

Illumina DRAGEN™ Bio-IT-Plattform

Präzise, ultraschnelle Sekundäranalyse.

Vorteile

- **Liefert genaue Daten**

Erkennt kleine Varianten mit hoher analytischer Sensitivität und Spezifität

- **Erhöht die Laboreffizienz**

Verarbeitet ein gesamtes Genom mit 30-facher Coverage in ca. 25 Minuten und ein gesamtes Exom bei 100-facher Coverage in ca. acht Minuten

- **Lässt sich einfach und kostengünstig implementieren**

Weniger Hardwareanschaffungen und geringere Betriebskosten, Bedienung über Schaltflächen oder Befehlszeile

- **Unterstützt zahlreiche Anwendungen**

Unterstützt zahlreiche Anwendungen sowohl vor Ort als auch über BaseSpace™ Sequence Hub in der Cloud

Während neue und immer fortschrittlichere Anwendungen aus dem Genom gewonnene Erkenntnisse nutzbar machen, wächst die mit der NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) generierte Datenmenge rasch an. Allein 2018 haben Illumina-Systeme über 100 Petabyte Daten generiert. Um mit diesen enormen Datenmengen Schritt halten zu können, benötigen Kunden Datenanalysetools, die bei der Sequenzierung gewonnene Rohdaten ohne Abstriche bei der Genauigkeit und ohne ausufernde Kosten effizient in aussagekräftige Ergebnisse überführen können. Außerdem können Organisationen, für die diese Technik neu ist, die Vorteile der NGS nur nutzen, wenn sie benutzerfreundliche Lösungen erhalten, bei denen sowohl der Preis als auch die erforderlichen Kenntnisse eine deutlich geringere Hemmschwelle für den Einsatz darstellen.

Die Illumina DRAGEN Bio-IT-Plattform ist auf eine enge Zusammenarbeit mit dem Kunden ausgelegt und beseitigt so die häufigsten Probleme in Zusammenhang mit der Analyse von NGS-Daten. Damit steht eine hochpräzise ultraschnelle Lösung für die Sekundäranalyse bereit, die sich sowohl für kleine Forschungslabore als auch für bevölkerungsweite Genomikprojekte eignet.

Über die DRAGEN-Plattform

Mit der Illumina DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT-Plattform können Labore aller Größen und Spezialisierungen Genomikdaten umfangreicher nutzen. Die Plattform ermöglicht die Sekundäranalyse von NGS-Daten, die aus Genomen, Exomen und Transkriptomen gewonnen wurden. Grundlegende Funktionen der DRAGEN-Plattform stellen eine Lösung für häufige Probleme bei der Genomanalyse bereit, beispielsweise die lange Berechnungsdauer und die riesigen

Datenmengen. Die DRAGEN-Plattform zeichnet sich ohne Abstriche bei der Genauigkeit durch Schnelligkeit, Flexibilität und Kosteneffizienz aus.

Bei der DRAGEN-Plattform handelt es sich um eine kombinierte Hard- und Softwarelösung. Sie bietet zahlreiche Sekundäranalyse-Pipelines, die für die Ausführung auf Field-Programmable Gate Array (FPGA)-Technologie vorgesehen sind. FPGAs stellen hardwarebeschleunigte Implementierungen von Genomanalysealgorithmen bereit, darunter BCL-Konvertierung, Mapping, Alignment, Sortierung, Dublettenmarkierung und Haplotyp-Varianten-Calling.

Die DRAGEN-Plattform generiert wertvolle Metriken, u. a. für folgende Bereiche:

- Qualitätssicherung bei der Bibliotheksvorbereitung
- Qualitätssicherung der Analyse
- Demultiplexierung
- Doppelte Reads
- Mit SAM/PICARD vergleichbare Tools für die Rohdatenverarbeitung

Die Umprogrammierbarkeit der DRAGEN-Plattform ermöglicht Illumina die Entwicklung einer umfangreichen Pipeline-Suite. Auf einem DRAGEN-Server können mehrere Pipelines ausgeführt werden. Die von Grund auf anhand optimierter Softwarealgorithmen mit Hardwarebeschleunigung entwickelten DRAGEN-Pipelines werden fortlaufend verbessert. Des Weiteren werden zusätzliche Pipelines veröffentlicht, die neue Funktionen bieten sowie die Genauigkeit und die Geschwindigkeit erhöhen.

Die DRAGEN-Plattform steht sowohl vor Ort als auch über BaseSpace Sequence Hub in der Cloud zur Verfügung. Bestimmte DRAGEN-Pipelines sind jetzt auch auf den Sequenziersystemen NextSeq™ 1000 und NextSeq 2000 verfügbar. Alle DRAGEN-Pipelines bieten eine Versionskontrolle.

Genauere Ergebnisse

Implementierungen der DRAGEN-Plattform basieren auf Algorithmen von Weltklasse und werden ständig an die immer anspruchsvolleren Branchenstandards und Best Practices angepasst. Die herausragende analytische Sensitivität und Spezifität gelten für Genomanwendungen und Workflows. Die DRAGEN-Plattform beseitigt Verzerrungseffekte sowie andere Fehlerquellen und gewährleistet so eine hohe Genauigkeit. Jede neue Version der DRAGEN-Plattform enthält verbesserte Algorithmen, die die Genauigkeit erhöhen. Ein Vergleich zwischen DRAGEN v3.4 und GATK 4 durch das Broad Institute, der Anfang 2020 veröffentlicht wurde, zeigte allgemeine Verbesserungen bei Sensitivität und Spezifität ([Abbildung 1](#)).¹

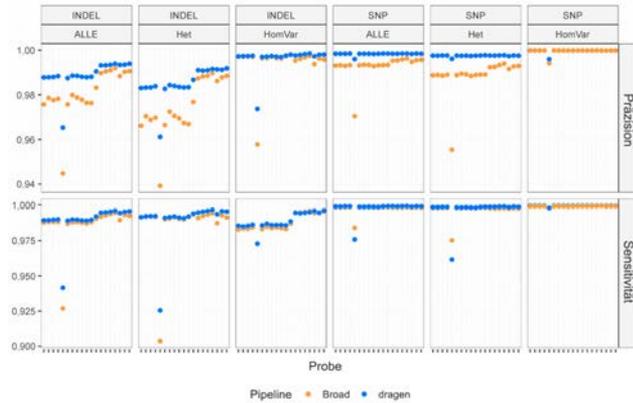


Abbildung 1: Hohe Genauigkeit bei der Bestimmung von Einzelnukleotidvarianten: Zum Vergleich des Varianten-Callings mit einer bekannten Varianten-Calling-Plattform wurde Referenzgenom-DNA mithilfe von drei Illumina-Bibliotheksvorbereitungskits sequenziert und separat mithilfe von DRAGEN v3.4 oder GATK4 zur Bestimmung von Insertionen/Deletionen (Indels) und SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms, Einzelnukleotidpolymorphismen) analysiert.

Erhöhen der Laboreffizienz

Dank ihres FPGA-Backbones zeichnet sich die DRAGEN-Plattform durch kürzere Durchlaufzeiten aus. Im Gegensatz zu herkömmlichen CPU-basierten Systemen, die die Funktion von Algorithmen anhand von Softwarecodezeilen ausführen, implementieren FPGAs diese Algorithmen als Logikschaltungen, sodass die Ausgabe der Ergebnisse praktisch unmittelbar erfolgt. Daraus ergibt sich eine deutlich höhere Laboreffizienz.

Die DRAGEN-Plattform verarbeitet die NGS-Daten für ein komplettes Humangenom mit 30-facher Coverage in ca. 25 Minuten sowie ein Humanexom mit 100-facher Coverage in ca. acht Minuten vor Ort. Bei einem herkömmlichen CPU-basierten System sind hierfür über 10 Stunden erforderlich. Mit der DRAGEN-Plattform wurden außerdem zwei Weltrekorde für die Genomdatenanalyse erzielt.^{2,3}

„Die Plattform ist schneller, kostengünstiger und genauer. Ein perfektes Triple.“

– Alexander Bisignano, CEO, Phosphorous

Kostengünstige Lösungen

Mit der DRAGEN-Plattform lassen sich die Kosten für die Anschaffung lokaler Server-Cluster sowie für die Nutzung von Cloud-Computing-Ressourcen senken. Eine einzige DRAGEN-Plattform vor Ort ersetzt bis zu 30 herkömmliche Rechnerinstanzen, wodurch Sie neben Hardware- und Wartungskosten auch Kosten bei der Stromversorgung und Kühlung einsparen. DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub umfasst dieselben hochwertigen DRAGEN-Pipelines sowie zusätzlich die Flexibilität und Sicherheit von BaseSpace, sodass Sie (abhängig von der Eingabeprobe) einen Preis von ca.

5 USD/Genom und 3 USD/Exom erzielen. DRAGEN-Pipelines umfassen die native Komprimierung alignierter Reads im CRAM-Dateiformat, wodurch sich die Datenmenge im Vergleich zu herkömmlichen BAM-Dateien um 50 % reduziert.

Unterstützt zahlreiche Anwendungen

Die DRAGEN-Plattform enthält eine umfassende Suite mit Sekundäranalyse-Pipelines (Tabelle 1) für zahlreiche Anwendungsmöglichkeiten wie Genom-, Exom- und RNA-Analyse. Die Pipelines akzeptieren Eingabedateien an unterschiedlichen Punkten in der Pipeline und können ebenso Ausgabedateien an unterschiedlichen Punkten erstellen (Abbildung 2). Außerdem lassen sie sich auf einem einzelnen Server vor Ort oder auf BaseSpace Sequence Hub ausführen.

Eine Liste mit allen DRAGEN-Pipelines finden Sie unter www.illumina.com/DRAGEN.

Anwendungsspezifische Referenzen

Mit dem DRAGEN Reference Builder (auch als Hash-Tabelle bezeichnet) können Kunden Nichthuman- oder Nichtstandardreferenzen generieren. Die erstellten Referenzen können als Eingabe für alle DRAGEN-Apps verwendet werden, die Kundenreferenzdateien unterstützen. Der DRAGEN Reference Builder erfordert eine FASTA-Datei. Die meisten DRAGEN-Pipelines verfügen über eine integrierte Unterstützung für hg19, hg238 (mit und ohne HLA), GRCh36 sowie Hs37d5.

Tabelle 1: DRAGEN-Lösungen unterstützen ein breites Anwendungsspektrum.

Merkmal	DRAGEN-Server	DRAGEN BaseSpace	NextSeq 1000/2000-System
Demultiplexierung (BCL-Konvertierung)	✓	✓	✓
Mapping und Alignment	✓	✓	✓
RNA-Seq (Genfusionen und Quantifizierung)	✓	✓	✓
Exomanreicherung (Keimbahn und somatisch)	✓	✓	Nur Keimbahn
Gesamtgenom (Keimbahn und somatisch)	✓	✓	Nur Keimbahn
Methylierung	✓	✓	–
Joint-Genotypisierung	✓	✓	–
TruSight Oncology 500-Liquid-Biopsy	✓	–	–
DRAGEN-Metagenomik	✓	✓	–

DRAGEN ist auch als Amazon Machine Image (AMI) über den AWS Marketplace verfügbar.

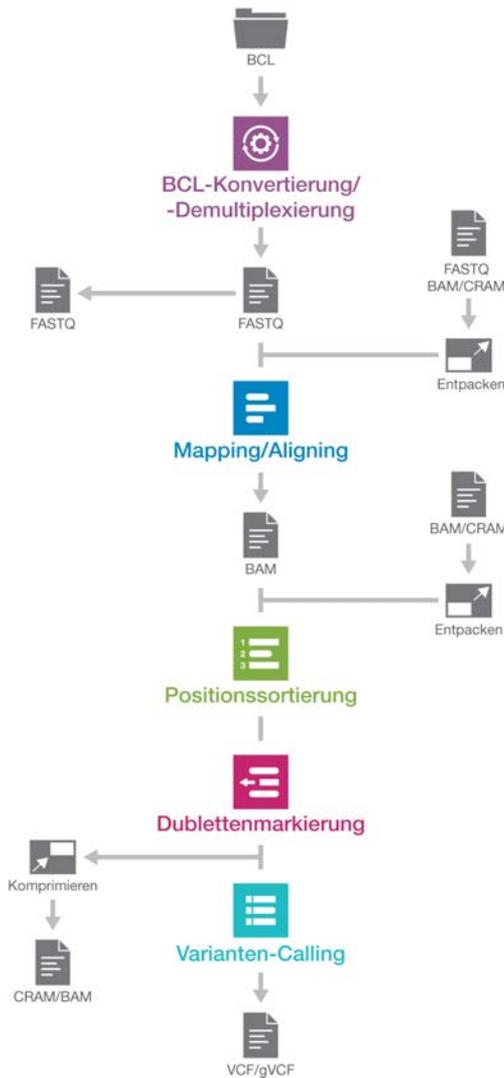


Abbildung 2: Flexibilität der DRAGEN-Pipelines: Jede DRAGEN-Pipeline enthält einen einzigartigen Satz an Schritten passend zur jeweiligen Funktion. Wie oben anhand der DRAGEN Germline Pipeline gezeigt, bietet DRAGEN die Flexibilität, unterschiedliche Eingabedateien einzulesen und verschiedene Ausgabedokumente zu erstellen. Damit haben Benutzer die Möglichkeit, den Prozess und das Format der Ausgabedateien individuell anzupassen.

BaseSpace Sequence Hub	Vor Ort	
Schaltfläche	Start mit einem Befehl	Erweiterte Befehlszeile
Einfache grafische Benutzeroberfläche Managed Service HIPAA-konform* Arbeitsgruppenfunktionen Einfache Datenfreigabe	Einfach zu erlernende Linux-basierte Befehlszeile Einfache Ausführung über die Befehlszeile	Aufeinanderfolgende Auftragsabarbeitung per Skript Erstellen unterschiedlicher Konfigurationsdateien für unterschiedliche Anwendungen

Abbildung 3: Optionen für die Implementierung von DRAGEN: In BaseSpace Sequence Hub können Benutzer einfach die App auswählen, Daten eingeben und einen Lauf starten. Die lokale Version von DRAGEN wird über eine Befehlszeile bedient. Anfängern steht eine leicht zu erlernende, einfach bedienbare Befehlszeile zur Verfügung. Fortgeschrittene Benutzer profitieren von einer erweiterten Befehlszeile, die sich benutzerspezifisch anpassen lässt. * HIPAA-Konformität gilt ausschließlich in den USA in Verbindung mit BaseSpace Enterprise.

Einfach implementierbar

Die Möglichkeit, DRAGEN vor Ort oder über BaseSpace Sequence Hub in der Cloud zu nutzen, ermöglicht den Einsatz in Laboren mit den unterschiedlichsten Bioinformatikkompetenzen. Die Bandbreite der Lösungen reicht von einfachen Analysen über Schaltflächen bis hin zur Programmierung über die Befehlszeile (Abbildung 3). Der DRAGEN-Server lässt sich einfach in neue und vorhandene lokale Architekturen integrieren. Die DRAGEN-Plattform ist sofort einsatzbereit, eine zusätzliche Konfiguration ist nicht erforderlich.

Schaltflächen: DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub eröffnet Laboren mit den unterschiedlichsten Informatikkompetenzen die einfache und kostengünstige Durchführung von Sekundäranalysen in-house.

Befehlszeile: DRAGEN vor Ort verfügt über eine Befehlszeile. Der Kunde hat die Wahl zwischen einer einfach zu erlernenden Linux-basierten Befehlszeile, bei der der Start über einen Befehl erfolgen kann, sowie einer erweiterten Befehlszeile.

„Der Umstieg von unseren Bestandssystemen auf die DRAGEN-Plattform war überraschend einfach. Es waren nur kleinere Codeänderungen erforderlich.“

– Kyle Retterer, CIO, GeneDx

Skalierbarkeit

Die DRAGEN-Plattform ermöglicht den Ausbau des Einsatzes bei niedrigen Kosten und schneller Verarbeitung. DRAGEN unterstützt die Erweiterung der Forschungskapazitäten auf mehreren Ebenen:

- Schritthalten mit dem NovaSeq™ 6000-System:** Ein einziger DRAGEN-Server kann gemeinsam mit einem NovaSeq 6000-Gerät mit einer S4-Fließzelle die Demultiplexierung in weniger als zwei Stunden durchführen.
- Verarbeitung in schneller Folge:** Müssen zahlreiche große Proben analysiert werden, können Labore DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub nutzen und die Proben in schneller Folge verarbeiten. Da hier die DRAGEN-Pipelines parallel zur Verfügung stehen, kann die Analyse auf BaseSpace Sequence Hub ausgelagert werden.
- Erweiterte Einsetzbarkeit:** Sämtliche DRAGEN-Pipelines und alle unterstützten Probenotypen können auf einer einzigen DRAGEN-Plattform verarbeitet werden. Die Geschwindigkeit, Genauigkeit und Kosteneffizienz von DRAGEN ermöglicht Benutzern den Ausbau des Einsatzes ohne Abstriche bei den Durchlaufzeiten und der Qualität der Ergebnisse.

4. **Von Exomen bis zu Genomen:** Ein Wechsel von der Gesamtexom-Sequenzierung (Whole-Exome Sequencing, WES) zur Gesamtgenom-Sequenzierung (Whole-Genome Sequencing, WGS) bedeutet, dass wesentlich mehr Daten generiert werden. DRAGEN ermöglicht Kunden den einfachen Umstieg von Exomen auf Genome ohne teure Anschaffung neuer Hardware oder cloudbasierter Lösungen.

Vor Ort und über BaseSpace Sequence Hub verfügbar

Die umfassende Suite an DRAGEN-Pipelines ist vor Ort sowie über BaseSpace Sequence Hub in der Cloud verfügbar. So können Labore die Lösung einsetzen, die ihre Anforderungen am besten erfüllt.

DRAGEN vor Ort

Organisationen, die Analysen lokal durchführen möchten, erhalten mit DRAGEN vor Ort eine zuverlässige Lösung für die Sekundäranalyse, die sich in vorhandene Speicherlösungen integrieren lässt (Abbildung 4).

DRAGEN vor Ort bietet folgende Vorteile:

- **Lokale Datenspeicherung:** für Organisationen, die Daten vor Ort speichern müssen.
- **Einsatz bei eingeschränkter Netzwerkanbindung:** In Regionen mit eingeschränkter Netzwerkanbindung bzw. überlasteten Verbindungen kann DRAGEN vor Ort offline ausgeführt werden.
- **Nutzung vorhandener Infrastruktur:** DRAGEN vor Ort ermöglicht Laboren die Verwendung vorhandener Speicherinfrastruktur.

DRAGEN vor Ort nutzt eine lokale Speicherlösung zur Zusammenführung und Speicherung von NGS-Daten. Nachdem die Rohdaten der Sequenzierung vom Sequenzierungsgerät über ein lokales Netzwerk in den lokalen Speicher übertragen wurden, überträgt DRAGEN die Daten vom Speicher auf den DRAGEN-Server und führt den gewählten Workflow aus. Anschließend werden die generierten Ausgabedateien der Analyse zurück auf die lokale Speicherlösung überführt. Der DRAGEN-Server verwendet eine Linux-basierte CLI (Command Line Interface, Befehlszeilenschnittstelle), die für den Start über einen einzigen Befehl bzw. als erweiterte Befehlszeile konfiguriert werden kann. Für DRAGEN vor Ort sind unterschiedliche Lizenzstufen zwischen 100.000 und 2.000.000 Gb/Jahr erhältlich (siehe „Bestellinformationen“). Aktualisierte Versionen und neue Funktionen werden regelmäßig veröffentlicht und können über das DRAGEN-Kundenportal abgerufen werden. Für DRAGEN vor Ort ist ein Installationsservice verfügbar.

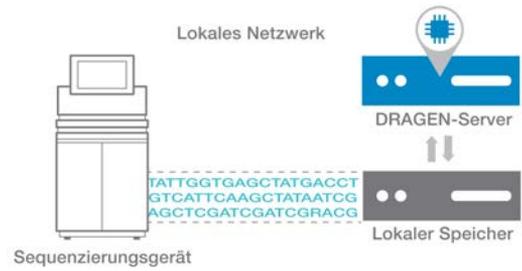


Abbildung 4: DRAGEN-Lösung vor Ort: Daten werden vom Sequenzierungsgerät auf eine lokale Speicherlösung gestreamt und anschließend zur Demultiplexierung und zur Sekundäranalyse auf den DRAGEN-Server übertragen. Die Analyseergebnisse werden an die lokale Speicherlösung zurückgegeben.

DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub

DRAGEN ist über BaseSpace Sequence Hub in der Cloud verfügbar und ermöglicht so bei einer Bedienung über Schaltflächen Laboren aller Größen und Fachrichtungen die schnelle, genaue und kosteneffektive Sekundäranalyse. DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub nutzt Amazon Web Services (AWS) EC2 F1-Instanzen und ermöglicht damit eine schnellere Sekundäranalyse von Genomen, Exomen, Transkriptomen u. v. m. DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub bietet folgende Vorteile:

- **Benutzerfreundlichkeit:** Benutzer können Daten direkt von ihrem Sequenzierungsgerät in BaseSpace Sequence Hub streamen und eine DRAGEN-Pipeline über eine Schaltfläche starten.
- **Geringe Kosten:** Da keine Hardware angeschafft werden muss, lassen sich Proben für ca. 5 USD/Genom und 3 USD/Exom analysieren.
- **Cloud-Sicherheit und Compliance:** BaseSpace Sequence Hub ist eine Plattform, bei der Sicherheit an erster Stelle steht.
- **Datenfreigabe:** Daten können in der Cloud sicher für andere Beteiligte freigegeben werden.
- **Flexibilität:** Die Anwendungen lassen sich on demand für kleinere Studien einsetzen oder an den Bedarf im Laborbetrieb anpassen.

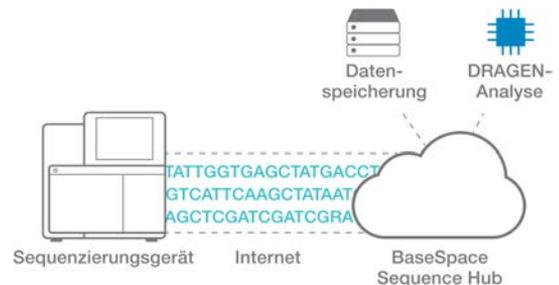


Abbildung 5: DRAGEN in der Cloud: Sequenzierungsdaten lassen sich in Echtzeit auf BaseSpace Sequence Hub übertragen, wo diese gespeichert und mit ausgewählten DRAGEN-Pipelines analysiert werden.

Sämtliche DRAGEN-Pipelines sind bei BaseSpace Sequence Hub verfügbar und vereinen genaue, beschleunigte Analysen mit einer sicheren Umgebung und cloudbasierter Skalierbarkeit zur schnellen Verarbeitung mit zahlreichen Funktionen. Die enge Geräteintegration ermöglicht die direkte Übertragung verschlüsselter Daten vom Gerät zur Analyse, Speicherung und Freigabe sowie zu weiteren Datenmanagementaufgaben auf BaseSpace Sequence Hub (Abbildung 5). Die Verbindung zwischen BaseSpace Sequence Hub und dem Gerät wird über WLAN hergestellt und lässt sich während der Einrichtung des Geräts bzw. später im Einstellungsmenü im Gerät aktivieren (Abbildung 6).

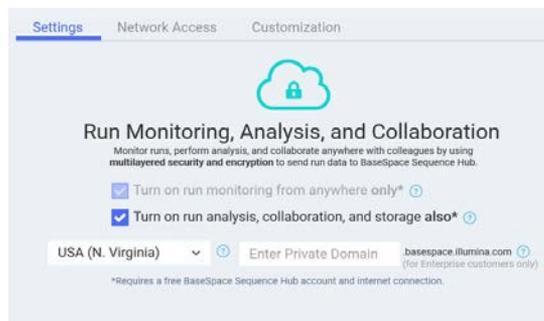


Abbildung 6: Einfache Einrichtung von DRAGEN auf BaseSpace Sequence Hub: Die verschlüsselte Datenübertragung vom Gerät auf BaseSpace Sequence Hub lässt sich einfach während der Einrichtung des Geräts bzw. nach der Installation über das Einstellungsmenü einrichten.

Sicherheit und Compliance in der Cloud

BaseSpace Sequence Hub ist eine über entsprechende Enterprise-Konten verfügbare Plattform, bei der Sicherheit an erster Stelle steht und die von unabhängiger Stelle geprüft und als konform mit den folgenden Normen zertifiziert wurde: HIPAA (Health Insurance Portability and Accountability Act), ISO 27001 (Informationssicherheits-Managementsystem) und ISO 13485 (Qualitätsmanagementsystem für Medizinprodukte). Die Plattform gewährleistet den Datenschutz und ist DSGVO-konform (Datenschutz-Grundverordnung). BaseSpace Sequence Hub umfasst eine End-to-End-Verschlüsselung, Auditing sowie eine differenzierte Zugriffskontrolle. BaseSpace Sequence Hub ermöglicht Benutzern die Aktualisierung auf neue Versionen, die Wiederherstellung älterer Versionen sowie Versionskonsistenz für Labore mit kontrollierter Umgebung (Tabelle 2).

Ausführliche Informationen zur Datensicherheit auf BaseSpace Sequence Hub finden Sie im [Whitepaper zu Sicherheit und Datenschutz von BaseSpace Sequence Hub](#).

DRAGEN-Pipelines in der Cloud

Sämtliche DRAGEN-Pipelines sind auf BaseSpace Sequence Hub verfügbar und werden regelmäßig aktualisiert (Abbildung 7). DRAGEN kann auch über den [Amazon Web Services Marketplace](#) bereitgestellt werden.

Tabelle 2: DRAGEN v3-Server – Spezifikationen

Komponente	DRAGEN v3-Gerät
CPU	Dual Intel Xeon Gold 6226 mit 2,7 GHz, 12 Kerne
Arbeitsspeicher	256 GB
Scratch-Laufwerk	NVMe (6,4 TB)
OS-Laufwerke	SSD (256 GB, RAID 1)
FPGA-Karte	DRAGEN
Freier PCIe-Steckplatz	1 × PCIe × 16-Steckplatz
Formfaktor	2U
Abmessungen	H×B×T 8,8 cm × 47,8 cm × 49,32 cm
Netzteil	1574W 1U (für den medizinischen Einsatz zugelassenes ATX-Netzteil [AC/DC])

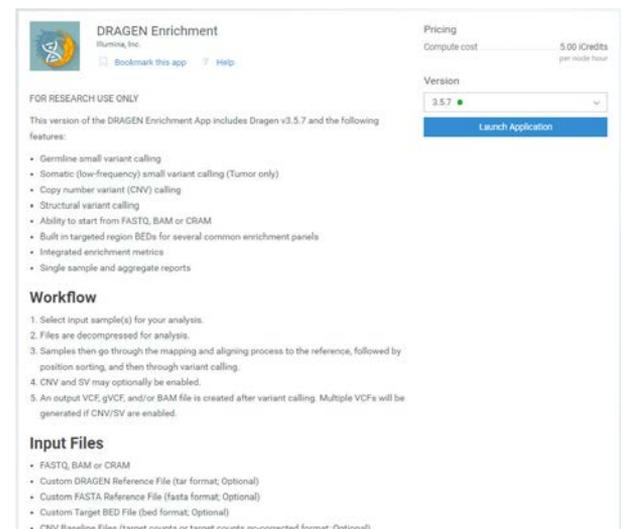


Abbildung 7: Die auf BaseSpace Sequence Hub verfügbaren DRAGEN-Pipelines werden regelmäßig aktualisiert, wobei die jeweiligen Vorgängerversionen erhalten bleiben.

Weitere Informationen

Weitere Informationen zur Illumina DRAGEN Bio-IT-Plattform können Sie per E-Mail an informatics@illumina.com anfordern.

Ergänzende Dokumentationen, einschließlich aktueller Benutzer- und Installationshandbücher sind auf der [Support-Website von Illumina](#) abrufbar.

Quellen

1. DRAGEN-GATK Update: Let's get more specific.
gatkbroadinstitute.org/hc/en-us/articles/360039984151-DRAGEN-GATK-Update-Let-s-get-more-specific. Aufgerufen am 16. März 2020.
2. Bio IT World. Children's Hospital Of Philadelphia, Edico Set World Record For Secondary Analysis Speed. 23. Oktober 2017. www.bio-itworld.com/2017/10/23/childrens-hospital-of-philadelphia-edico-set-world-record-for-secondary-analysis-speed.aspx. Aufgerufen am 16. März 2020.
3. The San Diego Union Tribune. Rady Children's Institute sets Guinness world record. 12. Februar 2018. www.sandiegouniontribune.com/news/health/sd-no-rady-record-20180209-story.html. Aufgerufen am 19. März 2020.

Bestellinformationen

Produktname	Beschreibung	Katalog-Nr.	
DRAGEN-Server	Enthält FPGA-Chip zur schnelleren NGS-Sekundäranalyse	20027360	
DRAGEN Server Advance Exchange Support Plan	Enthält Vorabaustausch für DRAGEN-Server/technischen Support per Fernzugriff (8 x 5)	20032797	
DRAGEN Server Installation		20031995	
Produktname	Durchsatz	Geschätztes Äquivalent von 30xWGS	Katalog-Nr.
DRAGEN Level 1 License	100.000 Gb	1.000 Proben	20027361
DRAGEN Level 2 License	250.000 Gb	2.500 Proben	20027361
DRAGEN Level 3 License	500.000 Gb	5.000 Proben	20027361
DRAGEN Level 4 License	1.000.000 Gb	10.000 Proben	20027361
DRAGEN Level 5 License	2.000.000 Gb	20.000 Proben	20027361

Alle Lizenzen sind ein Jahr gültig.

Für DRAGEN TruSight Oncology 500 ctDNA ist eine separate Lizenz erforderlich.

illumina, Inc. • 1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) • +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA) • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

© 2019 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Weitere Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html. Pub.-Nr. 970-2018-002-C DEU QB 6572

illumina[®]

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.

970-2018-002-C DEU | 6