aanwezig was die door de VeriSeq NIPT Assay Software v2 werd gedetecteerd.

Prestaties genoombrede screening

Voor de genoombrede screening omvat elke anomalie trisomieën, monosomieën en partiële deleties of duplicaties van 7 Mb of meer. De monsters voor het genoombrede onderzoek bevatten 36 monsters met bekend mozaïcisme. In totaal werden 2307 monsters afkomstig van enkelvoudige zwangerschappen en tweelingzwangerschappen getest. Bij alle zeven tweelingzwangerschappen werd de aanwezigheid van een chromosoom 21-anomalie correct gedetecteerd en deze werden niet vermeld in de volgende tabellen.

Prestaties genoombrede screening voor elke anomalie

Tabel 9 Sensitiviteit en specificiteit van de VeriSeq NIPT Solution v2 voor de detectie van elke anomalie in de genoombrede screening (inclusief bekende mozaïeken)

	Sensitiviteit	Specificiteit
Schatting % (n/N)	95,5% (318/333)	99,34% (1954/1967)
2-zijdig 95%-BI	92,7%, 97,3%	98,87%, 99,61%

Prestaties genoombrede screening voor zeldzame autosomale aneuploidie

Tabel 10 Sensitiviteit en specificiteit van de VeriSeq NIPT Solution v2 voor zeldzame autosomale aneuploidie (Rare Autosomal Aneuploidy (RAA)) in de genoombrede screening (inclusief bekende mozaïeken)

	Sensitiviteit	Specificiteit
Schatting % (n/N)	96,4% (27/28)	99,80% (2001/2005)
2-zijdig 95%-BI	82,3%, 99,4%	99,49%, 99,92%

Prestaties genoombrede screening voor partiële deleties en duplicaties

Tabel 11 Sensitiviteit en specificiteit van de VeriSeq NIPT Solution v2 voor partiële deleties en duplicaties van 7 Mb of meer in de genoombrede screening (inclusief bekende mozaïeken)

	Sensitiviteit	Specificiteit
Schatting % (n/N)	74,1% (20/27)	99,80% (2000/2004)
2-zijdig 95%-BI	55,3%, 86,8%	99,49%, 99,92%

Verschillen in prestaties tussen de basale en de genoombrede screening

De basale en de genoombrede screening hebben dezelfde scoremethode voor veelvoorkomende trisomieën en aneuploidieën van geslachtschromosomen. Bij de basale screening wordt het algoritme alleen toegepast op T21, T18 en T13. De genoombrede screening is echter een uitbreiding van deze methodologie en beoordeelt alle trisomieën en RAA's en partiële duplicaties en deleties.

Er zijn twee verschillen in de beschreven prestatierapportage tussen de basale en de genoombrede screening. Ten eerste werden voor de genoombrede screening monsters met bekend mozaïcisme voor zowel veelvoorkomende trisomieën als RAA's en partiële deleties en duplicaties meegenomen voor de prestatimetriek. Ten tweede kan de genoombrede screening eerder de detectie van een partiële duplicatie of deletie rapporteren dan een volledige trisomie. De aanwezigheid van een volledige trisomie naast een partiële duplicatie of deletie is af te leiden uit de LLR-score in het aanvullende rapport.

Opname van mozaïeken in de genoombrede screening

Mozaïcisme wordt beschouwd als een beperking van deze assay. Bij aanwezigheid van mozaïcisme is het foetale signaal van een anomalie verzwakt en is deze dus mogelijk moeilijker te detecteren zonder de algehele specificiteit van de assay te verstoren. Omdat mozaïcisme echter relevanter is voor een breder beeld, werden monsters met mozaïcisme opgenomen in de genoombrede screening.

Van de 64 monsters die in de genoombrede screening waren opgenomen, maar niet in de basale screening, werd bij 36 monsters mozaïcisme vastgesteld volgens de klinische referentienorm. Van deze 36 monsters kwamen er 23 resultaten overeen met de klinische referentienorm.

Detectie partiële deletie of duplicatie versus aneuploidie gehele chromosoom

De VeriSeq NIPT Solution v2 heeft in het menu een optie voor een basale of een genoombrede screening. In de basale screening wordt het resultaat ANOMALY DETECTED (Anomalie gedetecteerd) alleen gemeld bij de detectie van een volledige aneuploidie op chromosomen 21, 18 of 13 en als aan alle kwaliteitscontrolemeetwaarden wordt voldaan. In de genoombrede screening detecteert het systeem aneuploidie in alle autosomen en partiële deleties en duplicaties van ten minste 7 Mb.

Bij gebruik van de genoombrede screening geeft het systeem, als zowel een heel chromosoom als een CNV binnen hetzelfde chromosoom de LLR-drempel overschrijdt, er voorrang aan een partiële deletie of duplicatie te rapporteren boven de melding van het hele chromosoom als de omvang van de partiële deletie of duplicatie minder dan of gelijk is aan 75% van het chromosoom waarop het voorval wordt gedetecteerd. Als de gedetecteerde partiële deletie- en duplicatieregio meer dan 75% van het chromosoom uitmaakt, wordt het voorval gerapporteerd als een volledige trisomie of monosomie van het gehele chromosoom als tegelijkertijd de LLR-drempel voor het hele chromosoom ook is overschreden. Aanzienlijk grote deleties en duplicaties die minder dan of gelijk aan 75% van het chromosoom uitmaken, kunnen hierdoor een aanwijzing zijn voor een aneuploidie van het gehele chromosoom.

Voor alle monsters is de LLR-score voor de classificatie van het gehele chromosoom te vinden in het aanvullende rapport. De LLR-score moet worden getoetst aan de gespecificeerde grenswaarde in [95%-detectiekans voor gemiddelde regio's op basis van grootte voor de VeriSeq NIPT Solution v2 op pagina 60](#)

alvorens het resultaat te interpreteren. Als er bijvoorbeeld een CNV-bepaling is waar LLR-scores op chromosoomniveau de grenswaarde overschrijden, betekent dit verdere ondersteuning van een interpretatie die consistent is met een aneuploidie van het gehele chromosoom. Bekijk in [Tabel 12](#) een voorbeeld.

In het klinische onderzoek hadden twee monsters van enkelvoudige zwangerschappen aanzienlijk grote duplicaties (één op chromosoom 21 en één op chromosoom 18) die minder dan 75% van de relatieve grootte van het chromosoom uitmaakten (zie [Tabel 12](#)). Beide voorvallen werden voor dat chromosoom gerapporteerd als een partiële duplicatie en niet als een volledige trisomie. De LLR-scores voor deze voorvallen lagen boven de grenswaarde die consistent is met een positieve uitslag voor een volledige trisomie. Voor een melding van een partiële duplicatie of een volledige trisomie bestaat de vervolgbehandeling voor een melding van positieve NIPT erin dat de patiënt een bevestigingstest via prenatale diagnostiek krijgt.

Tabel 12 Voorbeelden van in de genoombrede screening geïdentificeerde voorvallen van grote duplicaties

	Klinische waarheid	Resultaat genoombrede systeem	Grootte anomalie (Mb)	% van chromosoom	LLR-scores
Monster 1	Trisomie 21 enkelvoudige zwangerschap	Partiële duplicatie op 21	22,50	48,9	19,43
Monster 2	Trisomie 18 enkelvoudige zwangerschap	Partiële duplicatie op 18	47,00	60,2	12,99

Zie voor aanvullende informatie over de kwaliteitscontrolemetriek waarmee aneuploïderesultaten worden gerapporteerd de *VeriSeq NIPT Solution v2-softwarehandleiding (documentnr. 1000000067940)*.

Geslachtschromosomen

De VeriSeq NIPT Solution v2-geslachtschromosoomresultaten werden vergeleken met de klinische referentienormresultaten en staan in de volgende tabel vermeld. Het percentage concordantie werd voor elk geslachtschromosoom binnen elk klinisch referentienormresultaat berekend. Het percentage concordantie werd berekend als het aantal monsters waarvan het VeriSeq NIPT Solution v2-geslachtschromosoomresultaat overeen kwam met de klinische referentienormclassificatie, gedeeld door het totaal aantal monsters met dezelfde klinische referentienormclassificatie.

Tabel 13 Percentage concordantie voor de foetale geslachtsclassificatie*

Foetale geslachtsclassificatie		Fenotype op basis van het lichamelijk onderzoek van de pasgeborene		Cytogenetische resultaten							
Gedetecteerd	Karyotype	Vrouwelijk	Mannelijk	XX	XY	XO	XXX	XXY	XYY	Overig**	Ontbreekt
Geen anomalie gedetecteerd	XX	997	0	21	0	2	0	0	0	0	0
Geen anomalie gedetecteerd	XY	0	966	0	15	0	0	0	0	0	1
Anomalie gedetecteerd	XO	0	0	0	0	19	0	0	1	0	0
Anomalie gedetecteerd	XXX	0	0	0	0	0	17	0	0	1	0
Anomalie gedetecteerd	XXY	0	0	0	0	0	0	23	0	1	0
Anomalie gedetecteerd	XYY	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
Totaal		997	966	21	15	21	17	23	12	2	1
Percentage concordantie		100	100	100	100	90,5	100	100	91,7	Niet van toepassing	Niet van toepassing

* Vijf tweelingzwangerschappen werden correct geclassificeerd als 'Y aanwezig'. Twee zwangerschappen werden correct geclassificeerd als 'Y niet aanwezig'.

** Overige cytogenetische resultaten waren XXXXX en XXYY.

Positieve voorspellende waarde en negatieve voorspellende waarde van de VeriSeq NIPT Solution v2

De positieve voorspellende waarde (PVW) en de negatieve voorspellende waarde (NVW) van de test bieden informatie over het nut van de test bij klinische besluitvorming op basis van testgevoeligheid, -specificiteit en de waarschijnlijkheid vóór de test dat een foetus trisomie heeft (prevalentie). Omdat de PVW en NVW afhankelijk zijn van prevalentie en de prevalentie van deze aneuploidieën onder de verschillende proefpersoonpopulaties kan variëren, werden de PVW en NVW berekend voor een reeks plausibele

prevalentiewaarden op basis van de gevoeligheids- en specificiteitswaarden als waargenomen in de basale screening (zonder bekende mozaïeken) van het klinische nauwkeurigheidsonderzoek. [Tabel 17](#) is gebaseerd op de genoombrede screening (met bekende mozaïeken).

Tabel 14 Prevalentie trisomie 21, PVW en NVW in basale screening (exclusief bekende mozaïeken)

Prevalentie (%)	PVW (%)	NVW (%)
0,05	33,17	> 99,99
0,10	49,82	> 99,99
0,20	66,53	> 99,99
0,50	83,29	> 99,99
1,00	90,93	> 99,99
1,50	93,79	> 99,99
2,00	95,29	> 99,99

Tabel 15 Prevalentie trisomie 18, PVW en NVW in basale screening (exclusief bekende mozaïeken)

Prevalentie (%)	PVW (%)	NVW (%)
0,03	23,06	> 99,99
0,05	33,31	> 99,99
0,10	49,99	> 99,99
0,20	66,68	> 99,99
0,30	75,03	> 99,99
0,40	80,04	> 99,99
0,50	83,38	> 99,99

Tabel 16 Prevalentie trisomie 13, PVW en NVW in basale screening (exclusief bekende mozaïeken)

Prevalentie (%)	PVW (%)	NVW (%)
0,01	9,10	> 99,99
0,02	16,68	> 99,99
0,05	33,37	> 99,99
0,10	50,05	> 99,99
0,20	66,73	> 99,99

Tabel 17 Elke anomalieprevalentie, PVW en NVW in genoombrede screening (inclusief bekende mozaïeken)

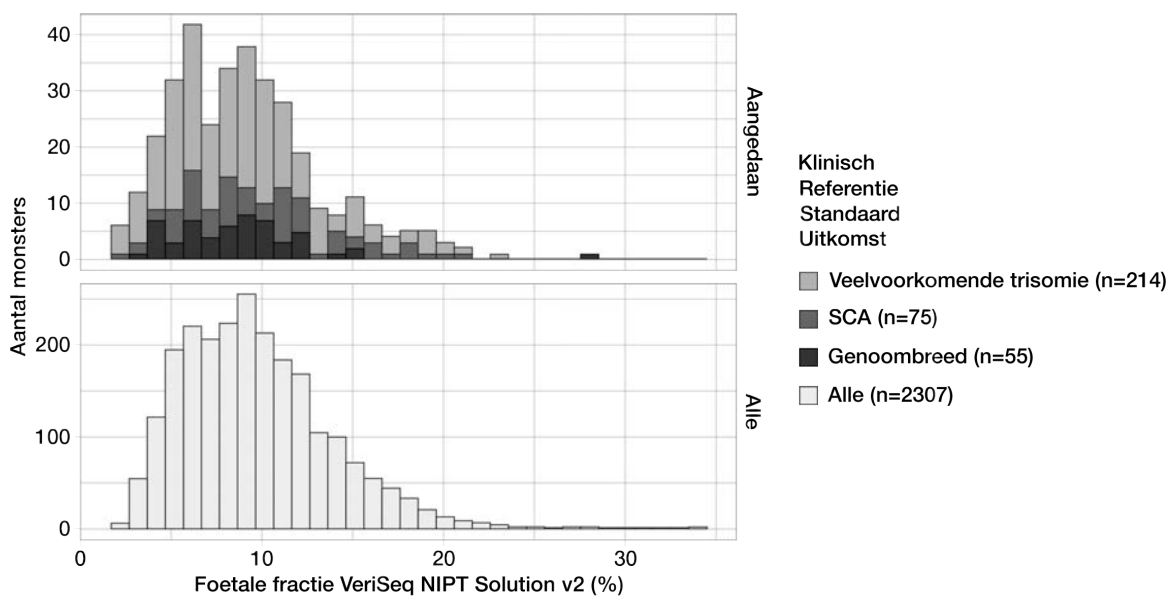
Prevalentie (%)	PVW (%)	NVW (%)
0,01	1,42	> 99,99

Prevalentie (%)	PVW (%)	NVW (%)
0,02	2,81	> 99,99
0,05	6,74	> 99,99
0,10	12,64	> 99,99
0,20	22,45	99,99
0,50	42,07	99,98
1,00	59,34	99,95
1,50	68,75	99,93
2,00	74,68	99,91

Verdeling foetale fractie

Afbeelding 1 toont de verdeling van de schattingen van de foetale fractie (FF) van de VeriSeq NIPT Solution v2 van de genoombrede screening met mozaïeken per uitkomstcategorie van de klinische referentienorm.

Afbeelding 1 Verdeling foetale fractie



5 monsters hadden anomalieën in meerdere categorieën.
 Veelvoorkomende trisomieën waren monsters met trisomie 21, 18 en/of 13.
 Genoombreed omvat monsters met RAA of partiële deleties en/of duplicaties.

De FF-schattingen liepen in totaal uiteen van 2% tot 34%, met een mediaan van 9% en een interkwartiel (IQ) bereik van 6% tot 12%. De mediane FF-schatting voor veelvoorkomende trisomieën en voorvallen die door de genoombrede screening werden gedetecteerd, bedraagt 8% en voor SCA's 9%. Het bereik van de FF-schattingen was consistent voor alle uitkomsten. Er is geen duidelijke verschuiving in de verdeling van FF tussen veelvoorkomende trisomieën, SCA's, door de genoombrede screening gedetecteerde voorvallen of alle monsters in de genoombrede analyse.

Prestaties bij tweelingzwangerschappen

Schatting van prestaties voor trisomie 13, 18 en 21 en chromosoom Y bij tweelingzwangerschappen

Omdat tweelingzwangerschappen met trisomie 21, 18 en 13 minder vaak voorkomen, was er slechts een beperkt aantal aangedane tweelingmonsters beschikbaar voor het klinische onderzoek. Om de prestaties van de VeriSeq NIPT Solution v2 voor tweelingzwangerschappen te schatten, werden er *in-silico* modellen gebaseerd op observaties van klinische monsters gebruikt om populaties tweelingzwangerschappen te simuleren. Deze simulatie was consistent met de beoogde gebruikspopulatie. De distributie van de foetale fractie werd bepaald aan de hand van ongeveer 4500 tweelingmonsters en vergeleken met de distributie van ongeveer 120.000 enkelvoudige monsters. De distributie van de foetale fractie afhankelijk van de aneuploïdiestatus werd bepaald aan de hand van vermoedelijke enkelvoudige bepalingen (1044 maal trisomie 21, 307 maal trisomie 18 en 192 maal trisomie 13). De aneuploïdiedetectie bij tweelingen kon worden afgeleid door het samenvoegen van de twee distributies. Er werden paren dizygotische en monozygotische tweelingen gesimuleerd en er werd een gewogen gemiddelde genomen ter representatie van de prevalentie in de beoogde gebruikspopulatie (2 dizygotisch; 1 monozygotisch) om de sensitiviteit in te schatten. Er werden sets niet-aangedane tweelingen gesimuleerd voor het inschatten van de specificiteit.

De fractie van ieder gesimuleerd monster met de trisomie (d.w.z. de aangedane fractie) werd voor iedere monstercategorie op een andere manier berekend:

- De aangedane fractie voor monozygotische tweelingen werd voor ieder monster ingesteld op 1,0, omdat de trisomie in deze situatie beide baby's beïnvloedt.
- Er werd voor dizygotische tweelingen vanuit gegaan dat slechts één baby werd beïnvloed (het is uiterst zeldzaam dat beide dizygotische baby's worden beïnvloed). Waarden voor de aangedane fractie werden gesimuleerd met behulp van de bekende distributie van de foetale fractieratio's die zijn bepaald aan de hand van klinische monsters van tweelingen met verschillende geslachten. Er werd gekozen voor een conservatieve aanpak waarbij er vanuit werd gegaan dat, van de twee baby's, de beïnvloede baby altijd de laagste foetale fractie had. Er werd een correctiefactor toegepast, omdat de foetale fractie in zwangerschappen met trisomie 13 en 18 over het algemeen lager is.
- De aangedane fractie voor ieder monster van niet-beïnvloede tweelingen werd ingesteld op nul.

Voor tweelingen met trisomie 18 of 13 was de foetale fractie die overeenkwam met de aangedane fractie van het monster verminderd. De afname was evenredig met de gemiddelde afname van de foetale fractie die in klinische gegevens werd waargenomen bij enkelvoudige zwangerschappen met trisomie 18 of 13 vergeleken met enkelvoudige euploïdiezwangerschappen.

Zowel de totale foetale fractie als de aangedane fractie van ieder gesimuleerd monster werden vervolgens gebruikt om een aneuploïdiescore te berekenen aan de hand van het standaard VeriSeq NIPT Solution v2-algoritme. De sensitiviteit werd berekend door te bepalen hoe vaak de aneuploïdiescores van de gesimuleerde aangedane tweelingen boven de overeenkomstige aneuploïdiegrenswaarde lagen. De specificiteit werd overeenkomstig berekend door te bepalen hoe vaak de aneuploïdiescores van de gesimuleerde niet-

aangedane tweelingen onder de overeenkomstige aneuploëdiegrenswaarde lagen (Tabel 18). Er werden betrouwbaarheidsintervallen van 95% geschat op basis van het aantal werkelijke klinische tweelingmonsters in de oorspronkelijke gegevensset, die werden geclassificeerd op basis van aanwezigheid of afwezigheid van de desbetreffende trisomie.

Om een schatting te maken van de chromosoom Y-sensitiviteit in tweelingmonsters, werden sets van XY/XY- en XX/XY-tweelingen gesimuleerd. Er werd een gewogen gemiddelde genomen dat hun prevalentie in de beoogde gebruikspopulatie vormt (1 XY/XY: 1 XX/XY). Voor een schatting van de chromosoom Y-specificiteit bij tweelingen werd een set van XX/XX-tweelingen gesimuleerd. De totale waarden van de foetale fractie werden gesimuleerd aan de hand van de bekende verdeling van de foetale fractie in klinische tweelingmonsters.

Voor XY/XY- en XX/XY-tweelingen werden de corresponderende chromosoom Y-scores geschat onder gebruikmaking van de bekende relatie tussen foetale fractie en chromosoom Y-scores in klinische monsters van enkelvoudige zwangerschappen die als mannelijk waren geclassificeerd. Alleen voor XX/XY-tweelingen werden de waarden van de aangedane (d.w.z. mannelijke) foetale fractie gesimuleerd onder gebruikmaking van de bekende verdeling van de verhoudingen van de foetale fractie tussen tweelingen van dezelfde zwangerschap, zoals bepaald met klinische monsters van tweelingen met verschillende geslachten. Er werd een conservatieve aanpak gevolgd waarbij de aangedane fractie zodanig werd gekozen dat deze correspondeerde met de kleinste van de twee tweelingen. Voor elk gesimuleerd XX/XY-monster werd de chromosoom Y-score vermenigvuldigd met de aangedane fractie.

Voor XX/XX-tweelingen werden de chromosoom Y-scores geselecteerd uit de scores die werden waargenomen in klinische monsters van enkelvoudige zwangerschappen die als vrouwelijk waren geclassificeerd. Vervolgens werd met behulp van het standaard VeriSeq NIPT Solution v2-algoritme op basis van de chromosoom Y-score en de totale foetale fractie elk gesimuleerd monster geclassificeerd als 'chromosoom Y aanwezig' of 'chromosoom Y afwezig'.

De sensitiviteit werd berekend door te bepalen hoe vaak de gesimuleerde XY/XY- of XX/XY-tweelingen correct werden geclassificeerd als 'chromosoom Y aanwezig'. De specificiteit werd berekend door te bepalen hoe vaak de gesimuleerde XX/XX-tweelingen correct werden geclassificeerd als 'chromosoom Y afwezig'. Er werden betrouwbaarheidsintervallen van 95% geschat op basis van het aantal werkelijke klinische tweelingmonsters in de oorspronkelijke gegevensset, die werden geclassificeerd als 'chromosoom Y aanwezig' of 'chromosoom Y afwezig'.

Tabel 18 Schattingen voor trisomie 21, 18 en 13 in een gesimuleerde populatie tweelingzwangerschappen

	Trisomie 21	Trisomie 18	Trisomie 13	Aanwezigheid van Y
Sensitiviteit	96,4%	95,7%	93,6%	> 99,9%
2-zijdig 95%-BI	(86,4%, 98,9%)	(68,3%, 99,4%)	(64,1%, 98,9%)	(99,9%, > 99,9%)
Specificiteit	99,9%	> 99,9%	> 99,9%	> 99,9%
2-zijdig 95%-BI	(99,8%, > 99,9%)	(99,9%, > 99,9%)	(99,9%, > 99,9%)	(99,7%, > 99,9%)

Tabel 18 vermeldt puntschattingen en geschatte 95%-betrouwbaarheidsintervallen voor de sensitiviteit en specificiteit van de VeriSeq NIPT Solution v2 met betrekking tot de detectie van trisomie 21, 18, 13 en de aanwezigheid van Y in een gesimuleerde populatie tweelingzwangerschappen die overeenkwamen met de beoogde gebruikspopulatie. Betrouwbaarheidsintervallen werden geschat op basis van het aantal tweelingmonsters dat de QC haalde en werd beïnvloed of niet werd beïnvloed door de desbetreffende trisomie. De sensitiviteitsberekening gaat ervan uit dat twee derde van de beïnvloede tweelingzwangerschappen dizygotisch met één beïnvloede baby zijn, terwijl een derde van de beïnvloede zwangerschappen monozygotisch met twee beïnvloede baby's zijn.

De schattingen in **Tabel 18** hebben alleen betrekking op tweelingzwangerschappen. De gegevens voor zwangerschappen met drie baby's of meer waren, omdat deze minder vaak voorkomen, onvoldoende om geschikte statistische modellen te bepalen voor het schatten van de nauwkeurigheid van de aneuploïdiedetectie.

Analytische prestaties

Precisie

Om de precisie van de assay te beoordelen en te kwantificeren, werden gegevens van twee eerdere onderzoeken van de VeriSeq NIPT Solution onderworpen aan een heranalyse met behulp van de analysepijplijnsoftware voor de VeriSeq NIPT Solution v2:

- Het reproduceerbaarheidsonderzoek met meerdere locaties dat bestond uit drie runs door drie operatoren op drie locaties met gebruikmaking van één partij reagens voor in totaal negen runs.
- Het intralaboratoriumprecisie-onderzoek dat bestond uit 12 runs op één locatie met gebruikmaking van twee ML STAR's, twee sequencinginstrumentensystemen en drie partijen sequencingreagens.

Het precisieonderzoek had tot doel de precisie van de assay met betrekking tot trisomie 21 (T21) en chromosoom Y te kwantificeren en de variabiliteit tussen verschillende instrumenten, bibliotheekvoorbereidingskits en partijen sequencingreagens te schatten. In de onderzoeken is de reproduceerbaarheid voor niet hierboven beschreven condities niet beoordeeld.

Door cfDNA, geëxtraheerd uit maternaal plasma van zwangere vrouwen (met een foetus met T21) te combineren met cfDNA, geëxtraheerd uit plasma van niet-zwangere vrouwen, werd een T21-pool met een foetale fractie van 5% gecreëerd. Daarnaast werd er een pool met maternaal-mannelijk cfDNA (XY-foetus) met een foetale fractie van 10% gecreëerd. Het monsterpanel voor elk onderzoek voor elke run omvatte 4 replicaten van de monsterpool met T21, met een foetale fractie van 5%, en 20 replicaten van de pool met maternaal-mannelijk cfDNA, met een foetale fractie van 10%. De testen vonden plaats gedurende een periode van tien dagen, met in totaal 21 runs voor de twee onderzoeken samen.

Voor de beoordeling werden T21 en de aanwezigheid van chromosoom Y gekozen, vanwege de representativiteit van klinische aandoeningen en de complexiteit van detectie van de anomalie. Als het kleinste menselijke autosoom heeft de grootte van chromosoom 21 een directe invloed op de gevoeligheid van de T21-detectie, vooral wanneer de foetale fracties laag zijn, zoals in dit onderzoek. Als chromosoom Y aanwezig is in maternaal plasma, is het uitsluitend van foetale oorsprong en is het daarom gemakkelijker detecteerbaar met de assay.

Uit de waargenomen gemiddelde deviatie en standaarddeviatie voor de LLR-score voor chromosoom 21 en de gestandaardiseerde chromosomale waarden (NCV) voor chromosoom Y bleek dat de standaarddeviatie (SD) van de replicaten de grootste bron van variabiliteit was. Variatie tussen locaties, instrumenten en reagenspartijen verhoogde de variabiliteit in insignificante mate, blijkt uit het verschil tussen totale SD en SD van replicaten in [Tabel 19](#) en [Tabel 20](#).

Tabel 19 Overzicht van standaarddeviatie (SD) sequencingrespons, meerdere locaties (reproduceerbaarheid)

Respons	N	Gemiddeld	SD replicaten	SD totale reproduceerbaarheid*
LLR-score chromosoom 21	36	34,43	11,36	11,36
NCV chromosoom Y	180	190,56	7,96	10,20

* Totaal omvat variabiliteit door locatie, operator, run, dag en replicaat.

Tabel 20 Overzicht van precisie sequencingrespons tussen laboratoria

Respons	N	Gemiddeld	SD replicaten	Totale SD, tussen laboratoria*
LLR-score chromosoom 21	48	36,01	9,07	10,25
NCV chromosoom Y	240	198,68	7,63	7,82

* Totaal omvat variabiliteit door sequencinginstrument, reagenspartij, operator, run, dag en replicaat.

Er werd een aanvullend onderzoek uitgevoerd om de sequencingprecisie van de VeriSeq NIPT Solution v2 (totale standaarddeviatie) met gebruikmaking van versie 2.0 van een stroomcel te vergelijken met die van versie 2.5. Het onderzoek omvatte twee typen stroomcellen (v2.0 en v2.5), drie sequencingkitpartijen, vier instrumentsystemen en twee sequencingruns per combinatie, met in totaal 48 runs op één locatie. Eén sequencingpool werd bereid met cfDNA-platen die handmatig waren voorbereid. Het monsterpanel omvatte 4 replicaten van de monsterpool met T21, met een foetale fractie van 5%, en 20 replicaten van de pool met maternaal-mannelijk cfDNA (XY-foetus), met een foetale fractie van 10%. De resultaten van het onderzoek worden weergegeven in [Tabel 21](#) en bevestigen dat stroomcel v2.0 en stroomcel v2.5 niet verschillen in sequencingprecisie.

Tabel 21 Overzicht van sequencingresponsprecisie stroomcel v2.0 versus stroomcel v2.5

Respons	Aantal waarnemingen per versie	Totale SD v2.0*	Totale SD v2.5*	Statistisch resultaat**
LLR-score chromosoom 21	96	9,56	8,44	Statistisch equivalent (p-waarde=0,25)
NCV chromosoom Y	480	7,74	7,38	Statistisch equivalent (p-waarde=0,38)

* Totaal omvat variabiliteit door sequencinginstrument, reagenspartij, run, dag, replicaat.

**Gebaseerd op F-test voor gelijkheid van varianties (standaarddeviaties in het kwadraat).

Kruisverontreiniging

In de VeriSeq NIPT Solution-monstervoorbereidingsworkflow is onderzocht of er sprake was van kruisverontreiniging. Er werden plasmapools van niet-zwangere vrouwen (XX) en volwassen mannen (XY) getest op 4 platen met elk 96 wells in een dambordpatroon. N=48 elk voor vrouwelijke en mannelijke monsters per plaat; in totaal 192 vrouwelijke en 192 mannelijke monsters. Geen van de vrouwelijke monsters vertoonde een Y-chromosoomdekking die statistisch gezien hoger was dan de geschatte achtergrond, hetgeen aantoont dat er geen sprake is van kruisverontreiniging van mannelijke monsters binnen dezelfde plaat. Er is geen detecteerbare kruisverontreiniging in de VeriSeq NIPT Solution waargenomen.

Mogelijk storende stoffen

De impact van mogelijk storende stoffen werd beoordeeld voor de VeriSeq NIPT Solution door beoordeling van de prestaties van de assay in aanwezigheid van dergelijke stoffen.

Albumine, bilirubine, hemoglobine en triglyceriden (endogeen) werden toegevoegd aan maternale plasmapools van niet-aangedane vrouwelijke (XX-foetus)zwangerschappen. Voor elke teststof werden ze in twee concentraties getest (n=16 voor elk). Er werd geen storing in de prestaties van de assay gezien.

Tabel 22 Mogelijk storende stoffen (endogeen)

Teststof	Lage testconcentratie (mg/ml)	Hoge testconcentratie (mg/ml)
Albumine	35	50
Bilirubine	0,01	0,15
Hemoglobine	100	200
Triglyceride	1,5	5

Ook van nature voorkomend maternaal genomisch DNA (gDNA) in het plasma kan de assayprestaties verstoren, omdat dit samen met het foetale cfDNA kan worden geëxtraheerd. Genomische DNA-waarden van 1,6, 3,3 en 4,9 ng per monster (overeenkomend met 1, 2 en 3 standaarddeviaties boven de gemiddelde verwachte gDNA-concentratie na 7 dagen volbloedopslag¹²) werden toegevoegd aan cfDNA, geëxtraheerd uit maternaal plasma van niet-aangedane vrouwelijke (XX-foetus)zwangerschappen. De monsters werden vervolgens getest in de VeriSeq NIPT Solution (n=16 voor elke concentratie). Er werd geen storing in de prestaties van de assay gezien in aanwezigheid van verhoogde concentraties gDNA.

Twintig mogelijk storende stoffen (exogeen) op basis van geneesmiddelen die vaak worden gebruikt of voorgeschreven tijdens een zwangerschap werden getest volgens EP7-A2 (Storingstest in klinische chemie; goedgekeurde richtlijnen-tweede editie). De 20 mogelijk storende stoffen werden gecombineerd in vier pools, toegevoegd aan maternaal plasma van niet-aangedane vrouwelijke (XX-foetus)zwangerschappen en getest in de VeriSeq NIPT Solution (N=16 voor elke pool). Er werd in aanwezigheid van deze exogene stoffen geen storing in de prestaties van de assay gezien.

Tabel 23 Mogelijk storende stoffen (exogeen)

Pool 1	Pool 2	Pool 3	Pool 4
Paracetamol	Difeenhydramine	Albuterol	Cetirizine
Acetylcysteïne	Erytromycine	Bupropion	Dextromethorfan
Bisoprolol	Guaifenesine	Cafeïne	L-ascorbinezuur
Citalopram	Heparine	Sertraline	Metoprolol
Desloratadine	Lidocaïne	Natriumfluoride	Nadolol

Detectielimiet

De detectielimiet (LOD) wordt gedefinieerd als de grootte van de foetale fractie waarbij de detectiekans van een te bestuderen aandoening, zoals T21, 95% is. Om de LOD van de VeriSeq NIPT Solution v2 voor diverse veel voorkomende aandoeningen te kunnen bepalen, werden onderzoeken en statistische analyses uitgevoerd.

De detectiekans van een te bestuderen aandoening in een aangedaan monster dat wordt verwerkt door de VeriSeq NIPT Solution v2 hangt hoofdzakelijk af van drie factoren:

- Foetale fractie
- Sequencingdiepte
- Grootte en complexiteit van de te bestuderen genoomregio

Uitgaande van een constante sequencingdiepte is een bepaalde aberratie gemakkelijker te detecteren in een monster met een hogere procentuele foetale fractie dan in een monster met een lagere procentuele foetale fractie. Omgekeerd is het zo dat, uitgaande van een constante foetale fractie, een bepaalde aberratie gemakkelijker te detecteren is in een monster met een hogere sequencingdiepte dan in een monster met een lagere sequencingdiepte. Ten slotte zijn aberraties in kleinere of complexere genoomregio's moeilijker te detecteren dan aberraties in grotere of minder complexe genoomregio's, uitgaande van een constante foetale fractie en sequencingdiepte.

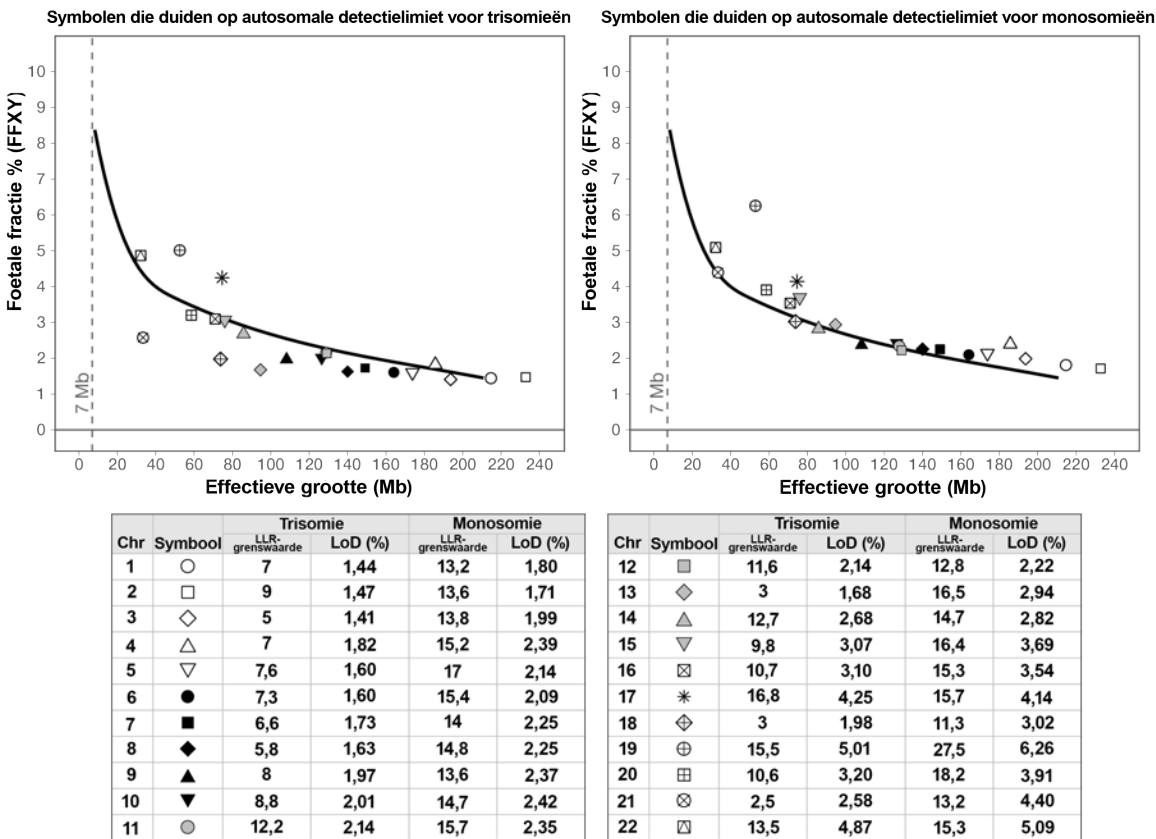
Om de LOD voor T21-detectie te bepalen, werden monsters geanalyseerd die bestonden uit mengsels van gepoolde T21-monsters en gepoolde niet-aangedane monsters. De twee typen analyten werden in een titratierreeks gemengd om zo een set van zeven foetale-fractiepercentages (0, 2, 3, 4, 5, 6 en 10%) te krijgen. Voor elk percentage waren er in totaal 10 replicaten.

Om de resolutie van het foetale-fractieraster voor de LOD-analyse verder te verhogen, werden de gegevens van dit onderzoek aangevuld met gegevens verkregen uit een in-silicoverdunning. De effecten van experimentele verdunning en titratie werden gesimuleerd door het gecontroleerd mengen van sequencinggegevens. De gegevens van deze in-silicotitratie bestreken een set van 14 foetale-fractiepercentages (1,25, 1,50, 1,75, 2,00, 2,25, 2,50, 2,75, 3,00, 3,25, 3,50, 3,75, 4,00, 4,25 en 4,50%), waarbij er voor elk percentage 32 replicaten waren. Met de resulterende gegevens werd een probit-analyse gedaan om de LOD voor T21 te bepalen.

Onafhankelijk daarvan werd op basis van foetale fractie, sequencingdiepte en genomgrootte/-complexiteit een statistisch model ontwikkeld om de detectiekans van een aberratie in een monster te voorspellen. Dit model werd opgesteld aan de hand van de gegevens van een set van 1405 XY-monsters. De met dit model voorspelde LOD voor T21 bleek in overeenstemming te zijn met de hierboven beschreven op probit gebaseerde schatting. Met dit statistische model werden LOD-waarden geschat voor aneuploidieën in alle autosomen en voor partiële deleties en duplicaties.

Afbeelding 2 toont de 95%-detectiekans voor gemiddelde regio's op basis van grootte en de autosomale detectielimieten voor alle trisomieën en alle monosomieën. CNV LLR-grenswaarde 15.1.

Afbeelding 2 95%-detectiekans voor gemiddelde regio's op basis van grootte voor de VeriSeq NIPT Solution v2



Problemen oplossen

Oplossen van problemen met de VeriSeq NIPT Solution v2

Foutmodus	Mogelijk resultaat	Interpretatie	Aanbevolen actie	Opmerkingen
Insufficient input plasma (Onvoldoende input plasma)	QC monster mislukt	Onvoldoende plasmavolume.	Neem een nieuw monster.	Gebaseerd op visuele inspectie van het plasmavolume.
Blood tube failure (Fout bloedbuisje)	Bloed wordt niet gescheiden in lagen	Het monster is niet gecentrifugeerd.	Controleer of de centrifuge is gestart en of het buisje met de juiste kracht is gecentrifugeerd. Neem een nieuw monster.	
		Onjuiste opslag of onjuist transport van het monster (hemolyse van monster).	Neem een nieuw monster.	Bevroren monsters scheiden niet. Onjuiste transport- of opslagomstandigheden kan hemolyse van monsters tot gevolg hebben.

Foutmodus	Mogelijk resultaat	Interpretatie	Aanbevolen actie	Opmerkingen
Sample clog or slow flow (Verstopping door monster of trage stroom)	Verontreiniging plasma	Individuele monsters kunnen de bindingsplaat doen verstoppem als er sprake is van aanzienlijke verontreiniging in het plasmamonster.	Inspecteer het monster. Als het resterende plasma in het buisje rood of melkachtig is, moet het monster worden geannuleerd en moet er een nieuw monster worden genomen. Als het monster er normaal uitziet, moet het monster opnieuw worden getest.	
	Overlopen van monster	Onvoldoende visuele inspectie van elk buisje op geschiktheid van het monster.	Verklaar alle monsters in de nabije wells die door het overlopen zijn aangetast, ongeldig.	Kan duiden op onjuist transport of onjuiste opslag van monsters voorafgaand aan de verwerking. Sluit ongeschikte monsters uit van verwerking.
	Hardwarestoring	Onvoldoende verwerking van het materiaal tijdens extractie.	Test het monster opnieuw. Als het probleem bij de wells ook met andere monsters blijft optreden, moet u contact opnemen met de technische ondersteuningsdienst van Illumina.	

Foutmodus	Mogelijk resultaat	Interpretatie	Aanbevolen actie	Opmerkingen
Individual Sample Analysis QC failure (QC individuele monsteranalyse mislukt)	QC sequencing mislukt	<p>Mogelijke oorzaken zijn:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Onvoldoende genetische input • Onjuiste overbrenging tijdens monsterhantering • Fout sequencingreagens 	Controleer de monsterannotatie. Controleer of de resultaten van eerdere monsters in de betreffende plaatpositie vergelijkbaar zijn. Test het monster opnieuw.	Duidt op onvoldoende monsterinput of op een onjuiste overbrenging op de ML STAR. Onvoldoende genetisch materiaal kan het resultaat zijn van onvoldoende celvrij DNA in het plasma of van celgebaseerd DNA met overmatige verdunning van het monster voor sequencing tot gevolg.
	Lage waarde voor FF of Non-Excluded Sites (NES, niet-uitgesloten locaties)	Onvoldoende gegevens gegenereerd voor een nauwkeurig rapport.	Test het monster afkomstig van plasma opnieuw.	

Foutmodus	Mogelijk resultaat	Interpretatie	Aanbevolen actie	Opmerkingen
Quantification QC failure (QC-kwantificering mislukt)	Mislukte kwantificeringsrun. Batchmediaan onder het minimum	Onvoldoende opbrengst procedure.	Herhaal de kwantificering. Als deze herhaalde test mislukt, moet u contact opnemen met de technische ondersteuningsdienst van Illumina.	Het niet voldoen aan de standaardcurve-metrieken duidt op problemen met het voorbereiden van de bibliotheek (d.w.z. ethanol dat niet geschikt is voor moleculaire biologie) of op problemen met het kwantificeringsproces.
	Mislukte kwantificeringsrun	Mislukte standaardcurve.	Herhaal de kwantificering. Als deze herhaalde test mislukt, moet u contact opnemen met de technische ondersteuningsdienst van Illumina.	
Pooling failure (Pooling mislukt)	Pooling monster niet voltooid	Poolinganalyse is niet in staat de juiste poolvolumes te berekenen.	Beoordeel de beoogde poolconcentratie opnieuw. Herhaal de poolinganalyse.	

Problemen met de VeriSeq NIPT Microlab STAR oplossen

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
Batchcreatie	EM0044	The Batch ID entered contains forbidden characters. (De ingevoerde batch-ID bevat verboden karakters.)	De VeriSeq NIPT Solution v2 accepteert alleen cijfers, letters, onderstrepingstekens en verbindingstreepjes voor alle gegevensvelden.	Geef de batch een andere naam zonder speciale karakters.
Batchcreatie	EM0051	The Batch ID is greater than 36 characters in length. (De batch-ID is langer dan 36 karakters.)	De VeriSeq NIPT Solution v2 beperkt de lengte van batchnamen tot 36 karakters of minder.	Geef de batch een andere naam met minder dan 36 karakters.
Batchcreatie	EM0076	Unable to connect to VeriSeq Onsite Server v2. (Kan geen verbinding maken met de VeriSeq Onsite Server v2.)	De VeriSeq Onsite Server v2 reageert niet op gegevensaanvragen van de Workflow Manager.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer of de ML STAR is verbonden met het netwerk; 2. Controleer of de VeriSeq Onsite Server v2 is ingeschakeld. 3. Controleer of de ML STAR verbinding kan maken met de VeriSeq Onsite Server v2 (via een ping-verzoek). 4. Neem contact op met de technische ondersteuningsdienst van Illumina als de voorgaande stappen het probleem niet oplossen.

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
Batchcreatie	EM0118	This batch has been failed and cannot be further processed. (Deze batch is mislukt en kan niet verder worden verwerkt.)	De gespecificeerde batch is al mislukt en kan niet verder worden verwerkt.	Uit het batchrecord op de VeriSeq Onsite Server v2 blijkt dat de geselecteerde batch is mislukt. Verdere verwerking is niet toegestaan. Maak een nieuwe batch met de vereiste monsters.
Batchcreatie	Niet van toepassing	This batch has already completed processing. Would you like to repool? (De verwerking van deze batch is al voltooid. Wilt u opnieuw poolen?)	Het poolen van de betreffende batch is voltooid. De enige toegestane verwerking is opnieuw poolen.	Pool als volgt opnieuw. <ul style="list-style-type: none"> • Selecteer Re-Pool (Opnieuw poolen). • Breek de methode af en controleer of de batchnaam correct is voordat u opnieuw gaat poolen.
Plasma-isolatie	WP0087	Duplicate sample barcodes loaded. (Duplicaat-monsterstreepjescodes geladen.)	Er zijn monsters met identieke streepjescodes op het systeem geladen.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Volg de prompts van de Workflow Manager om vast te stellen welke monsters duplicaten zijn. 2. Verwijder de duplicaten en relabel of vervang ze. 3. Laad de monsters opnieuw.
Plasma-isolatie	EP0102	Samples specified in the Sample Sheet were not loaded. (Monsters gespecificeerd in het monsterformulier zijn niet geladen.)	Er zijn monsters in het monsterformulier opgenomen die geen onderdeel zijn van de geladen streepjescodes.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Volg de prompts van de Workflow Manager om vast te stellen welke monsters ontbreken. 2. Voer een van de volgende opties uit: <ul style="list-style-type: none"> • Voeg de ontbrekende monsters toe aan de batch en herlaad de monsters. • Breek de methode af, pas het monsterformulier naar wens aan. Start de methode opnieuw.

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
Laden plaat	Niet van toepassing	Venus Barcode Mask Error (Fout Venus-streepjescodemasker)	De Workflow Manager past een correcte plaat-met-batch-associatie toe op basis van Venus-streepjescodemaskers.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer of de plaatsing van de plaat correct is. 2. Controleer of de geladen plaat de juiste plaat is voor de betreffende batch.
cfDNA-extractie	WE0150	Pressure in the vacuum chamber is too low. (Druk in de vacuümkamer is te laag.)	De Workflow Manager gaat niet verder als de gemeten rustdruk in de vacuümlijn <400 Torr is.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer op knikken of andere obstructies in de vacuümlijn. 2. Open de ontgrendelingsclips op de afvallijn, laat de druk ontsnappen en sluit dan de ontgrendelingsclips op de lijn weer volledig. 3. Controleer of de vacuümregelaar en de pomp zijn ingeschakeld. 4. Controleer de vacuümafvalfles. Als de afvalfles meer dan halfvol is, leeg de afvalfles dan. 5. Neem contact op met de technische ondersteuningsdienst van Illumina als het probleem blijft optreden.
cfDNA-extractie	WE0153	Pressure in the vacuum chamber is too high. (Druk in de vacuümkamer is te hoog.)	Als de gemeten vacuümdruk te hoog is voordat de drukregeling start, werkt het systeem mogelijk niet goed.	Controleer aan de achterzijde van de regelaar of alle vacuümaansluitingen en lijnen goed vastzitten.

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
cfDNA-extractie	WE0996	Vacuum failed to seal. (Afsluiten voor vacuüm mislukt.)	De afsluitingsstoring moet zijn verholpen alvorens verder te gaan.	<p>Controleer of de afsluitingsstoring is verholpen voordat u OK selecteert.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer of de bindingsplaat helemaal tegen het vacuümspruitstuk aan zit. Druk met een gehandschoende hand met kracht op de bindingsplaat. 2. Luister of u het vacuümgeluid hoort en water door de bindingsplaat ziet stromen. 3. Open de sporenweergave op de Workflow Manager. Wanneer de daadwerkelijke drukmeting ten minste 50 drukeenheden minder aangeeft dan de omgevingswaarde, selecteert u OK om verder te gaan met cfDNA-extractie. 4. Als de gewenste drukwaarde niet binnen de daarvoor bestemde tijd wordt bereikt, selecteert u OK om verder te gaan met de eerste lysaatlading. 5. Pauzeer de methode nadat het lysaat op de bindingsplaat is aangebracht. Plaats terug en druk met kracht op de bindingsplaat. 6. Als het lysaat niet door de plaat stroomt, neem dan contact op met de technische ondersteuningsdienst van Illumina.

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
cfDNA-extractie	WM0219	If Vacuum is on, manually reset the pump. (Als vacuüm ingeschakeld is, moet de pomp handmatig worden gereset.)	Het vacuüm kan ingeschakeld blijven nadat een methode tijdens extractie is afgebroken.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Druk op de aan-uittoets op de vacuümregelaar om het vacuüm af te sluiten. 2. Wacht 10 seconden en druk nogmaals op de aan-uittoets om het vacuüm weer in te schakelen.
cfDNA-extractie	EE0477	An error has occurred while moving a plate. (Er is een fout opgetreden tijdens het verplaatsen van een plaat.) (iSWAP fout)	Als er sprake is van een iSWAP-fout (plaat gevallen, niet kunnen oprapen, etc.), vraagt het systeem u de plaatverplaatsing handmatig uit te voeren.	<p>Controleer of de plaat kan worden hersteld (geen gemorst materiaal).</p> <ul style="list-style-type: none"> • Als de plaat niet kan worden hersteld, breekt u de run af. • Als de plaat kan worden hersteld, volg dan de getoonde instructies om de plaatverplaatsing handmatig uit te voeren.
cfDNA-extractie	EE0519	Scanned barcode does not match Binding Plate barcode on record. (De gescande streepjescode komt niet overeen met de geregistreerde streepjescode van de bindingsplaat.)	De geladen bindingsplaat komt niet overeen met de streepjescode van de verwijderde plaat.	Controleer of de geladen plaat overeenkomt met de geregistreerde streepjescode (raadpleeg het sporenlogboek voor de verwachte streepjescode).

Processtap	Foutcode	Foutmelding	Omschrijving	Oplossing door de gebruiker
API	EA0372	Unable to connect to the data server. (Kan geen verbinding maken met de gegevensserver.)	De VeriSeq Onsite Server v2 reageert niet op gegevensaanvragen van de Workflow Manager.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer of de ML STAR is verbonden met het netwerk. 2. Controleer of de VeriSeq Onsite Server v2 is ingeschakeld. 3. Controleer of de ML STAR verbinding kan maken met de VeriSeq Onsite Server v2 (via een ping-verzoek).
	EA0774	Connection Error. The API server connection failed to validate. (Verbindingsfout. De verbinding met de API-server kon niet worden gevalideerd.)	De VeriSeq Onsite Server v2 reageert niet meer op gegevensaanvragen van de Workflow Manager.	<p>Controleer of:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Controleer of de ML STAR is verbonden met het netwerk. 2. Controleer of de ML STAR verbinding kan maken met de VeriSeq Onsite Server v2 (via een ping-verzoek). 3. Controleer of de VeriSeq Onsite Server v2 is ingeschakeld.
	EA0780	403: Invalid Request. The current transaction is not valid. (Ongeldig verzoek. De huidige transactie is niet geldig.)	De verzonden gegevens zijn in strijd met de workflowlogica.	Raadpleeg de foutgegevens voor meer informatie. Veelvoorkomende oorzaken zijn invoeren die te lang zijn of die in strijd zijn met de lijst met toegestane karakters.

Referenties

1. Nagaoka S, Hassold T, Hunt P. Human aneuploidy: mechanisms and new insights into an age-old problem. *Nat Rev Genet.* 2012; 13(7): 493-504. doi: 10.1038/nrg3245.
2. Garnder RJ, Sutherland GR, Schaffer LG. *Chromosome Abnormalities and Genetic Counseling.* 4e editie. New York (NY): Oxford University Press; 2012.
3. Akolekar R, Beta J, Picciarelli G, Ogilvie C, D'Antonio F. Procedure-related risk of miscarriage following amniocentesis and chorionic villus sampling: a systematic review and meta-analysis. *Ultrasound Obstet Gynecol.* 2015 Jan;45(1):16-26. doi: 10.1002/uog.14636.
4. American College of Obstetricians and Gynecologists. Screening for fetal aneuploidy. Practice Bulletin nr. 163. *Obstet Gynecol.* 2016; 127 (5): e123-137.
5. Gil MM, Accurti V, Santacruz B, Plana MN, Nicolaides KH. Analysis of cell-free DNA in maternal blood in screening for fetal aneuploidies: updated meta-analysis. *Ultrasound Obstet Gynecol.* 2017 Apr 11. doi: 10.1002/uog.17484.
6. Bianchi D, Parker R, Wentworth J et al. DNA Sequencing versus Standard Prenatal Aneuploidy Screening. *N Engl J Med.* 2014; 370 (9): 799-808. doi:10.1056/nejmoa1311037.
7. Benn P, Borrell A, Chiu RW, et al. "Position statement from the Chromosome Abnormality Screening Committee on behalf of the Board of the International Society for Prenatal Diagnosis." *Prenat Diagn* 35 (2015): 725-34.
8. Gregg AR, Skotko BG, Benkendorf JL, et al. Noninvasive prenatal screening for fetal aneuploidy, 2016 update: a position statement of the American College of Medical Genetics and Genomics. *Genet Med.* 2016; doi: 10.1038/gim.2016.97.
9. Dondorp W, de Wert G, Bombard Y, et al. Non-invasive prenatal testing for aneuploidy and beyond: challenges of responsible innovation in prenatal screening. *Eur J Hum Genet.* 2015 Nov;23(11):1438-50.
10. Grati, et al. "Fetoplacental mosaicism: potential implications for false-positive and false-negative noninvasive prenatal screening results." *Genetics in Medicine* 16 (2014): 620-624.
11. Wellesley, et al. "Rare chromosome abnormalities, prevalence and prenatal diagnosis rates from population-based congenital anomaly registers in Europe." *European Journal of Human Genetics* 20 (2012): 521-526.
12. Norton S, Lechner J, Williams T, Fernando M et al. A Stabilizing Reagent Prevents Cell-free DNA Contamination by Cellular DNA in Plasma During Blood Sample Storage and Shipping as Determined by Digital PCR. *Clin. Biochem.* 2013; 46: 1561-1565. doi: 10.1016/j.clinbiochem.2013.06.002.
13. Bianchi D W, et al. "Genome-Wide Fetal Aneuploidy Detection by Maternal Plasma DNA Sequencing." *Obstet Gynecol* 119 (2012): 890-901.
14. Ehrich M, et al. "Genome-wide cfDNA screening: clinical laboratory experience with the first 10,000 cases." *Genet Med* 19 (2017): 1332-1337.
15. Fiorentino F, et al. "The clinical utility of genome-wide cfDNA screening." *Prenat Diagn* 37 (2017): 593-601.

16. Pertile, MD, et al. "Rare autosomal trisomies, revealed by maternal plasma DNA sequencing, suggest increased risk of feto-placental disease." *Sci Transl Med* 9 (2017): eaan1240.

Revisiegeschiedenis

Document	Datum	Omschrijving van wijziging
Documentnr. 1000000078751 v09	April 2024	<p>Verwijderd</p> <ul style="list-style-type: none"> • Verouderd onderdeelnr. 20030577. • Vereiste voor maximale buisjescapaciteit voor centrifuge bloedafnamebuisjes. <p>Toegevoegd</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nieuw onderdeelnr. 20101927 naar de VeriSeq Onsite Server v2. • Maateenheid voor de bloedafnamebuisjes van 10 ml. • Verduidelijking van de compatibele versies van SoftMax Pro. • Verduidelijking om te vermelden dat alleen compatibel plastic materiaal mag worden gebruikt om de onderlinge uitwisselbaarheid met de VeriSeq NIPT Microlab STAR te garanderen. • Opmerking met betrekking tot de waarschuwing voor vermenging/verontreiniging van het monster in de paragraaf Interpretatie van resultaten. • Waarschuwingmelding om volbloedmonsters die zijn verzameld in Streck Celvrij DNA BCT niet in te vriezen. • Waarschuwingmelding om blootstelling van het monster aan hoge temperaturen te vermijden. • Verduidelijking met betrekking tot assaybeperkingen en reproduceerbaarheidsvoorwaarden. • Verduidelijking voor CNV LLR-grenswaarde op afbeelding 2 in de paragraaf Detectielimieten. <p>Bijgewerkt</p> <ul style="list-style-type: none"> • Referentie compatibel reagensbakje van Roche Reagent Tub naar Illumina Reagent Tub en nieuw onderdeelnummer toegevoegd. • Thermo Fisher Multifuge X4 Pro-MD catalogusonderdeelnummer naar # 75016034. • Waarschuwingmelding dat inconsistente wellvolumes ertoe kunnen leiden dat monsters niet slagen voor de automatische QC. • Verwijzing naar bijsluiters van instrumenten.

Document	Datum	Omschrijving van wijziging
Documentnr. 1000000078751 v08	Augustus 2022	Het onderdeelnummer van de workflow is bijgewerkt De instructie verwijderd om te pipetteren om te mengen als de bibliotheekplaat bevroren was.
Documentnr. 1000000078751 v07	Mei 2022	<p>Beperkingen van de procedure in VeriSeq NIPT Solution v2-rapportage gesplitst en de eerste twee opsommingstekens opgenomen. Resterende tekst in een nieuwe kop Beperkingen van het assay.</p> <p>Verwijderd</p> <ul style="list-style-type: none"> • VeriSeq van alle reagentialabels. • Breng een plaatstreepjescode aan op de VeriSeq NIPT-adapterplaat bij het voorbereiden van bibliotheken. <p>Toegevoegd</p> <ul style="list-style-type: none"> • Het woord gecertificeerd voor DNase/RNase-vrij water. • Eén van de volgende microplaatlezers, of gelijkwaardig en SpectraMax M2, M3, M4, M5, en opmerking. • Naar de paragraaf VeriSeq NIPT Microlab STAR om uit te leggen wat er moet worden gedaan als er een fout optreedt. • Een opmerking om wells visueel te inspecteren. • Instructies voor batches van 24 en 48 monsters in protocolsecties. • Stappen voor wanneer u de paarse adapterplaat of een gelijkwaardig product moet gebruiken. • Tekst in de paragraaf Demografische gegevens en kenmerken zwangerschap om de resultaten van het eerste trimester van de zwangerschap op te nemen. • Een opsommingsteken voor de specificaties van de plaat met diepe monsterwells om torsiebestendig te includeren. <p>Bijgewerkt</p>
		<ul style="list-style-type: none"> • Tekst voor unieke batchnamen voor de duidelijkheid en een bijgevoegd voorbeeld. • Symbolen en opmaak voor opmerkingen, voorzorgsmaatregelen en waarschuwingen. • Onderliggende opsommingstekens resultaten van de test. • Guanidiniethiocynaat naar guanidinehydrochloride. • CVS naar BVS (Basic Vacuum System) • Tekst voor het gebruik van de genoombrede screening en de LLR-score. • Specificaties: Specificaties reagensbakjes, platen met diepe monsterwells, platen met 384 wells, platen met 96 wells

Document	Datum	Omschrijving van wijziging
Documentnr. 1000000078751 v06	Augustus 2021	Adres gemachtigd vertegenwoordiger voor de EU bijgewerkt.
Documentnr. 1000000078751 v05	December 2020	<p>De paragrafen Principes van de procedure, Waarschuwingen en voorzorgsmaatregelen en Productlabeling zijn bijgewerkt met aanvullende verduidelijkingen in reactie op verzoeken in verband met regelgeving.</p> <p>Kleine aanpassingen aan de inhoud van het protocol om deze in overeenstemming te brengen met de huidige stijl en organisatie van Illumina.</p> <p>In de paragraaf Precisie van Analytische prestaties is de beschrijving van chromosoom 21 als "op één na kleinste menselijke autosoom" gecorrigeerd en luidt deze nu "kleinste menselijk autosoom".</p> <p>Aan de paragrafen Plasma isoleren, Voorbereiden en Interpretatie van de resultaten zijn voorzorgsmaatregelen toegevoegd in verband met onjuist gebruik van reservoirs en risico's van vermenging van monsters.</p> <p>Nieuwe server- en softwareonderdeelnummers zijn toegevoegd in verband met de uitgifte van nieuwe servermodel- en softwareonderdeelnummers.</p> <p>Er zijn aan het protocol voorzorgsmaatregelen toegevoegd, en informatie over het oplossen van problemen in verband met het overlopen van monsterwells en het voorkomen daarvan.</p> <p>De werkzame bestanddelen in de DNA kwantificeringsnorm van het reagens in de accessoiredoos zijn aangepast aan het veiligheidsinformatieblad.</p> <p>De naamgevingsconventies van de Local Run Manager VeriSeq NIPT module zijn bijgewerkt voor consistentie met andere documentatie.</p> <p>Revisiegeschiedenis toegevoegd.</p>
Documentnr. 1000000078751 v04	Oktober 2020	Kleine correcties.
Documentnr. 1000000078751 v03	September 2020	De materiaallijst is bijgewerkt met de specificaties van de laboratoriumbenodigdheden, samen met bekende compatibele opties.

Document	Datum	Omschrijving van wijziging
Documentnr. 1000000078751 v02	Februari 2020	<p>De presentatie van informatie over klinische prestaties is bijgewerkt om duidelijker te maken wat de verschillen zijn tussen basale en genoombrede screening.</p> <p>Aan de paragraaf Verschillen in prestaties tussen de basale en genoombrede screening zijn nieuwe verschillen toegevoegd.</p> <p>Uit de paragraaf Principes van de procedure is tegenstrijdige informatie over de optie van het aanvullende rapport verwijderd.</p> <p>De naamgevingsconventie van de VeriSeq NIPT Workflow Manager v2-software is om stylistische consistentie in het hele document bijgewerkt.</p> <p>De adreslabels van Illumina Australië en Illumina Nederland zijn bijgewerkt in verband met recente wijzigingen.</p>
Documentnr. 1000000078751 v01	Augustus 2019	Dubbele stap in Extraheren cfDNA is verwijderd. De oorzaak hiervan was een fout in de publicatiesoftware.
Documentnr. 1000000078751 v00	Mei 2019	Eerste uitgave.

Octrooien en handelsmerken

Dit document en de inhoud ervan zijn eigendom van Illumina, Inc. en haar dochterondernemingen ('Illumina'), en zijn alleen bedoeld voor contractueel gebruik door haar klanten in verband met het gebruik van de hierin beschreven producten en voor geen enkel ander doel. Dit document en de inhoud ervan mogen niet worden gebruikt of gedistribueerd voor welk ander doel dan ook en/of op een andere manier worden gecommuniceerd, geopenbaard of gereproduceerd zonder de voorafgaande schriftelijke toestemming van Illumina. Illumina geeft door middel van dit document geen licenties onder haar patent, handelsmerk, auteursrecht of gewoonterechten noch soortgelijke rechten van derden door.

De instructies in dit document moeten strikt en uitdrukkelijk worden opgevolgd door gekwalificeerd en voldoende opgeleid personeel om een correct en veilig gebruik van de hierin beschreven producten te waarborgen. Alle inhoud van dit document moet volledig worden gelezen en begrepen voordat dergelijke producten worden gebruikt.

HET NIET VOLLEDIG LEZEN EN UITDRUKKELIJK OPVOLGEN VAN ALLE INSTRUCTIES IN DIT DOCUMENT KAN RESULTEREN IN SCHADE AAN DE PRODUCTEN, LETSEL AAN PERSONEN (INCLUSIEF GEBRUIKERS OF ANDEREN) EN SCHADE AAN ANDERE EIGENDOMMEN. BIJ HET NIET VOLLEDIG LEZEN EN UITDRUKKELIJK OPVOLGEN VAN ALLE INSTRUCTIES IN DIT DOCUMENT VERVALLEN ALLE GARANTIES DIE VAN TOEPASSING ZIJN OP HET PRODUCT.

ILLUMINA IS OP GEEN ENKELE MANIER AANSPRAKELIJK VOOR GEVOLGEN VAN EEN ONJUIST GEBRUIK VAN DE PRODUCTEN DIE HIERIN WORDEN BESCHREVEN (INCLUSIEF DELEN DAARVAN OF SOFTWARE).

© 2024 Illumina, Inc. Alle rechten voorbehouden.

Alle handelsmerken zijn het eigendom van Illumina, Inc. of hun respectievelijke eigenaren. Ga naar www.illumina.com/company/legal.html voor meer informatie over specifieke handelsmerken.

Contactgegevens



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, Californië 92122 VS
+1 800 809 ILMN (4566)
+1 858 202 4566 (buiten Noord-Amerika)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com



Australische sponsor
Illumina Australia Pty Ltd
Nursing Association Building
Level 3, 535 Elizabeth Street
Melbourne, VIC 3000
Australië

Productlabeling

Raadpleeg voor een volledige uitleg van symbolen die op de verpakkingen en labels van de producten staan, de symbolenlijst voor uw kit op support.illumina.com op het tabblad *Documentation* (Documentatie).

Een samenvatting van veiligheid en prestaties (SSP, Summary of Safety and Performance) is te vinden op <https://ec.europa.eu/tools/eudamed>. Start daarvoor de Europese database voor medische hulpmiddelen (Eudamed, European Database on Medical Devices). Deze is gekoppeld aan de Basic UDI-DI (0081627002NIPTRP).