

# illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Schnelle, flexible Lösung zum  
Nachweis von Mutationen mit  
geringer Häufigkeit in cfDNA

- Nachweis seltener Varianten mit Allelfrequenzen von nur 0,2 % anhand von lediglich 20 ng aus Plasma extrahierter cfDNA
- Vorbereitung von sequenzierungsgerechten Bibliotheken anhand vom Anwender bereitgestellter Panels in ca. 8,5–9,5 Stunden mit 2,5–3 Stunden manuellem Aufwand
- Datenanalyse und Varianten-Calling mit hoher analytischer Sensitivität mithilfe der DRAGEN™-Sekundäranalyse

## Einleitung

Zirkulierende zellfreie DNA (cfDNA, cell-free DNA) im Plasma hat sich bei Krebserkrankungen, kardiovaskulären Erkrankungen und Organtransplantationen als wichtiger nicht invasiv nachweisbarer Biomarker erwiesen. Im Bereich der Krebsforschung liefert die Sequenzierung von cfDNA aus Liquid-Biopsy-Proben wertvolle Erkenntnisse zur Tumorerheterogenität, ermöglicht das Biomarker-Profilierung und dient als Ergänzung bzw. Alternative zu Gewebebiopsieproben, wenn Gewebe nicht ohne Weiteres verfügbar ist. Da Plasmaproben in der Regel geringe Mengen an cfDNA aus Zellen von Interesse enthalten, ist für den Nachweis seltener somatischer Varianten ein zuverlässiger und sensitiver Assay erforderlich. Mit festen Genpanels lassen sich Varianten bestimmen. Sie sind jedoch von begrenztem Nutzen für die Untersuchung neuer Targets und die Erfassung von Veränderungen in Genen von Interesse.

Bei Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment handelt es sich um eine vielseitige Lösung für die Bibliotheksvorbereitung (Tabelle 1), die anhand der Leistung von NGS-Technologie (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) den hochsensitiven Nachweis von Varianten mit geringer Häufigkeit in cfDNA-Proben ermöglicht. Dieses Hochleistungskit gehört zu einem integrierten Workflow von der cfDNA bis zu den Ergebnissen, der die Bibliotheksvorbereitung anhand vom Anwender bereitgestellter Panels und die anschließende Sequenzierung auf Illumina-Systemen mit mittlerem bis hohem Durchsatz umfasst. Die Datenanalyse erfolgt mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App.

## Optimierter Workflow

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment gehört zu einem integrierten cfDNA-Sequenzierungsworkflow, der sich durch herausragende Leistung und Datenqualität auszeichnet. Der skalierbare Workflow beginnt mit der Extraktion von cfDNA aus Vollblut oder Plasma, gefolgt von der Sequenzierung auf Illumina-Systemen mit mittlerem oder hohem Durchsatz sowie dem hochpräzisen Varianten-Calling mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App (Abbildung 1). Diese benutzerfreundliche Lösung zeichnet sich durch eine hohe Leistung bei einem breiten Spektrum von Inhaltsgrößen aus, ist für Liquid-Handling-Systeme geeignet und ermöglicht eine effiziente Skalierung anhand von Proben-Multiplexing.

Tabelle 1: Überblick über Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

Parameter	Spezifikation
DNA-Typ	cfDNA aus Vollblut oder Plasma
DNA-Zugabe <sup>a</sup>	10–30 ng
Proben-Multiplexing	192 eindeutige doppelte Indizes
Dublettenkennzeichnung	Nicht zufällige UMIs (Unique Molecular Identifiers, eindeutige molekulare Identifikatoren)
Anreicherungsplexität	1-Plex oder 4-Plex
Unterstützte Sequenziersysteme	NextSeq System und NovaSeq System
Gesamtdauer des Workflows <sup>b</sup>	ca. 8,5–9,5 Stunden <sup>c</sup>
Manueller Aufwand insgesamt	ca. 2,5–3 Stunden

a. Empfohlen wird eine cfDNA-Zugabe von 20 ng.  
b. Umfasst die Schritte Bibliotheksvorbereitung, Anreicherung und Normalisierung.  
c. Workflow-Zeiten für Einzelstrang- bzw. Doppelstrangsonden.

## Schnelle, flexible Bibliotheksvorbereitung

Bei Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment handelt es sich um einen ligationsbasierten Assay zur schnellen Bibliotheksvorbereitung mit einem einzigen Hybridisierungsschritt (Abbildung 2). Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment eignet sich für anwendungsspezifische Anreicherungs-Oligonukleotide von Illumina oder Drittanbietern, darunter Einzelstrang-DNA (ssDNA, single-stranded DNA) von Integrated DNA Technologies (IDT) und Doppelstrang-DNA (dsDNA, double-stranded DNA) von Twist Bioscience, was für eine bessere Übertragbarkeit der Inhalte sorgt. Das Kit eignet sich für kleine (ssDNA mit 55–200 kb oder dsDNA mit 70–200 kb), mittlere (ssDNA mit > 200–750 kb) und große (ssDNA mit > 750–2.000 kb) Panelinhalte und ermöglicht ein flexibles Studiendesign. Sequenzierungsgerechte Bibliotheken werden in ca. 8,5–9,5 Stunden bei lediglich ca. 2,5–3 Stunden manuellem Aufwand vorbereitet, sodass die Sequenzierung der extrahierten cfDNA innerhalb eines einzigen Tages beginnen kann. Das Kit ist kompatibel mit cfDNA, die mithilfe handelsüblicher säulen- oder beadbasierter Reinigungsmethoden direkt aus peripherem Blut oder Plasma extrahiert wurde, und bietet damit maximale Effizienz und Flexibilität.

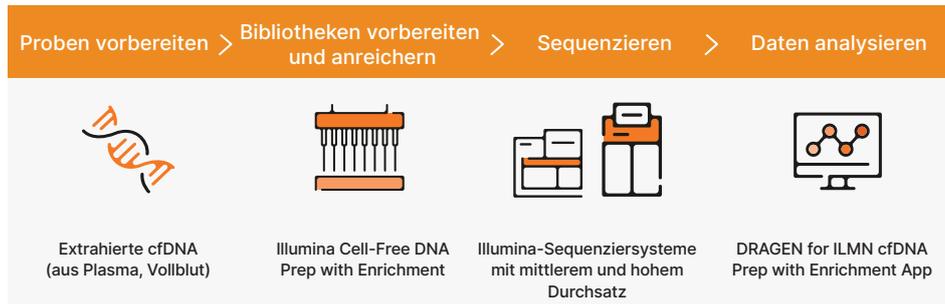


Abbildung 1: Von der cfDNA bis zu den Ergebnissen mit einem einzigen Partner: Illumina ermöglicht einen optimierten Workflow für die cfDNA-Sequenzierung von der Bibliotheksvorbereitung bis zur Datenanalyse. Die Vorbereitung der Bibliotheken aus der extrahierten cfDNA erfolgt mit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment. Bibliotheken werden in einem Illumina-Sequenziersystem mit der passenden Kapazität und entsprechendem Durchsatz sequenziert. Die genaue, schnelle Sekundäranalyse sowie das Varianten-Calling erfolgen mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App.

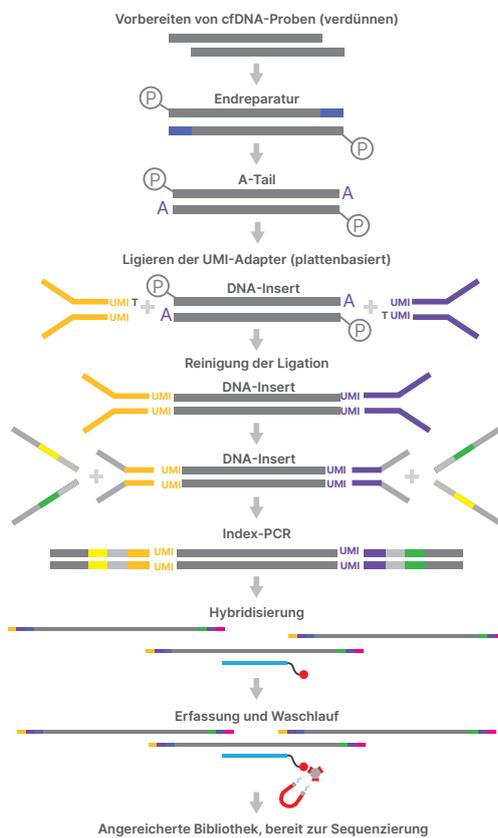


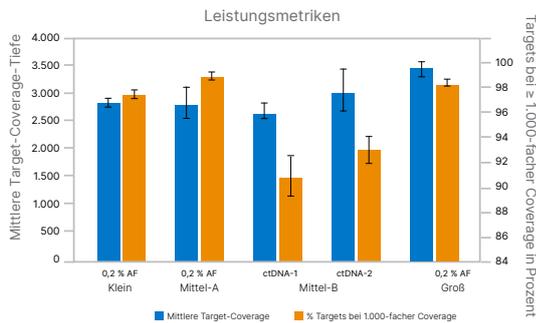
Abbildung 2: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Chemie: Zunächst werden cfDNA-Fragmente repariert und an nicht zufällige Unique Molecular Identifiers (UMIs) ligiert. Für das Multiplexing werden während der PCR-Amplifikation eindeutige doppelte Indizes integriert. Anschließend werden Bibliotheken mit biotinylierten Sonden in einem einzigen Hybridisierungsschritt in Bezug auf Zielregionen von Interesse angereichert. Angereicherte Bibliotheken werden für die Sequenzierung auf Illumina-Sequenziersystemen mit mittlerem oder hohem Durchsatz amplifiziert und normalisiert.

Für den Nachweis der Eignung von Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment für unterschiedliche Größen und Formate von Anreicherungspanels wurden Bibliotheken aus 20 ng cfDNA mit kleinen (55 kb, ssDNA), mittleren (250 kb) oder großen (2.000 kb) Anreicherungspanels vorbereitet (Tabelle 2). Vorbereitete Bibliotheken wurden entweder auf dem NextSeq™ 550 System (kleines Panel mit 10 Mio. Paired-End-Reads pro Probe) oder dem NovaSeq™ 6000 System (mittlere und große Panels mit 46 Mio. bzw. 450 Mio. Paired-End-Reads pro Probe) sequenziert. Die Daten wurden mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace™ Sequence Hub analysiert. Die Ergebnisse zeigen, dass Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment sich bei durch UMI zusammengefasste Reads durch eine > 1.500-fache Coverage-Tiefe und eine hohe Coverage-Einheitlichkeit auszeichnet, die anhand des Prozentsatzes der Targets mit > 1.000-facher Coverage über Anreicherungspanels mit unterschiedlichen Größen und Formaten hinweg ermittelt wurden (Abbildung 3).

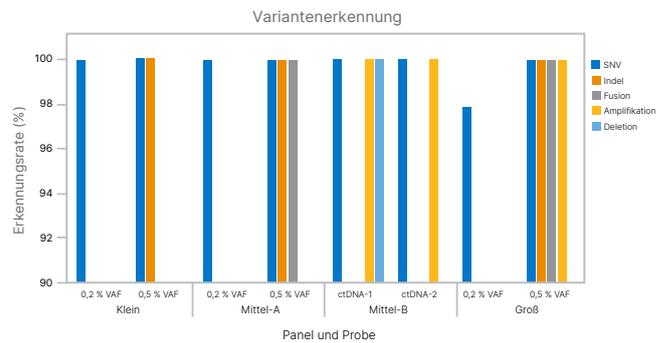
Tabelle 2: Parameter für das Design von Anreicherungspanels

Panel	Größe	Sondenformat	Variantentypen
Klein <sup>a</sup>	55 kb	80-bp-ssDNA	SNVs, Indels
Mittel-A <sup>b</sup>	250 kb	120-bp-dsDNA	SNVs, Indels, Fusionen
Mittel-B <sup>c</sup>	300 kb	80-bp-ssDNA	SNVs, Indels, Fusionen, CNVs
Groß <sup>d</sup>	2.000 kb	80-bp-ssDNA	SNVs, Indels, Fusionen, CNVs

- a. Die Sonden wurden mit einer Überlappung von 20 bp über die codierenden Regionen für Gene von Interesse gerastert.
- b. Die Sonden wurden direkt aneinander anschließend über die codierenden Regionen für Gene von Interesse gerastert. Fusionsbruchpunkte wurden mit überlappenden Sonden bei 2-facher Rasterung anvisiert.
- c. Die Sonden wurden mit einer Überlappung von 20 bp über die codierenden Regionen für Gene von Interesse und Fusionsbruchpunkte gerastert. Für den CNV-Nachweis von Genen mit kleinen CDS-Regionen (z. B. MYC) wurden Sonden bei geringer Dichte intronübergreifend ergänzt.
- d. Anwendungsspezifisches Design mit Optimierung für Nasllabore. SNV = Single Nucleotide Variant (Einzelnukleotid-Variante); Indel = Insertion-Deletion; CNV = Copy Number Variant (Kopienzahlvariante)



**Abbildung 3: Eignung für unterschiedliche Panelgrößen:** Vier Bibliotheksreplikate wurden aus 20 ng cfDNA mit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment vorbereitet und auf dem NextSeq 550 System (kleines Panel) oder dem NovaSeq 6000 System (mittlere und große Panels) mit einer mittleren Lesetiefe von 10, 46 bzw. 450 Mio. Paired-End-Reads bei kleinen, mittleren bzw. großen Panels sequenziert. Die Daten wurden mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub analysiert. Kleine und mittlere Panels wurden mit ca. 30.000-facher und das große Panel mit ca. 35.000-facher On-Target-Coverage sequenziert.



**Abbildung 4: Variantennachweis bei niedriger Variantenallelfrequenz (VAF):** Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Bibliotheken wurden anhand von 20 ng cfDNA aus Vollblutproben vorbereitet, die mit SNVs mit einer Variantenallelfrequenz (VAF) von 0,2 % oder mit 20 ng cfDNA aus SeraCare ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% versehen wurden (SeraCare, Katalog-Nr. 0710-0531). Vorbereitete Bibliotheken wurden auf dem NextSeq 550 System (kleines Panel mit 55 kb ssDNA) oder der NovaSeq 6000-Plattform (mittlere und große Panels mit 250 kb bzw. 2.000 kb) mit einer durchschnittlichen Lesetiefe von 10, 46 bzw. 450 Mio. Paired-End-Reads bei kleinen, mittleren bzw. großen Panels sequenziert. Das Varianten-Calling erfolgte mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub. Kleine und mittlere Panels wurden mit ca. 30.000-facher und das große Panel mit ca. 35.000-facher On-Target-Coverage sequenziert.

## Sensitive Erkennung von Varianten mit geringer Häufigkeit

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment zeichnet sich durch eine verbesserte Bibliotheksvorbereitungsschemie aus, die die Effizienz der Bibliotheksvorbereitung erhöht und den Nachweis von Varianten mit geringer Häufigkeit ermöglicht, die eine Variantenallelfrequenz (VAF) von nur 0,2 % aufweisen. Zum Nachweis der qualitativ hochwertigen Ergebnisse, die sich mit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment erzielen lassen, hat Illumina die Fähigkeit zum Calling von Einzelnukleotid-Varianten (SNVs, Single-Nucleotide Variants), Kopienzahlvarianten (CNVs, Copy Number Variations) und Genfusionen in Studien ausgewertet ([Abbildung 4](#), [Abbildung 5](#)). Mit Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment vorbereitete Bibliotheken wurden entweder auf dem NextSeq 550 System (10 Mio. Paired-End-Reads pro Probe) oder dem NovaSeq 6000 System (mittlere und große Panels mit 46 Mio. bzw. 450 Mio. Paired-End-Reads pro Probe) sequenziert. Das Varianten-Calling erfolgte mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub. Die Ergebnisse belegen die Fähigkeit zum Nachweis von Mutationen mit 0,2 % VAF anhand von lediglich 20 ng cfDNA bei kleinen Varianten mit einer analytischen Sensitivität von mehr als 90 % ([Tabelle 3](#)) und einer analytischen Spezifität von 99,98 %.

**Tabelle 3: Hochgenauer Nachweis von Varianten mit geringer Häufigkeit**

Variantentyp	Analytische Sensitivität <sup>a</sup>
Kleine Varianten (0,2 % VAF)	≥ 90 %
Indels (0,5 % VAF)	≥ 90 %
Genamplifikationen (Fold-Change von 1,3)	≥ 95 %
Gendeletionen (Fold-Change von 0,6)	≥ 95 %
Genrearrangements (0,5 % VAF)	≥ 95 %

a. Die analytische Sensitivität ist die Erkennungsrate in Prozent bei der angegebenen Variantenkonzentration.

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment unterstützt Proben-Multiplexing und wurde hinsichtlich der Recall-Genauigkeit bei SNVs, Insertionen/Deletionen (Indels), CNV- und Genfusionen für mit 1-Plex und 4-Plex angereicherte Bibliotheken verifiziert ([Abbildung 5](#), [Abbildung 6](#)).

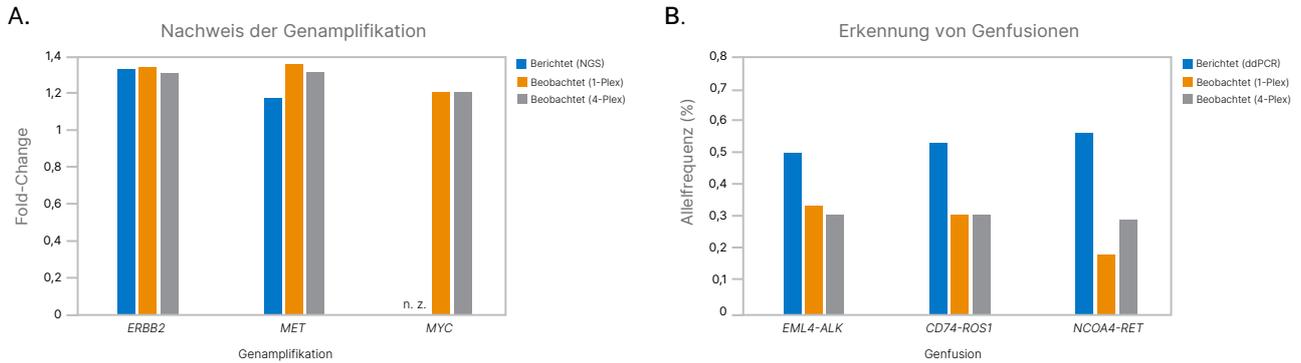


Abbildung 5: Nachweis von Genamplifikationen und Genfusionen mit geringer Häufigkeit: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment zeigt eine ausgezeichnete Leistung beim Nachweis von Genamplifikationen (A) und Genfusionen (B) sowohl bei mit 1-Plex als auch mit 4-Plex angereicherten Bibliotheken mit anwendungsspezifischen Inhalten. Bibliotheken wurden aus 20 ng cfDNA aus SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, Katalog-Nr. 0710-0531) vorbereitet. Vier Bibliotheken wurden einzeln mit einem 80-bp-ssDNA-Panel mit einer Größe von 2.000 kb (1-Plex) angereichert. Die gleichen vier Bibliotheken wurden mit demselben Panel im Multiplex-Format (4-Plex) erneut angereichert. Die Bibliotheken wurden auf dem NovaSeq 6000 System mit einer durchschnittlichen Lesetiefe von 400 Mio. Paired-End-Reads ( $\geq 35.000$ -fache On-Target-Coverage) sequenziert. Die Daten wurden mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub analysiert. Die drei Genamplifikationen und Fusionen in der Referenzprobe wurden in allen Replikaten von mit 1-Plex und 4-Plex angereicherten Bibliotheken beim angegebenen Fold-Change und der entsprechenden Allelfrequenz nachgewiesen. Abweichungen bei der VAF für Fusionen werden auf Unterschiede zwischen Testmethoden zurückgeführt. Hinweis: SeraCare verifiziert die MYC-Genamplifikation nicht mit NGS-Methoden.

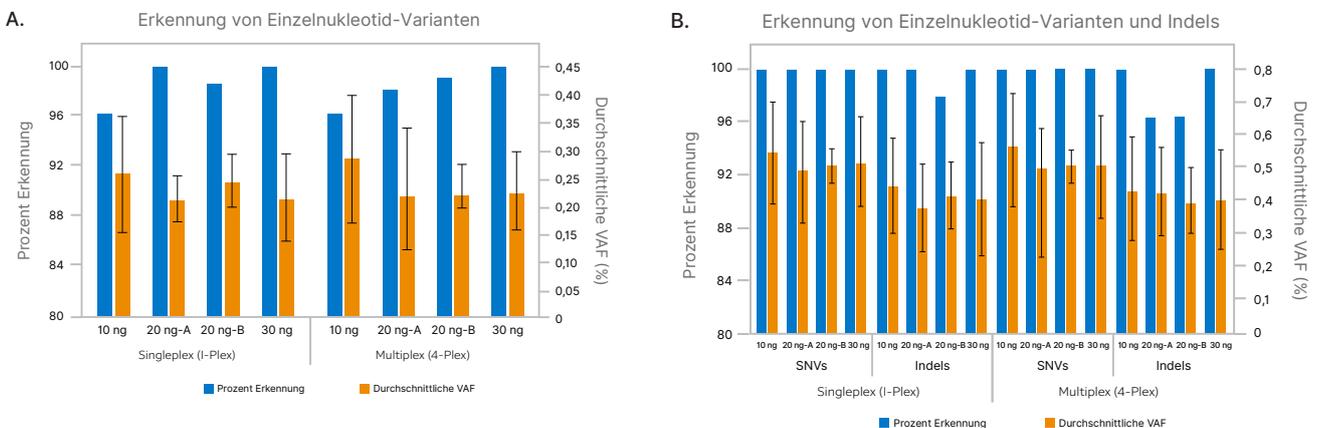


Abbildung 6: Sensitiver Variantennachweis von mit 1-Plex und 4-Plex angereicherten Bibliotheken: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Bibliotheken wurden aus cfDNA-Proben (10 ng, 20 ng oder 30 ng) vorbereitet, die mit SNVs bei 0,2 % VAF (A) oder 0,5 % VAF (B) mit cfDNA aus SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, Katalog-Nr. 0710-0531) versehen wurden. Vier Bibliotheken wurden einzeln mit einem 80-bp-ssDNA-Panel mit einer Größe von 180 kb (10 ng, 20 ng-A und 30 ng) bzw. einem 80-bp-dsDNA-Panel mit einer Größe von 180 kb (20 ng-B) für das Singleplex-Format (1-Plex) angereichert. Die gleichen vier Bibliotheken wurden mit demselben Panel für das Multiplex-Format (4-Plex) erneut angereichert. Die Bibliotheken wurden auf dem NextSeq 550 System mit einer durchschnittlichen Lesetiefe von 33 Mio. Paired-End-Reads ( $\geq 30.000$ -fache On-Target-Coverage) sequenziert. Datenanalyse und Varianten-Calling erfolgten mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub.

## Optimale Leistungsfähigkeit auf den Sequenziersystemen von Illumina

Für den Nachweis der herausragenden Leistung von Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment auf Illumina-Systemen mit mittlerem und hohem Durchsatz wurden Bibliotheken aus 20 ng cfDNA-Zugabe mit 0,5 % VAF aus SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF-0.5% (SeraCare, Katalog-Nr. 0710-0531) vorbereitet, die mit einem 120-bp-dsDNA-Panel mit einer Größe von 250 kb angereichert wurde, und auf dem NextSeq 550 System, dem NextSeq 2000 System bzw. dem NovaSeq 6000 System mit einer durchschnittlichen Lesetiefe von 92 Mio. Reads pro Probe bei ca. 30.000-facher On-Target-Coverage sequenziert. Die robuste und unkomplizierte Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Lösung liefert auf sämtlichen Illumina-Sequenziersystemen zuverlässige Ergebnisse und bietet bei durch UMI zusammengefassten Reads eine > 1.500-fache Coverage-Tiefe und eine hohe Coverage-Einheitlichkeit, die anhand des Prozentsatzes der Targets mit > 1.000-facher Coverage ermittelt wurden (Abbildung 7).

## Integrierte Datenanalyse

Die DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App gewährleistet anhand von beschleunigten, vollständig integrierten Bioinformatikalgorithmen eine optimale Assayleistung. Die Software führt eine Fehlerkorrektur auf Basis von UMI, das Sequenz-Alignment und das Calling

somatischer Varianten für kleine Varianten, CNVs und Genfusionen durch. Die DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App wird lokal auf einem Illumina DRAGEN Server v4.0.3 der Phase 4 oder auf dem NovaSeq 6000Dx System (im Forschungsmodus) ausgeführt. Die Analysepipeline kann auch als Cloudanwendung auf BaseSpace Sequence Hub ausgeführt oder über die sichere Genomik-Cloudplattform Illumina Connected Analytics (ICA) aufgerufen werden, wodurch höhere Kapazitäten für die Sekundäranalyse bereitstehen, ohne dass lokale Infrastruktur erworben und gewartet werden muss.

Die integrierte Analysepipeline bietet Anwendern die Flexibilität, ihre Daten anhand der Panels zu analysieren, die für die Target-Anreicherung verwendet werden, mit Optionen zum Alignment der Sequenzierungsdaten anhand von hg19 oder hg38, und ermöglicht die Durchführung spezifischer Analysen und die Abstimmung von Workflows auf Forschungsziele. Das standortspezifische Rauschen lässt sich anhand vom Anwender bereitgestellter Rauschdateien herausfiltern, was den Nachweis kleiner Varianten verbessert. Mit der Software können Anwender zudem klonale Hämatopoesevarianten kennzeichnen, beim Calling kleiner Varianten bestimmte Regionen ausschließen, ein genaues CNV-Calling durchführen und somatische Hotspots anhand einer anwendungsspezifischen somatischen Hotspotdatei mit hoher analytischer Sensitivität nachweisen oder alternativ die integrierten somatischen DRAGEN-Hotspotregionen verwenden. Anwender, die auf die DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in der Cloud zugreifen, profitieren von weiteren Optionen zur Optimierung ihrer Analyse, anhand derer sich die Schwellenwerte für das UMI-Collapsing und das Calling kleiner Varianten ändern lassen.

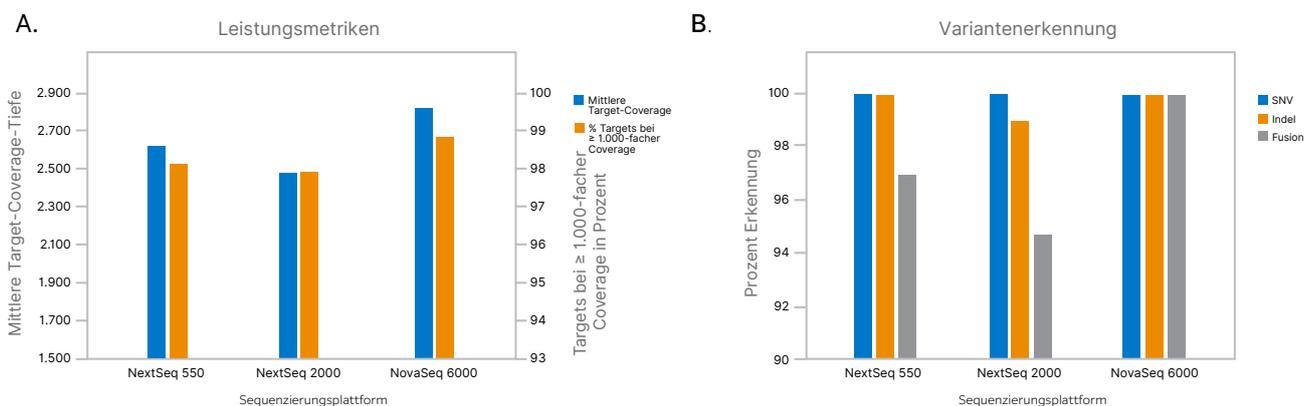


Abbildung 7: Kompatibilität mit Illumina-Systemen mit mittlerem und hohem Durchsatz: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Bibliotheken wurden aus 20 ng cfDNA mit bekannter VAF von 0,5 % vorbereitet und mit einem 120-bp-dsDNA-Panel mit einer Größe von 250 kb angereichert. Bibliotheken wurden auf dem NextSeq 550 System, dem NextSeq 2000 System bzw. dem NovaSeq 6000 System mit einer durchschnittlichen Lesetiefe von 46 Mio. Paired-End-Reads und  $\geq 30.000$ -facher On-Target-Coverage sequenziert. Es wurden acht Bibliotheken für den Lauf auf dem NextSeq 550 System, 25 Bibliotheken für den Lauf auf dem NextSeq 2000 System und 51 Bibliotheken für den Lauf auf einer Lane der S4-Fließzelle auf dem NovaSeq 6000 System gepoolt. Datenanalyse und Varianten-Calling erfolgten mit der DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichment App in BaseSpace Sequence Hub.

## Für die Automatisierung geeigneter Workflow

ILLUMINA Cell-Free DNA Prep with Enrichment eignet sich für die Automatisierung der Bibliotheksvorbereitung mithilfe von Liquid-Handling-Systemen, sodass Labore den Durchsatz je nach Anforderungen anpassen können. Mit einem automatisierten Workflow profitieren Labore von einer hochgradig reproduzierbarer Probenhandhabung, konsistenten Ergebnissen und höherer Effizienz. Außerdem ermöglicht die Automatisierung die schnelle Skalierung des Durchsatzes, ohne dass zusätzlicher manueller Aufwand erforderlich ist. Weitere Effizienzsteigerungen lassen sich durch die Einführung von Illumina Qualified Methods erzielen, die von unseren Automatisierungspartnern erhältlich\* sind und von Illumina hinsichtlich Leistung und Datenqualität überprüft werden.

## Zusammenfassung

Bei Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment handelt es sich um eine vielseitige Lösung für die Bibliotheksvorbereitung, die für niedrige Zugabemengen aus Plasmaproben extrahierter cfDNA optimiert ist. Die anwenderfreundliche Lösung eignet sich für eine Reihe von Panelgrößen und ist mit Anreicherungspanels von Illumina oder Drittanbietern kompatibel, was Flexibilität hinsichtlich der Inhalte bietet. Die Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Lösung ermöglicht in Forschungsanwendungen den Nachweis mit geringer Häufigkeit auftretender somatischer Varianten mit außergewöhnlicher analytischer Sensitivität. Die leistungsstarke Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment-Lösung bietet in Kombination mit der Sequenzierung auf leistungsstarken Illumina-Sequenziersystemen und beschleunigter Datenanalyse für die cfDNA-Sequenzierung einen hochwertigen Workflow von der Probenverarbeitung bis hin zur Datenanalyse von einem einzigen zuverlässigen Partner.

\*Illumina Qualified Methods sind ab Ende 2024 verfügbar.



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](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-02096 DEU v1.0

## Weitere Informationen

[Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment](#)

## Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 samples)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 samples)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (16 samples)	20104107
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex)	20104103
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex) On-premises	20104104
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034702
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213