

RNA- Sequenzierungs- lösung für NextSeq™ 1000 und NextSeq 2000

Kostengünstiger, integrierter
Workflow für die Analyse von
Genexpression und Transkriptom

- Innovatives Bibliotheksvorbereitungsportfolio für die transkriptomweite Analyse mit Flexibilität bei Proben und Zugabe
- Skalierbarer Sequenzierungsdurchsatz für eine breite Palette an RNA-Seq-Anwendungen
- Integrierte DRAGEN-Sekundäranalyse für optimale Workflow-Effizienz

illumina®

Einleitung

Die Lösung für die RNA-Sequenzierung (RNA-Seq) für das NextSeq 1000 und das NextSeq 2000 liefert eine klare, vollständige Sicht auf das Transkriptom und macht es damit zugänglicher als je zuvor. Die Lösung bietet dank branchenführender NGS-Technologie (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) von Illumina, optimierter XLEAP-SBS™-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese), einem breiten Portfolio an Bibliotheksvorbereitungslösungen sowie Datenanalysetools optimierte und effiziente Workflows (Abbildung 1). Die Flexibilität und Skalierbarkeit des NextSeq 1000 Sequencing System und des NextSeq 2000 Sequencing System (Abbildung 2) ermöglicht Anwendern die effiziente Verarbeitung einer Reihe von Probenvolumina, was für ein optimales Verhältnis zwischen Read-Budget und Probendurchsatz sorgt. Die RNA-Seq-Lösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 eignet sich für zahlreiche RNA-Anwendungen, vom grundlegenden Genexpressions-Profiling bis hin zu komplexen Transkriptom-Analysen.

Vorteile der RNA-Seq

Die RNA-Seq hat sich schnell als wichtigstes Verfahren für das Transkriptom-Profiling mit hohem Durchsatz etabliert.^{1,2} Die RNA-Seq liefert eine detaillierte Momentaufnahme des Transkriptoms und bietet gegenüber quantitativer PCR zahlreiche Vorteile, darunter:

- Hypothesenfreies Versuchsdesign ohne vorherige Kenntnis des Transkriptoms
- Erkennungsleistung in Bezug auf bekannte und neue Transkripte
- Hochdurchsatzkapazität zur Quantifizierung Hunderttausender Regionen in jedem Assay
- Breiter Dynamikbereich zur genaueren Messung der Genexpression
- Mehr Daten pro Assay zur Bereitstellung vollständiger Sequenz- und Varianteninformationen



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



Abbildung 1: RNA-Seq-Workflow auf dem NextSeq 1000 und dem NextSeq 2000: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System sind Teil eines einfachen, integrierten NGS-Workflows, der hochpräzise RNA-Sequenzierungsdaten liefert. Die Zeiten variieren je nach Versuch und Assay-Typ.

Integrierter NGS-Workflow

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System unterstützen eine hohe Bandbreite an Lösungen für die Bibliotheksvorbereitung, die sich für eine Vielzahl unterschiedlicher Transkriptom-Studien eignen. Es stehen verschiedene Bibliotheksvorbereitungskits zur Auswahl. So lässt sich das für den jeweiligen Versuch passende verwenden und zugleich können häufige Herausforderungen bewältigt werden. Zu diesen gehören beispielsweise die unzureichende Qualität der Ausgangs-RNA oder die begrenzte Verfügbarkeit von Proben.

Fortschrittliche Illumina-RNA-Bibliotheksvorbereitung

Illumina bietet zuverlässige und bewährte Lösungen für die RNA-Bibliotheksvorbereitung, die auf der umfassenden Erfahrung im Bereich RNA-Seq basieren. Die fortschrittlichen RNA-Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina liefern dank eines optimierten Workflows innerhalb einer normalen Arbeitsschicht die für die Forschung benötigten hochwertigen Daten. Illumina bietet drei RNA-Bibliotheksvorbereitungskits (Tabelle 1):

- **Illumina Stranded Total RNA Prep** ermöglicht die Transkriptom-Analyse mit Ribo-Zero™ Plus, wobei codierende und unterschiedliche Formen von nicht codierender RNA erfasst werden, um ein umfassendes Bild der Biologie zu liefern. Illumina Stranded Total RNA Prep bietet selbst bei der Verarbeitung qualitativ minderwertiger FFPE-Proben (formalinfixiert, in Paraffin eingebettet) eine zuverlässige Leistung.
- Bei **Illumina Stranded mRNA Prep** handelt es sich um eine kostengünstige Lösung für die Analyse codierender RNA. Illumina Stranded mRNA Prep eignet sich für beliebige Eukaryoten-RNA aus hochwertigen Proben.*
- **Illumina RNA Prep with Enrichment** macht die BLT-Technologie (Bead-Linked Transposome, beadgebundenes Transposom) für die RNA-Seq verfügbar und zeichnet sich durch einen schnellen eintägigen RNA-Anreicherungsworkflow mit minimalem manuellen Aufwand (< 2 Stunden) aus. Bei der Sequenzierung auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System liefern die generierten nicht stranggebundenen RNA-Daten wertvolle Erkenntnisse über eine große Anzahl von Genompositionen.

* RNA-Integritätsnummer (RIN) > 8. Für Proben von geringerer Qualität oder FFPE-Proben sollte Illumina RNA Prep with Enrichment oder Illumina Stranded Total RNA Prep verwendet werden.

Tabelle 1: Illumina-RNA-Bibliotheksvorbereitungskits

	Illumina Stranded Total RNA Prep	Illumina Stranded mRNA Prep	Illumina RNA Prep with Enrichment
Methode	Ligation mit Ribo-Zero Plus ^a	Ligation	(L)-Tagmentierung
Erkennung	Codierendes und nicht codierendes Transkriptom	Codierendes Transkriptom mit PolyA-Schwanz	Gezielte codierende Regionen ^b
Geeignet für FFPE	Ja	Nein	Ja
Zugabe	1–1.000 ng ^c	25–1.000 ng	10 ng (nicht FFPE) 20 ng (FFPE)
Assay-Zeit insgesamt ^d	7 h	< 7 h	< 9 h
Manueller Aufwand ^d	< 3 h	< 3 h	< 2 h
Für die Automatisierung geeignet	Ja	Ja	Ja

a. Das enthaltene Ribo-Zero Plus entfernt überflüssige RNA aus mehreren Spezies, beispielsweise aus Human-, Maus-, Ratten-, Bakterien- und Epidemiologieproben.
 b. Nur für Humanproben. Getestet mit Illumina Exome Panel und Respiratory Oligos Panel v2. Illumina RNA Prep with Enrichment liefert keine Strangdaten.
 c. Minimale Zugabe hochwertiger RNA dargestellt. Für optimale Qualität wird ein Minimum von 10 ng empfohlen sowie FFPE für Illumina Stranded Total RNA Prep.
 d. Manueller Aufwand und Gesamtzeit basierend auf der manuellen Verarbeitung von bis zu 24 Proben für Illumina Stranded Total RNA- und Illumina Stranded mRNA-Workflows und 1 Probe beim Anreicherungsworkflow.

Für BaseSpace™ Clarity LIMS-Anwender stehen vorgefertigte Protokolle für Illumina Stranded mRNA Prep, Illumina Stranded Total RNA Prep und Illumina RNA Prep with Enrichment für den Einsatz auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System zur Verfügung.

NextSeq 1000 System und NextSeq 2000 System

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich bei Transkriptom-Analysen aller Art durch Flexibilität und Skalierbarkeit aus. Dank der vier verfügbaren Fließzelltypen lässt sich bei Forschungsanwendungen ein optimales Verhältnis von Probenanzahl und Reads pro Probe erzielen (Tabelle 2). Zum Beispiel kann Genexpressions-Profilung (Messung der Häufigkeit bekannter Merkmale auf Ebene des Gens) effizient mit hohem Durchsatz mit bis zu 170 Proben† in einem einzigen Lauf durchgeführt werden. Die Analyse des gesamten Transkriptoms ermöglicht die Ermittlung neuer Merkmale durch die Untersuchung von codierender und nicht codierender RNA bei bis zu 34 Proben pro Lauf. Außerdem lässt sich codierende RNA bei bis zu 68 Proben pro Lauf analysieren (Tabelle 2, Tabelle 3). Illumina empfiehlt, die Primärliteratur für das jeweilige Feld und zum jeweiligen Organismus zu konsultieren. Diese enthält aktuelle Angaben zum Versuchsdesign und zur Sequenzierungstiefe.

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch anwendungsübergreifende Flexibilität aus und ermöglichen den einfachen Wechsel zwischen Sequenzierungsprojekten. Die Systeme eignen sich für eine Reihe von Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina und Drittanbietern und ermöglichen einen einfachen Wechsel zwischen Bulk-RNA-Seq, Einzelzell-RNA-Seq, Transkriptom-Sequenzierung, Exomsequenzierung und anderen Anwendungen. So lassen sich auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System beispielsweise RNA-Seq und Exomsequenzierung koppeln, um zu beurteilen, ob codierende Varianten die Transkriptexpression beeinflussen. Die ATAC-Seq‡ zur Analyse der Chromatin-Zugänglichkeit und die genauere Bestimmung der funktionellen Regulation sind ebenfalls möglich.

Mehr Erkenntnisse mit XLEAP-SBS-Chemie

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System ermöglichen Forschungsstudien mit größerer Read-Tiefe, was für genauere Fold-Change-Schätzungen und hohe Sensitivität beim Nachweis von Genen, Transkripten und der Differenzialexpression sorgt. Beim NextSeq 1000 System und beim NextSeq 2000 System kommt XLEAP-SBS-Chemie zum Einsatz, die bislang schnellste, hochwertigste und robusteste SBS-Chemie von Illumina.

† Beim Expressions-Profilung wird von 10 Mio. Reads pro Probe ausgegangen.

‡ ATAC-Seq, Assay for Transposase Accessible Chromatin with Sequencing (Assay für transposasenzugängliches Chromatin mit Sequenzierung).

Tabelle 2: Illumina RNA-Seq-Lösungen und Probendurchsatz pro Fließzelle

Methode	Messung	Typische Read-Paare pro Probe ^a	Bibliotheksvorbereitung	Anzahl der Proben pro Fließzelle je Lauf						
				NextSeq 1000 und NextSeq 2000				NovaSeq X Series ^d		
				P1	P2	P3 ^c	P4 ^c	1.5B	10B	25B
Genexpressions-quantifizierung	Häufigkeit auf Genebene bei bekannten Merkmalen	10 Mio.	Illumina Stranded mRNA Prep ^b	10	40	120	170	150	ca. 1.000 ^e	ca. 2.500 ^e
mRNA-Seq	Häufigkeit und Erkennung codierender RNA	25 Mio.	Illumina RNA Prep with Enrichment	4	16	48	68	ca. 60	ca. 400 ^e	ca. 1.000 ^e
Gesamt-RNA-Seq	Häufigkeit und Erkennung von codierender und nicht codierender RNA	50 Mio.	Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus	2	8	24	34	ca. 30	ca. 200	ca. 520 ^e

a. Die empfohlenen Read-Längen sind 2 × 75 bp bei Illumina Stranded Total RNA Prep und Illumina Stranded mRNA Prep sowie 2 × 100 bp bei Illumina RNA Prep with Enrichment.
 b. Illumina Stranded mRNA Prep ist nicht für FFPE-Proben geeignet. Für Proben von geringer Qualität oder FFPE-Proben wird Illumina RNA Prep with Enrichment oder Illumina Stranded Total RNA Prep empfohlen.
 c. P3- und P4-Reagenzien sind nur für das NextSeq 2000 System erhältlich.
 d. Das NovaSeq X Plus System ist für Läufe mit einer oder zwei Fließzellen geeignet. Das NovaSeq X System ist für Läufe mit einer Fließzelle geeignet.
 e. Es sind max. 384 eindeutige doppelte Indizes verfügbar. Bei der NovaSeq X Series ermöglicht das unabhängige Laden von Lanes das Multiplexing von mehr Proben.

Tabelle 3: NextSeq 1000- und NextSeq 2000-Leistungsparameter für die RNA-Seq

Fließzelle	Single-End-Reads ^a	Read-Länge	Ausgabe ^a	Laufzeit ^b	Datenqualität ^c	Erforderliche Zugabe
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagents ^d	100 Mio.	2 × 150 bp	30 Gb	17 h		
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagents ^d	400 Mio.	2 × 100 bp	80 Gb	19 h	≥ 85 % der Basen über Q30	10 ng–1 µg mit Illumina RNA Prep
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagents ^{d,e}	1,2 Mrd.	2 × 100 bp	240 Gb	31 h		
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagents ^e	1,7 Mrd.	2 × 100 bp	330 Gb	34 h		

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

XLEAP-SBS-Reagenzien ermöglichen die höchste Read-Ausgabe und den günstigsten Preis pro Read aller Illumina-Tischsequenziersysteme. Die Reduzierung der Kosten pro Million Reads und die zusätzliche Sequenzierungskapazität bieten folgende Vorteile:

- Mehr Reads pro Probe zur Erfassung von Daten über Transkripte mit geringerer Häufigkeit
- Mehr Proben für ein robusteres Versuchsdesign innerhalb eines bestimmten Forschungsbudgets
- Höherer Erkenntnisgewinn dank umfassenderer Methoden zur Erfassung komplexerer Facetten der RNA-Landschaft

Anhand der unterschiedlichen Fließzellenkonfigurationen des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System (Tabelle 3) lassen sich Studiendesigns basierend auf der Probenanzahl und den Ausgabeanforderungen optimieren. Beispielsweise können dank der zusätzlichen Sequenzierungskapazität der NextSeq 2000-P4-Fließzelle entsprechend unterfütterte Studien einfacher und wirtschaftlicher gestaltet und die RNA-Seq als molekulares Standardtool in das entsprechende Repertoire jedes Labors aufgenommen werden. Ist ein höherer Probendurchsatz erforderlich, können mit der NovaSeq™ X Series (Tabelle 2) Studien mit Hunderten von Proben durchgeführt werden.

Vorteile der Paired-End-Sequenzierung

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System eignen sich für die Single-Read- und die Paired-End-Sequenzierung in Forschungsanwendungen. Bei der Single-Read-Sequenzierung handelt es sich um ein kostengünstiges Verfahren für das Genexpressions-

Profiling. Jedoch liefert nur die Paired-End-RNA-Seq Strangdaten und bietet zudem wichtige Vorteile. Daten zur Read-Tiefe von beiden Enden eines Inserts ermöglichen die effektive Unterscheidung von Transkript-Isomeren, was eine genauere Bestimmung und Quantifizierung der Häufigkeit auf Ebene des Transkripts ermöglicht. Paired-End-Daten verbessern die Sensitivität beim Nachweis von Genfusionen und Insertions-/Deletionsvarianten (Indels) deutlich.

Unkomplizierte Analyselösungen von Illumina

Sekundäranalyse mit DRAGEN™

Die Analyse der RNA-Seq-Daten kann mithilfe der Illumina DRAGEN-Sekundäranalysetools durchgeführt werden, einer Reihe genauer, umfassender und effizienter Datenanalyse-Pipelines.[§] Im Rahmen der Illumina DRAGEN RNA-Pipeline erfolgen das RNA-Alignment anhand eines Referenzgenoms, das Varianten-Calling und die Genquantifizierung sowie die Bestimmung von Spleißverbindungen und Kandidatengenfusionen mit hoher Genauigkeit (Abbildung 3). Die Konfiguration der DRAGEN RNA-Pipeline kann über Illumina Connected Analytics oder BaseSpace Sequence Hub gemeinsam mit der Laufkonfiguration für die Analyse in der Cloud oder als Workflow auf dem Gerät erfolgen, der mit der integrierten DRAGEN-Hardware des NextSeq 1000 oder des NextSeq 2000 durchgeführt wird.

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

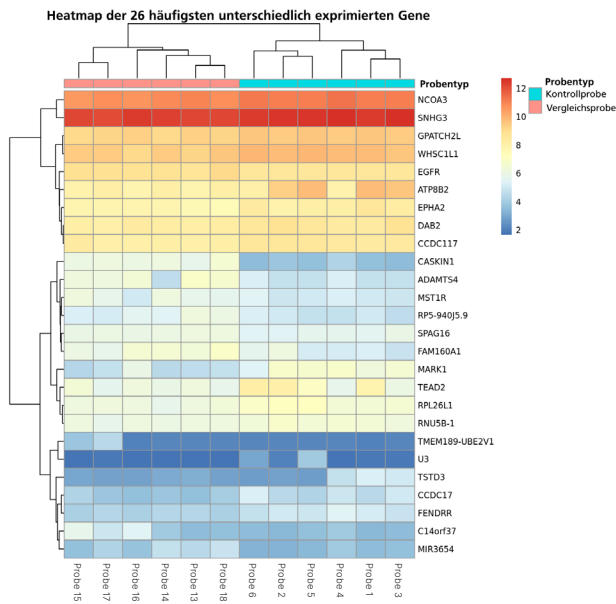


Abbildung 3: DRAGEN RNA-Pipeline: Beispielscreenshot einer Heatmap für die Differenzialexpression mit der DRAGEN RNA-Pipeline, die im NextSeq 1000 System und im NextSeq 2000 System oder in der Cloud mit BaseSpace Sequence Hub oder Illumina Connected Analytics verfügbar ist.

Die DRAGEN RNA-Pipeline stellt auf einer intuitiven Benutzeroberfläche hochwertige Daten bereit. Einfach zu befolgende Anweisungen führen die Anwender durch den gesamten Prozess: von der Auswahl der Dateien, die vom Sequenzierer generiert wurden, bis zum Anzeigen der analysierten Daten und der Ergebnisse. Die Ausgabe aus der DRAGEN RNA-Pipeline kann von einer breiten Palette von Tools für die nachgeschaltete Analyse unmittelbar verarbeitet werden. Neben der DRAGEN-Plattform bieten Illumina Connected Analytics und BaseSpace Sequence Hub Tools für die Visualisierung, Analyse und Freigabe.

Umfassender technischer Support von Illumina

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

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

Zusammenfassung

Die RNA-Seq-Lösung für NextSeq 1000 und NextSeq 2000 zeichnet sich durch einen optimierten Workflow von der RNA bis zu den Ergebnissen aus, der die Leistung, Geschwindigkeit und Flexibilität des NextSeq 1000 Sequencing System und des NextSeq 2000 Sequencing System mit einem fortschrittlichen RNA-Bibliotheksvorbereitungsportfolio und anwenderfreundlichen RNA-Seq-Softwareanwendungen kombiniert. Vier Fließzellentypen sorgen bei RNA-Seq-Projekten aller Art für Kosteneffizienz, vom Genexpressions-Profilung bis zur Untersuchung des Transkriptoms.

Weitere Informationen

[RNA-Sequenzierung](#)

[Illumina-RNA-Bibliotheksvorbereitung](#)

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

[DRAGEN-Sekundäranalyse](#)

[Demodaten in BaseSpace Sequence Hub](#)

Quellen

- Geraci F, Saha I, Bianchini M. [Editorial: RNA-Seq Analysis: Methods, Applications and Challenges](#). *Front Genet.* 2020;11:220. doi:10.3389/fgene.2020.00220
- Corchete LA, Rojas EA, Alonso-López D, De Las Rivas J, Gutiérrez NC, Burguillo FJ. [Systematic comparison and assessment of RNA-seq procedures for gene expression quantitative analysis](#). *Sci Rep.* 2020;10(1):19737. doi:10.1038/s41598-020-76881-x

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a, b}	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a, b}	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^{a, b}	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a, b}	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^{a, b}	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a, b}	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^{a, b}	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a, b}	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^{a, b}	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a, b}	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859
Illumina Stranded Total RNA Prep, Ligation with Ribo-Zero Plus (16 samples)	20040525
Illumina Stranded Total RNA Prep, Ligation with Ribo-Zero Plus (96 samples)	20040529
Illumina Stranded mRNA Prep, Ligation (16 samples)	20040532
Illumina Stranded mRNA Prep, Ligation (96 samples)	20040534
Illumina RNA Prep with Enrichment, (L) Tagmentation (16 samples)	20040536
Illumina RNA Prep with Enrichment, (L) Tagmentation (96 samples)	20040537
Illumina Exome Panel	20020183
Illumina RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091655
Illumina RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091657
Illumina RNA UD Indexes Set C, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091659
Illumina RNA UD Indexes Set D, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091661
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^c	20091660

- a. XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits für die Geräte NextSeq 1000 und NextSeq 2000 werden bei der gleichen Temperatur versandt und gelagert wie standardmäßige SBS-Reagenzien-Kits.
- b. XLEAP-SBS-Reagenzien für P1-, P2- und P3-Fließzellen sind ab dem 2. Quartal 2024 erhältlich.
- c. Ligationsindizes sind kompatibel mit Vorbereitungskits für Gesamt- und mRNA. Tagmentierungsindizes sind kompatibel mit Vorbereitungskits für die DNA- und RNA-Anreicherung.



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

© 2024 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-00480 DEU v3.0