

Die Verwendung dieses Produkts ist durch Patente geschützt, die sich im Besitz von Illumina, Inc. befinden und für Illumina, Inc. lizenziert wurden. Mit der Zahlung für dieses Produkt wird das begrenzte, nicht übertragbare Recht erworben, dieses Produkt wie vorgesehen und im Einklang mit seiner Dokumentation und allen anderen zugehörigen Geschäftsbedingungen zu verwenden. Eine repräsentative, nicht vollständige Liste solcher Patente ist unter www.illumina.com/patents zu finden. Kein Recht wird im Rahmen eines anderen Patents oder für eine anderweitige Nutzung weder ausdrücklich noch implizit bzw. durch Rechtsverwirkung abgetreten.

Dieses Dokument und dessen Inhalt sind Eigentum von Illumina, Inc. und deren Partner-/Tochterunternehmen („Illumina“) und ausschließlich für den bestimmungsgemäßen Gebrauch durch den Kunden in Verbindung mit dem Gebrauch des hier beschriebenen Produkts (der hier beschriebenen Produkte) und für keinen anderen Bestimmungszweck ausgelegt. Dieses Handbuch und dessen Inhalt dürfen ohne schriftliches Einverständnis von Illumina nicht verwendet und zu keinem anderen Zweck verteilt bzw. anderweitig übermittelt, offengelegt oder auf irgendeine Weise reproduziert werden. Illumina überträgt mit diesem Dokument keine Lizenzen unter seinem Patent, Markenzeichen, Urheberrecht oder bürgerlichen Recht bzw. ähnlichen Rechten an Drittparteien.

Die Anweisungen in diesem Dokument müssen von qualifiziertem und entsprechend ausgebildetem Personal genau befolgt werden, damit die in diesem Dokument beschriebene Anwendung der Produkte sicher und ordnungsgemäß erfolgt. Vor der Verwendung dieser Produkte muss der Inhalt dieses Dokuments vollständig gelesen und verstanden worden sein.

FALLS NICHT ALLE HIERIN AUFGEFÜHRTEN ANWEISUNGEN VOLLSTÄNDIG GELESEN UND BEFOLGT WERDEN, KÖNNEN PRODUKTSCHÄDEN, VERLETZUNGEN DER BENUTZER UND ANDERER PERSONEN SOWIE ANDERWEITIGER SACHSCHADEN EINTRETEN, WAS ZU EINEM ERLÖSCHEN DER PRODUKTGARANTIE FÜHRT.

ILLUMINA ÜBERNIMMT KEINERLEI HAFTUNG FÜR SCHÄDEN, DIE AUS DER UNSACHGEMÄSSEN VERWENDUNG DER HIERIN BESCHRIEBENEN PRODUKTE (EINSCHLIESSLICH TEILEN HIERVON ODER DER SOFTWARE) ENTSTEHEN.

© 2019 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten.

Alle Marken sind das Eigentum von Illumina, Inc. oder ihrer jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.

Versionshistorie

Dokument	Datum	Beschreibung der Änderung
Dokument-Nr. 1000000067940 v02	April 2019	Zwecks Übereinstimmung mit Schulungsmaterialien ausführliche Informationen zu NIPT und ergänzenden Berichten hinzugefügt.
Dokument-Nr. 1000000067940 v01	Februar 2019	Veröffentlichung des Kundenhandbuchs zur VeriSeq NIPT Solution v2 Software.
Dokument-Nr. 1000000067940 v00	November 2018	Erste Version (nur zum internen Gebrauch).

Inhaltsverzeichnis

Versionshistorie	iii
Kapitel 1 VeriSeq NIPT Solution v2	1
Einleitung	1
Systemarchitektur	2
Kapitel 2 VeriSeq NIPT Workflow Manager	4
Einleitung	4
VeriSeq NIPT Method	4
VeriSeq NIPT Batch Manager	4
VeriSeq NIPT Services	11
Kapitel 3 Sequenzierer der nächsten Generation	14
Einleitung	14
Sequenzierungs-Pool	14
Integration der Datenspeicherung	14
Durchsatzkapazität für die Analyse	15
Durch den Netzwerkverkehr bedingte Einschränkungen	15
VeriSeq NIPT Local Run Manager	15
Kapitel 4 VeriSeq NIPT Assay Software v2	16
Einleitung	16
Komponenten der Assay Software	16
Web-Benutzeroberfläche	21
Analyse und Berichterstellung	30
VeriSeq Onsite Server v2	32
Anhang A Kennzahlen der Qualitätssicherung	36
Kennzahlen und Grenzwerte für die Quantifizierungsqualitätssicherung	36
Kennzahlen und Grenzwerte für die Sequenzierungsqualitätssicherung	37
Anhang B Systemberichte	38
Einleitung	38
Übersicht über die Systemberichte	39
Ereignisse für das Erstellen von Berichten	40
Berichte zu Ergebnissen und Benachrichtigungen	42
Prozessberichte	53
Anhang C Fehlerbehebung	60
Einleitung	60
Benachrichtigungen der Assay Software	61
Systemprobleme	73

Datenverarbeitungstests	73
Anhang D Weitere Ressourcen	75
Anhang E Akronyme	76
Technische Unterstützung	77

Kapitel 1 VeriSeq NIPT Solution v2

Einleitung	1
Systemarchitektur	2

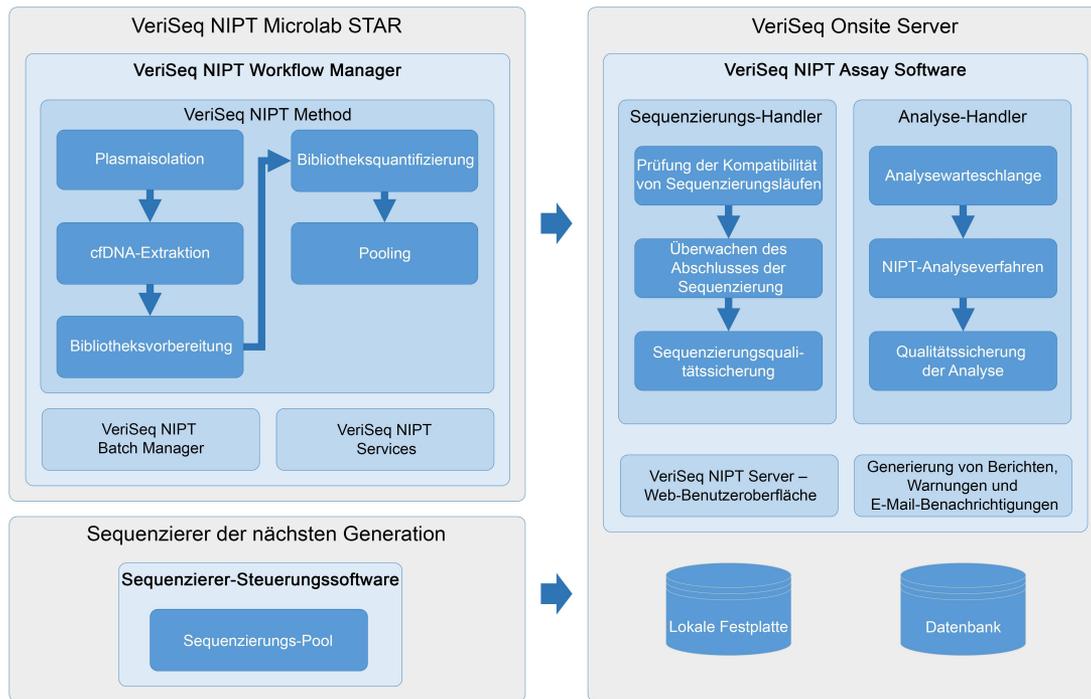
Einleitung

VeriSeq NIPT Solution v2 ist ein *In-vitro*-Diagnostetest und zum sequenzierungsbasierten Screening für den Nachweis fetaler Aneuploidien aus mütterlichen peripheren Vollblutproben von Schwangeren, die sich mindestens in der 10. Schwangerschaftswoche befinden, bestimmt. Der Test bietet zwei Optionen für Screening-Arten: „basic“ (einfach) und „genomewide“ (genomweit). Das einfache Screening liefert Informationen zum Aneuploidie-Status ausschließlich für die Chromosomen 21, 18, 13, X und Y. Das genomweite Screening liefert Informationen zu partiellen Deletionen bzw. Duplikationen für alle Autosomen und den Aneuploidie-Status für alle Chromosomen. Beide Screening-Typen bieten eine Option zur Anforderung eines Berichts zur Geschlechtschromosomen-Aneuploidie (SCA). Bei beiden Screening-Typen darf das Gerät nicht als alleinige Quelle für eine Diagnose oder die Entscheidung über einen Schwangerschaftsabbruch verwendet werden.

Die Systemarchitektur von VeriSeq NIPT Solution v2 umfasst Folgendes:

- ▶ **VeriSeq NIPT Microlab STAR (ML STAR):** Ein Gerät für das automatisierte Liquid-Handling. Es verwendet den VeriSeq NIPT Workflow Manager und die VeriSeq NIPT Sample Prep Kits, um Bibliotheksproben vorzubereiten und nachzuverfolgen. Das ML STAR bereitet für die Analyse mit der VeriSeq NIPT Assay Software v2 bestimmte Proben gemäß den Gebrauchsanweisungen in *der Packungsbeilage zu VeriSeq NIPT Solution v2 (Dokument-Nr. 1000000078751)* vor.
- ▶ **Sequenzierer der nächsten Generation (NGS):** Ein Gerät für die genomweite Sequenzierung, in dem auch die Clusterbildung erfolgt. Die Steuerungssoftware des Sequenzierers steuert die Schritte für die Konfiguration eines Sequenzierungslaufs und erzeugt Sequenzierungs-Reads für alle Proben in dem quantifizierten Bibliotheken-Pool.
- ▶ **VeriSeq Onsite Server v2:** Ein Server, der die VeriSeq NIPT Assay Software v2 hostet und Paired-End-Sequenzierungsdaten für die Analyse speichert. Die Assay Software überwacht und analysiert fortlaufend die Sequenzierungsdaten und liefert Probenergebnisse, Prozessberichte und Benachrichtigungen.

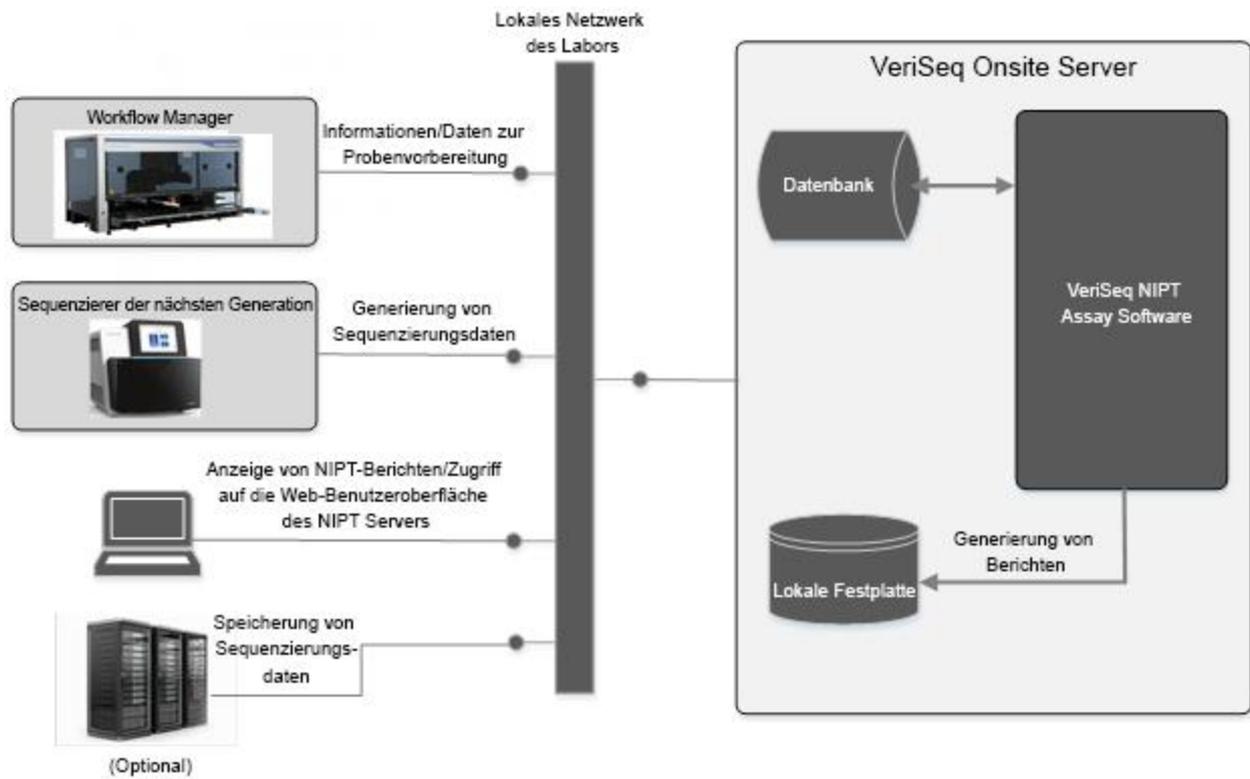
Abbildung 1 Komponenten der VeriSeq NIPT Solution v2



Systemarchitektur

VeriSeq NIPT Solution v2 verwendet das LAN (Local Area Network) des Labors, um alle Geräte des Systems über dasselbe Subnetz miteinander zu verbinden. Die Nutzung des LAN ermöglicht es, die Geräte flexibel zu platzieren und den Datendurchsatz durch den Anschluss zusätzlicher Sequenzierer und/oder ML STAR-Workstations zu erhöhen. [Abbildung 2](#) bietet eine Übersicht.

Abbildung 2 VeriSeq NIPT Solution v2 – Übersicht



Kapitel 2 VeriSeq NIPT Workflow Manager

Einleitung	4
VeriSeq NIPT Method	4
VeriSeq NIPT Batch Manager	4
VeriSeq NIPT Services	11

Einleitung

Der VeriSeq NIPT Workflow Manager ist auf dem ML STAR-Gerät installiert. Er bietet eine einfache und intuitive grafische Benutzeroberfläche, die die Vorbereitung von Blutproben gemäß der VeriSeq NIPT Solution v2 automatisiert. Der Workflow Manager hält eine Datenverbindung zum VeriSeq Onsite Server v2 für die Datenverarbeitung und -speicherung sowie die Probenverfolgung und die Umsetzung der Workflow-Logik aufrecht.

Der Workflow Manager bietet Zugriff auf drei unterschiedliche Softwaremodule, die als Methoden bezeichnet werden:

- ▶ VeriSeq NIPT Method
- ▶ VeriSeq NIPT Batch Manager
- ▶ VeriSeq NIPT Services

VeriSeq NIPT Method

VeriSeq NIPT Method (Method) steuert die automatische Verarbeitung von Proben auf dem ML STAR-Gerät. Es werden die folgenden Verarbeitungsschritte durchgeführt:

- ▶ **Plasmaisolation:** Übertragung von 1 ml isoliertem Plasma aus einem Blutentnahmeröhrchen. Die Prozesslogik erstellt einen Batch mit der Assay Software. Jeder Batch enthält Probanddaten, z. B. den Barcode der Probe, den Probentyp, den Screening-Typ, die Well-Position und das Geschlechtsberichts-Flag.
- ▶ **cfDNA-Extraktion:** Reinigt cfDNA aus 900 µl Plasma.
- ▶ **Bibliotheksvorbereitung:** Erzeugt Bibliotheken aus gereinigter cfDNA, die für die Sequenzierung bereit sind. Die Bibliotheken weisen einen eindeutigen Index für jede Probe im Batch auf.
- ▶ **Bibliotheksquantifizierung:** Ermittelt die cfDNA-Konzentration mit einem interkalierenden Fluoreszenzfarbstoff in einem 384-Well-Mikroplattenformat. Die Platte enthält eine beschriftete DNA-Standardkurve und Duplikate von jeder Probe im Batch. Das System berechnet anhand der Rohfluoreszenzdaten des Mikroplatten-Readers die Probenkonzentrationen basierend auf der Standardkurve.
- ▶ **Pooling und Normalisierung:** Kombiniert Bibliotheken in einzelnen Pools für die Sequenzierung. Das System berechnet anhand der zuvor ermittelten Konzentrationen die entsprechenden Übertragungsvolumina für jede Probe im sequenzierergereinigten Pool.

VeriSeq NIPT Batch Manager

VeriSeq NIPT Batch Manager dient der Verwaltung des Status von Proben, Batches und Pools mithilfe der Benutzeroberfläche. Das System ermöglicht die Probenverfolgung mit dem Analyseverfahren über mehrere Liquid-Handling-Systeme und Sequenzierer hinweg. Weitere Informationen zu den Probenverarbeitungsverfahren finden Sie in der *Packungsbeilage zu VeriSeq NIPT Solution v2 (Dokument-Nr. 1000000078751)*.

Proben lassen sich innerhalb des Workflows mithilfe von drei unterschiedlichen Kategorien verwalten. Diese werden als Objekte bezeichnet:

Objekt	Beschreibung
Probe	Ergebnis einer einmaligen Entnahme von 1 ml Plasma aus einem einzelnen Blutröhrchen. Die Proben sind dem Barcode des Blutröhrchens (dem Barcode der Probe) und dem Batch zugeordnet.
Batch	Platte mit 24, 48 oder 96 Proben, die durch cfDNA-Extraktion und mit dem Bibliotheksvorbereitungsverfahren verarbeitet wird.
Pool	Normalisiertes und verdünntes Volumen von sequenzierereigneten, doppelt indizierten Bibliotheken. Jeder Pool enthält bis zu 48 Proben.

Bei der Verarbeitung können folgende Aktionen für die Objekte durchgeführt werden:

Aktion	Objekt	Bericht generiert	Beschreibung
Ungültigmachung	Probe	Sample Invalidation (Ungültig gemachte Proben)	Der Benutzer hat die Probe als ungültig für die Verarbeitung markiert. Für ungültig gemachte Proben wird kein Testergebnis generiert. Beispiel: Bei der Plasmaisolation stellen Sie eine Blutzellen-Verschleppung fest.
	Batch	Batch Invalidation (Ungültig gemachte Batches)	Der Benutzer hat den Batch als ungültig markiert. Wenn das Ungültigmachen des Batches vor der Poolgenerierung erfolgt, werden alle Proben ungültig gemacht. Beispiel: Die Platte wurde fallen gelassen oder anderweitig unsachgemäß gehandhabt.
	Pool	Pool Invalidation (Ungültig gemachte Pools)	Der Benutzer hat den Pool als ungültig markiert. Nach zwei Pool-Ungültigmachungen werden alle Proben im Pool ungültig gemacht. Beispiel: Das gesamte bei zwei fehlerhaften Sequenzierungen verbrauchte Pool-Volumen.
Nichtbestehen der Qualitätssicherung	Probe	Sample Invalidation (Ungültig gemachte Proben)	VeriSeq NIPT Solution v2 hat aufgrund des Nichterreichens einer angegebenen Qualitätssicherungskennzahl oder eines vom System festgestellten Fehlers beim Liquid-Handling die Probe als ungültig markiert.
	Batch	Batch Invalidation (Ungültig gemachte Batches)	VeriSeq NIPT Solution v2 hat den gesamten Batch automatisch als ungültig markiert. Beispiel: Systemfehler beim Liquid-Handling.
Abbruch	Probe	Sample Cancellation (Abgebrochene Proben)	Die Laborleitung hat die Probe als abgebrochen markiert. Es wird kein Testergebnis generiert.

Aktion	Objekt	Bericht generiert	Beschreibung
Bearbeiten von Probenattributen	Probe	Geschlechtsbericht	Der Benutzer hat für den Geschlechtsbericht „Yes“ (Ja), „No“ (Nein) oder „SCA“ ausgewählt. Wenn für den Geschlechtsbericht der Probe „Yes“ (Ja) ausgewählt wurde, wird das Geschlecht der Probe angegeben. Wenn für den Geschlechtsbericht der Probe „No“ (Nein) ausgewählt wurde, wird das Geschlecht der Probe nicht angegeben. Wenn für den Geschlechtsbericht der Probe „SCA“ ausgewählt wurde, werden nur Aneuploidien der Geschlechtschromosomen im Bericht angegeben.
	Probe	Probentyp	Der Probentyp wird vom Benutzer als „Singleton“ (Einling), „Twin“ (Zwilling), „Control“ (Kontrolle) oder „No Template Control“ (NTC, Negativkontrolle) angegeben. Die Geschlechtstypbezeichnung der Probe wirkt sich unmittelbar auf die Analyse des Tests aus. Um genaue Testergebnisse zu gewährleisten, ist die korrekte Angabe des Probentyps erforderlich.
	Probe	Screening-Typ	Der Screening-Typ wird vom Benutzer als „basic“ (einfach) (nur 21, 18, 13, X und Y) oder „genomewide“ (genomweit) (alle Chromosomen) angegeben.

Nach dem Ungültigmachen, Nichtbestehen der Qualitätssicherung oder dem Abbrechen wird das betreffende Objekt nicht weiterverarbeitet. Labor-Informations-Management-Systeme (LIMS) können Berichte zu ungültig gemachten Proben verwenden, um die erneute Probenverarbeitung aus dem Blutentnahmeröhrchen anzugeben.

Probenblatteingabe

Das Eingabe-Probenblatt enthält patientenbezogene Probendaten, z. B. den Probentyp und den Status der Geschlechtschromosomenberichterstellung. Das System benötigt zur Generierung von Sequenzierungspools vollständige Probendaten.



VORSICHT

Nehmen Sie, um Fehler zu vermeiden, keine Probeninformationen zu NTCs in das Probenblatt auf. Lassen Sie diese komplett aus und fügen Sie keine Zeilen für diese Angaben ein. Das System fügt Barcodes, den Screening-Typ, den Probentyp und den Geschlechtsbericht für NTCs automatisch ein.

Das Eingabe-Probenblatt muss eine tabulatorgetrennte Textdatei (*.txt) sein. Die Spaltenüberschriften in der Datei müssen exakt den in der folgenden Tabelle aufgeführten Spaltenüberschriften entsprechen.

Spaltenüberschrift	Datentyp	Anforderung	Beschreibung
batch_name	Zeichenfolge/Leer	Erforderlich	Gibt den Batchnamen der Probe an. Der Name muss dem Batchnamen entsprechen, der in die Calling-Methode (Workflow Manager) eingegeben wurde, um sicherzustellen, dass das Eingabe-Probenblatt dem korrekten Batch zugeordnet wird. Die maximal zulässige Länge beträgt 26 Zeichen. Die Spalte kann leer bleiben. HINWEIS: Probenblätter ohne die Spalte „batch_name“ werden nicht akzeptiert.
sample_barcode	Zeichenfolge	Erforderlich	Barcodes der in das ML STAR-Gerät geladenen Blutprobenröhrchen. Proben-Barcodes aus Ganzzahlen dürfen aus maximal 15 Ziffern bestehen. Alphanumerische Proben-Barcodes dürfen maximal 32 Zeichen lang sein. Es sind nur Zahlen, Buchstaben, Bindestriche (-) und Unterstriche (_) zulässig.

Spaltenüberschrift	Datentyp	Anforderung	Beschreibung
sample_type	Zeichenfolge	Erforderlich	Gibt den Probentyp für die Analyse an. Zulässige Werte sind „Singleton“ (Einling), „Twin“ (Zwilling), „Control“ (Kontrolle) und „NTC“ (Negativkontrolle).
sex_chromosomes	Zeichenfolge	Erforderlich	Gibt an, ob eine Berichterstellung zu den fetalen Geschlechtschromosomen erfolgen soll. Zulässige Werte sind „yes“ (ja, Bericht), „no“ (nein, kein Bericht) und „sca“ (nur Bericht zu Aneuploidien der Geschlechtschromosomen).
screen_type	Zeichenfolge	Erforderlich	Gibt den Screening-Typ für die Analyse an. Zulässig sind die Werte „basic“ (einfach) und „genomewide“ (genomweit).

Das Eingabe-Probenblatt wird während der Plasmaisolation oder des Poolings hochgeladen. Zum Hochladen kann der Batch Manager verwendet werden. Die Probanden werden beim Hochladen der Proben geprüft. Bei den während der Plasmaisolation hochgeladenen Proben kann es sich um eine vollständige Probenliste oder eine Teilmenge von Proben handeln. Beim Pooling fordert das System fehlende Probanden an, die während der Plasmaisolation nicht hochgeladen wurden.

Der Benutzer hat die Kontrolle über das Laden der Proben entweder für alle Proben im Batch (Batches, die vom LIMS des Kunden erstellt wurden) oder für erneute Tests (die verbleibenden offenen Positionen werden mit verfügbaren Proben befüllt).

Wählen Sie eine der drei Nutzungsmöglichkeiten für Probenblätter:

- ▶ Vordefinierte Batches (vom LIMS erstellte Batches)
- ▶ Ad-hoc-Batcherstellung (Workflow Manager erstellt Batches)
- ▶ Hybride Batcherstellung (Proben werden nach LIMS-Priorität aufgefüllt)

Vordefinierte Batches (vom LIMS erstellte Batches)

Batches können vor Beginn der Probenverarbeitung vom LIMS des Kunden erstellt werden. Bei vordefinierten Batches sind alle Proben bereits einem Batch zugeordnet, bevor sie in das ML STAR-Gerät geladen werden. Das während der Plasmaisolation hochgeladene Probenblatt enthält alle Proben des Batches und sämtliche Probanden. Probenblätter für vom LIMS erstellte Batches müssen die Batch-ID-Spalte enthalten, um sicherzustellen, dass zu Beginn der Verarbeitung die korrekte Batch-ID manuell in den Workflow Manager eingegeben wurde.

Dieser Ansatz hat den Vorteil einer genauen Kontrolle über die zu ladenden Proben, da das System erfordert, dass alle im Probenblatt aufgeführten Proben im Batch enthalten sind. Es werden keine weiteren Informationen benötigt und das Labor kann ohne die Eingabe zusätzlicher Daten bis zum endgültigen Bericht fortfahren.

- ▶ **Vorteile:** Bietet die vollständige Kontrolle über den Batchinhalt. Verhindert das Laden unerwünschter Proben.
- ▶ **Nachteile:** Es wird ein System für das Erstellen von Batches aus dem Bestand (modernes LIMS) benötigt. Erfordert ggf. Laborpersonal, das die korrekten Proben aus dem Lagerungsbereich abrufen, oder ein modernes Probenlagerungssystem.

Ad-hoc-Batcherstellung – Erstellte Batches

Batches können im Labor erstellt werden, d. h., die Probenröhrchen werden gesammelt und bei der Plasmaisolation auf das ML STAR-Gerät geladen. Eine vorherige Proben-zu-Batch-Zuordnung ist nicht erforderlich und der Labormitarbeiter legt fest, welche Proben zum Batch hinzugefügt werden.

Wenn der Benutzer dazu aufgefordert wird, wählt er während der Plasmainsolation **No Sample Sheet** (Kein Probenblatt) aus. Der Workflow Manager ordnet die geladenen Proben der manuell eingegebenen Batch-ID zu und erstellt einen Bericht zur Batchinitialisierung. Der Bericht kann an das LIMS-System des Labors gesendet werden, um anzugeben, dass der Batch erstellt wurde, und um die Liste der zugeordneten Proben bereitzustellen.

- ▶ **Vorteile:** Ein LIMS oder ein Probenblatt wird nicht benötigt. Die Benutzer können den Bericht zur Batchinitialisierung mit Informationen zum Probenotyp, Screening-Typ, und Geschlechtsbericht für das Hochladen während des Poolings ändern. Flexibel, Proben können jederzeit hinzugefügt werden.
- ▶ **Nachteile:** Keine automatisierte Kontrolle über die Proben, die in den Batch aufgenommen werden. Der Benutzer kann unerwünschte Proben laden. Die Probeninformationen müssen beim Pooling hochgeladen werden.

Hybride Batcherstellung – Proben nach LIMS-Priorität

Das LIMS-System des Kunden kann einen Batch mit einer Teilmenge der vordefinierten Proben erstellen. Die restlichen Proben des Batches werden vom Workflow Manager aus den geladenen Proben befüllt. Der Benutzer lädt in diesem Fall ein unvollständiges Probenblatt während der Plasmainsolation hoch. Auch hier wird Laboren empfohlen, die Batch-ID-Spalte auszufüllen, wenn die Batchnamen zuvor festgelegt werden sollen. Manchmal lädt der Benutzer ggf. ein leeres Probenblatt hoch, das nur den Batchnamen enthält, um den manuell eingegebenen Batchnamen zu überprüfen. Diese Methode eignet sich gut für die Priorisierung hochwertiger Proben, z. B. erneute Tests, um sicherzustellen, dass diese hochwertigen Proben im Lauf enthalten sind. Welche Proben in den Batch aufgenommen werden, wird teils vom LIMS und teils vom Labormitarbeiter festgelegt.

- ▶ **Vorteile:** Bietet die Flexibilität der Ad-hoc-Batcherstellung und ermöglicht gleichzeitig die Vorgabe des Batchnamens und einiger Proben im Batch (z. B. erneute Tests).
- ▶ **Nachteile:** Nicht alle Proben werden vorgegeben, sodass immer noch das Risiko besteht, dass eine unerwünschte Probe geladen wird. Bei dieser Methode müssen Sie beim Pooling noch Informationen zu einigen Proben angeben.

Bearbeiten von Probenattributen

Mit dem VeriSeq NIPT Batch Manager können Sie zu einem beliebigen Zeitpunkt vor dem Starten eines Sequenzierungslaufs die Attribute für die Geschlechtschromosomen-Berichterstellung, den Screening-Typ und den Probenotyp für einzelne Proben ändern.

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 3 Wählen Sie im Batch-Platten-Diagramm die Well-Position der gewünschten Probe aus.
- 4 Vergewissern Sie sich, dass die korrekte Probe angezeigt wird, und wählen Sie aus der Dropdown-Liste „Sample Type“ (Probenotyp) das gewünschte Probenattribut aus.
- 5 Wählen Sie aus der Dropdown-Liste „Sex Reporting“ (Geschlechtsbericht) das gewünschte Attribut aus.
- 6 Wählen Sie aus der Dropdown-Liste „Screen Type“ (Screening-Typ) das gewünschte Attribut aus.
- 7 Wählen Sie **Edit** (Bearbeiten) aus.

Ungültig gemachte Proben, Pools und Batches

Je nach Probenverarbeitungsschritt kann der Benutzer eine einzelne Probe, einen Batch oder einen Proben-Pool ungültig machen. Nach dem Ungültigmachen wird die Verarbeitung der betreffenden Probe bzw. des Batches oder Pools abgebrochen.

Verwenden Sie zu jedem Zeitpunkt vor dem Erstellen eines Testberichts VeriSeq NIPT Method oder den Batch Manager, um eine oder mehrere Proben ungültig zu machen.

Ungültigmachen mit VeriSeq NIPT Method

- 1 Wählen Sie während der Probenverarbeitung die ungültig zu machenden Wells im Fenster „Well Comments“ (Well-Anmerkungen) am Ende jedes Workflow Manager-Prozesses aus und wählen Sie **OK** aus.
- 2 Wählen Sie mindestens eine Annotation aus den Dropdown-Menüs aus oder aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Other** (Andere) und geben Sie eine Anmerkung ein.
- 3 Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Fail Sample** (Probe ungültig machen) und wählen Sie **OK** aus.
- 4 Vergewissern Sie sich, dass das System die Probe ungültig macht.

Ungültigmachen mit dem Batch Manager

Mit dem Batch Manager können Sie Folgendes ungültig machen:

- ▶ eine Probe.
- ▶ eine Probe, bevor der Pool-Schritt abgeschlossen ist.
- ▶ einen Proben-Pool nach dem Ende des Pool-Schritts und vor der Generierung eines Testberichts.



HINWEIS

Schließen Sie alle aktiven Methoden, bevor Sie den Batch Manager starten.

Zugriff auf den Batch Manager

- 1 Führen Sie die folgenden Schritte aus, um auf den Batch Manager zuzugreifen:
 - ▶ Wählen Sie im App Launcher **VeriSeq NIPT Batch Manager** aus.
 - ▶ Navigieren Sie auf einem Computer mit Verbindung zum Netzwerk zu **C:\Programme (x86)\HAMILTON-Methods\VeriSeqNIPT** und öffnen Sie die Batch Manager-Methodendatei (**VeriSeqNIPT_Batch_Manager.med**) mit dem Hamilton Run Controller.

Ungültigmachen von Proben

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 3 Wählen Sie im Batch-Platten-Diagramm die Well-Position der fehlgeschlagenen Probe aus.
- 4 Vergewissern Sie sich, dass die korrekte Probe angezeigt wird, und wählen Sie **Invalidate Sample** (Probe ungültig machen) aus.
- 5 Geben Sie den Grund für das Ungültigmachen ein und wählen Sie **Invalidate** (Ungültig machen) aus. Im Batch-Platten-Diagramm wird die Farbe der ungültig gemachten Probe von Grün in Rot geändert und in der Statusanzeige ändert sich der Status von „gültig“ in „fehlgeschlagen“.

Ungültigmachen von Batches

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 3 Wählen Sie im Batch-Platten-Diagramm **Invalidate Batch** (Batch ungültig machen) aus.
- 4 Geben Sie den Grund für das Ungültigmachen ein und wählen Sie **Invalidate** (Ungültig machen) aus. Wenn keine gültigen Pools für den Batch vorhanden sind, ändert sich auf dem Batch-Platten-Diagramm die Farbe der Proben von Grün in Rot. Gültige Pools im Batch bleiben gültig.

Ungültigmachen von Pools

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **Pool Manager** (Pool-Manager) aus.
- 3 Scannen Sie den Barcode des Pools.
- 4 Geben Sie den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 5 Geben Sie den Grund für das Ungültigmachen ein und wählen Sie **Invalidate** (Ungültig machen) aus.

Hochladen von Probenblättern

Der Benutzer kann ein Probenblatt mit Probandaten mit dem Batch Manager hochladen. Mit dieser Funktion kann der Benutzer beispielsweise Probeninformationen in umfangreichen Sets hochladen oder ändern.

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 3 Wählen Sie **Upload New Sample Sheet** (Neues Probenblatt hochladen) aus.
- 4 Navigieren Sie zum gewünschten Probenblatt und wählen Sie es aus. Wählen Sie anschließend **OK** aus.

Abbrechen von Proben

- 1 Starten Sie den Batch Manager.
- 2 Geben Sie die Batch-ID und den Benutzernamen oder die Initialen des Bedieners ein und wählen Sie **OK** aus.
- 3 Wählen Sie im Batch-Platten-Diagramm die Well-Position der abgebrochenen Probe aus.
- 4 Vergewissern Sie sich, dass die korrekte Probe angezeigt wird, und wählen Sie **Cancel Sample** (Probe abbrechen) aus.
- 5 Geben Sie den Grund für das Ungültigmachen ein und wählen Sie **Cancel** (Abbrechen) aus. Im Batch-Platten-Diagramm wird die Farbe der abgebrochenen Probe von Grün in Rot geändert.

VeriSeq NIPT Services

Die VeriSeq NIPT Services (Services) umfassen mehrere Tools für die Konfiguration und Verifizierung des ML STAR-Geräts und des Workflow Managers. Diese Tools sind nicht für den normalen Betrieb des Systems erforderlich. Sie werden aber ggf. vom technischen Support von Illumina oder Hamilton für die Fehlersuche bei Systemproblemen benötigt. Die Tools werden auch zum Anpassen der Systemparameter aufgrund von Abweichungen in der Clusterdichte verwendet.

Starten von VeriSeq NIPT Services



HINWEIS

Schließen Sie alle aktiven Methoden, bevor Sie die Services ausführen.

Führen Sie die folgenden Schritte aus, um auf VeriSeq NIPT Services zuzugreifen:

- ▶ Wählen Sie im App Launcher **VeriSeq NIPT Services** aus.
- ▶ Navigieren Sie auf einem Computer mit Verbindung zum Netzwerk zu **C:\Programme (x86)\HAMILTON\Methods\VeriSeqNIPT** und öffnen Sie die VeriSeq NIPT Services-Methodendatei (**VeriSeqNIPT_Service.med**) mit dem Hamilton Run Controller.

Die Tools der Services bieten zwei Arten von Tests:

- ▶ **Einzeltests:** Komponententests für die Fehlersuche bei ML STAR-Hardwarefehlern.
- ▶ **Service-Tools:** Tools für die Konfiguration des Workflow Managers.

Einzeltests

Zur Behebung von Hardware-Problemen, die im Workflow Manager festgestellt wurden, ist ggf. die Durchführung der folgenden Systemtests erforderlich.

Systemtest	Beschreibung
Barcode/Autoload (Barcode/Autom. laden)	Prüft die ordnungsgemäße Konfiguration des Systemdecks, des AutoLoaders und der Barcodescannen-Funktion.
CPAC	Testet die Funktion der CPAC-Heizsysteme auf dem Deck. Prüft außerdem die ordnungsgemäße Verkabelung der einzelnen Einheiten zum Steuergerät.
BVS Vacuum (BVS-Vakuum)	Testet die Funktion des Basis-Vakuumsystems (BVS) auf dem Deck, um sicherzustellen, dass das Vakuum erzeugt und der Betriebsdruck erreicht werden kann.
Independent Channel (Unabhängiger Kanal)	Testet die Funktion der unabhängigen Pipettenkanäle. Führt einen Flüssigkeitsretentionstest durch, um festzustellen, ob die Pipettenkanäle tropfen und das Abgabevolumen konsistent ist.
iSwap	Testet die Funktion des iSwap-Roboterarms und prüft die groben Deck-Lernpositionen.
96-Head (96-Kopf)	Testet die Funktion des CO-RE-96-Pipettenkopfs. Führt einen Flüssigkeitsretentionstest durch, um festzustellen, ob die Pipettenkanäle tropfen und das Abgabevolumen konsistent ist.

So führen Sie die Einzeltests durch:

- 1 Wählen Sie den gewünschten Test aus.



HINWEIS

Bei der Durchführung einer vollständigen IOQ (Installations-Funktionalitätsqualifizierung) werden alle sechs Tests der Reihe nach durchgeführt.

- 2 Befolgen Sie die Anweisungen auf dem Bildschirm und notieren Sie Beobachtungen in Bezug auf die Gerätefunktion und aufgetretene Systemfehler.
- 3 Wählen Sie nach Abschluss **Abort** (Abbrechen) aus, um den Vorgang zu beenden.
- 4 Falls Sie während des Tests erstellte Trace-Systemprotokolle bereitstellen müssen, finden Sie diese unter C:\Programme (x86)\HAMILTON\LogFiles. Sie beginnen mit „VeriSeqNIPT_Services“.

Service Tools

Mit den Service Tools können Sie den Workflow Manager konfigurieren und einige Assay-Parameter festlegen.

Systemtest	Beschreibung
Server Configuration (Serverkonfiguration)	Konfiguriert und testet die Verbindung zwischen dem VeriSeq NIPT Workflow Manager und der Assay Software. Der Workflow Manager kann nur ausgeführt werden, wenn die Kommunikation zwischen diesen Systemen ordnungsgemäß funktioniert.
Assay Configuration (Assay-Konfiguration)	Wird zum Zurücksetzen der Standardbibliothekskonzentration verwendet.
Deck Teach Tool	Wird zum Exportieren und Importieren von Deck Teach-Positionen aus einer Datei verwendet.

Server Configuration (Serverkonfiguration)

Wenn sich die Netzwerkadresse von VeriSeq Onsite Server v2 ändert, leiten Sie den Workflow Manager zur neuen Adresse um.

- 1 Wählen Sie im Menü „Services Tools“ die Option **Server Configuration** (Serverkonfiguration) aus.
- 2 Ändern Sie die URL in die neue Adresse des Onsite Servers.
- 3 Wählen Sie **Test Connection** (Verbindung testen) aus, um eine Testnachricht zu senden. Wenn Sie diese Nachricht nicht erhalten, wenden Sie sich an den technischen Support von Illumina.
- 4 Wählen Sie auf dem Bildschirm „System Configuration“ (Systemkonfiguration) **OK** und anschließend **Apply** (Anwenden) aus, um die neue Adresse zu speichern.

Assay Configuration (Assay-Konfiguration)

Sie können die Konzentration der Sequenzierungsbibliotheken in den Sequenzierer-Pools in Workflow Manager während des Poolings für jeden Lauf gesondert anpassen (siehe *VeriSeq NIPT Solution v2 Packungsbeilage (Dokument-Nr. 1000000078751)*). Mit diesem Tool können Sie außerdem den Standardwert für diese Konzentration ändern.

Sie können die Werte anderer Parameter auch mit dem Tool Assay Configuration (Assay-Konfiguration) ändern. Sie können den Parameter „Default Sex Chromosome Reporting“ (Standard-Geschlechtschromosomen-Berichterstattung) auf „Yes“ (Ja) oder „No“ (Nein) festlegen. Diese Einstellung legt das Attribut fest, das den Proben zugewiesen wird, wenn bei der Probenvorbereitung die Schaltfläche „Use

Default“ (Standard verwenden) ausgewählt wird. Der Parameter „Screen Type“ (Screening-Typ) kann auf „Basic“ (einfach) oder „Genomewide“ (genomweit) festgelegt werden und gibt den Screening-Typ einer Probe an.

- 1 Wählen Sie **Assay Configuration** (Assay-Konfiguration) aus.
- 2 Geben Sie im Feld „Target Library Concentration (pg/μl)“ (Zielbibliothekskonzentration [pg/μl]) den gewünschten Wert ein.
- 3 Wählen Sie für „Default Sex Chromosome Reporting“ (Standard-Geschlechtschromosomen-Berichterstellung) den gewünschten Wert aus.
- 4 Aktualisieren Sie den „Screen Type“ (Screening-Typ) auf den gewünschten Wert.
- 5 Wählen Sie **Apply** (Übernehmen) aus.

Deck Teach Tool

Zu Fehlerbehebungs Zwecken ist ggf. das Exportieren der gelernten Positionswerte erforderlich. Verwenden Sie das Deck Teach Tool, um eine Liste mit den Positionen und deren Werten zu erstellen.

- 1 Wählen Sie **Deck Teach Tool** aus.
- 2 Wählen Sie **Export** (Exportieren) aus.
- 3 Wählen Sie einen Ausgabespeicherort für die Textdatei mit den gelernten Deckpositionen aus.
- 4 Wählen Sie **OK** aus.
Das Deck Teach Tool speichert eine Textdatei mit den Werten aller gelernten Labware-Positionen für die Workflow Manager-Installation.
- 5 Wählen Sie **Cancel** (Abbrechen) aus, um zum Bildschirm „Method Selection“ (Methodenauswahl) zurückzukehren.

Kapitel 3 Sequenzierer der nächsten Generation

Einleitung	14
Sequenzierungs-Pool	14
Integration der Datenspeicherung	14
Durchsatzkapazität für die Analyse	15
Durch den Netzwerkverkehr bedingte Einschränkungen	15
VeriSeq NIPT Local Run Manager	15

Einleitung

Ein Sequenziersystem der nächsten Generation erzeugt Sequenzierungs-Reads für alle Proben in dem quantifizierten Bibliotheken-Pool und wird über den Onsite Server in VeriSeq NIPT Solution v2 integriert. Die Sequenzierungsdaten werden vom Analyse-Handler der Assay Software ausgewertet.

Berücksichtigen Sie bei der Integration eines Sequenziersystems der nächsten Generation mit VeriSeq NIPT Solution v2 folgende Punkte:

- ▶ Integration der Datenspeicherung.
- ▶ Durchsatzkapazität für die Analyse.
- ▶ Durch den Netzwerkverkehr bedingte Einschränkungen.

Sequenzierungs-Pool

Die Assay Software benötigt einen Sequenzierer der nächsten Generation, der dafür ausgelegt ist, gemäß den folgenden Spezifikationen Sequenzierungsdaten aus dem vorbereiteten Bibliotheks-Pool zu generieren:

- ▶ Produktion von 2 x 36 Paired-End-Reads.
- ▶ Mit Index-Adaptoren im VeriSeq NIPT Sample Prep Kit kompatibel.
- ▶ Zweikanal-Chemie.
- ▶ Automatische Erzeugung von .BCL-Dateien.

Integration der Datenspeicherung

Ein typischer Sequenzierungslauf für VeriSeq NIPT Solution v2 benötigt 25–30 GB Speicherplatz für die Daten des Sequenziersystems der nächsten Generation. Die tatsächliche Datengröße kann je nach endgültiger Clusterdichte variieren. Der Onsite Server bietet mehr als 7,5 TB an Speicherplatz, also ausreichend Speicherplatz für ca. 300 Sequenzierungsläufe ($7.500 / 25 = 300$).

Ordnen Sie zu Datenspeicherungszwecken das Sequenziersystem der nächsten Generation dem Onsite Server für eine der folgenden Methoden zu:

- ▶ Verwendung des Onsite Servers als Daten-Repository. In dieser Konfiguration wird der Sequenzierer direkt dem Server zugeordnet und er speichert Daten auf dem lokalen Laufwerk.
- ▶ Verwenden Sie in Laboren mit hohem Durchsatz ein NAS-System. Konfigurieren Sie das Sequenziersystem der nächsten Generation so, dass die Sequenzierungsdaten direkt an einem bestimmten Speicherort im NAS-System gespeichert werden.

Konfigurieren Sie in diesem Fall den Onsite Server zur Überwachung des spezifischen NAS-Speicherorts, was dem Server ermöglicht, anstehende Sequenzierungsläufe zu überwachen. Mehrere Sequenziersysteme der nächsten Generation können hinzugefügt werden, um den Probendurchsatz zu erhöhen. Weitere Informationen darüber, wie Sie den Server dem NAS-System zuordnen, finden Sie unter *Verwalten eines freigegebenen Netzlaufwerks auf Seite 26*.

Weitere Informationen darüber, wie die Sequenziersysteme der nächsten Generation dem Server oder dem NAS-System zugeordnet werden, finden Sie im Benutzerhandbuch des Systems.

Durchsatzkapazität für die Analyse

Die Verarbeitung der Daten eines einzelnen Sequenzierungslaufs mit dem VeriSeq NIPT Analyseverfahren dauert in der Regel etwa 5 Stunden. Wenn Sie Ihr Labor für einen höheren Probendurchsatz erweitern möchten, beachten Sie, dass ein einzelner Server maximal vier Läufe pro Tag verarbeiten kann, d. h. insgesamt 48 Proben x 4 = 192 Proben pro Tag. Wenden Sie sich an den Support von Illumina, wenn Sie Lösungen für einen höheren Durchsatz benötigen.

Durch den Netzwerkverkehr bedingte Einschränkungen

VeriSeq NIPT Solution v2 nutzt das LAN (Local Area Network) des Labors für die Übertragung der Daten zwischen dem Sequenziersystem der nächsten Generation, Onsite Server und NAS (wenn konfiguriert). Wenn Sie den Probendurchsatz erweitern möchten, beachten Sie die folgenden IT-Infrastrukturbeschränkungen für den Datenverkehr:

- ▶ Der durchschnittliche Datenverkehr von ca. 25 GB, der über einen Zeitraum von ca. 10 Stunden generiert wird, beträgt pro Sequenzierer etwa 0,7 MB/Sekunde.
- ▶ Die Laborinfrastruktur unterstützt möglicherweise auch andere Datenverkehrsquellen, die einkalkuliert werden müssen.

VeriSeq NIPT Local Run Manager

Wenn Sie ein Sequenziersystem der nächsten Generation mit VeriSeq NIPT Local Run Manager (LRM)-Modul verwenden, bereiten Sie die Sequenzierung mithilfe der folgenden Schritte vor:

- 1 Wählen Sie in Local Run Manager **Create Run** (Lauf erstellen) aus.
- 2 Wählen Sie im Dropdownmenü **VeriSeq NIPT** aus.
- 3 Füllen Sie die folgenden Felder aus.
 - ▶ Run Name (Laufname)
 - ▶ Run Description (optional) (Laufbeschreibung (optional))
 - ▶ Pool Barcode (Pool-Barcode)



VORSICHT

Der in das LRM-Modul eingegebene Pool-Barcode muss dem im Workflow Manager eingegebenen Pool-Barcode entsprechen. Fehlerhafte Laufkonfigurationen werden von der Assay Software abgelehnt und können eine Resequenzierung erforderlich machen.

- 4 Wählen Sie **Save Run** (Lauf speichern).

Nach Abschluss der Einrichtung des Laufs können Sie diesen mithilfe der Gerätesoftware starten.

Kapitel 4 VeriSeq NIPT Assay Software v2

Einleitung	16
Komponenten der Assay Software	16
Web-Benutzeroberfläche	21
Analyse und Berichterstellung	30
VeriSeq Onsite Server v2	32

Einleitung

VeriSeq NIPT Assay Software v2 generiert Statistiken zur Analyse der Chromosom-Kopienzahl der getesteten Proben und ermittelt Aneuploidien auf den zur Analyse ausgewählten Chromosomen. Die Auswahl der zur Analyse ausgewählten Chromosomen hängt vom gewählten Screening-Typ ab: „basic“ (einfach) (Chromosomen 21, 18, 13, X und Y) oder „genomewide“ (genomweit) (alle Chromosomen). Bei Auswahl der Option „genomewide“ (genomweit) testet die Software auch auf das Vorhandensein subchromosomaler Regionen mit höherer bzw. niedrigerer Kopienzahl innerhalb des Autosoms. Ein Sequenzierungsgerät der nächsten Generation erzeugt Eingangsdaten für die Analyse in Form von Paired-End-Reads mit 36 Basen.

Die VeriSeq NIPT Assay Software v2 wird auf dem VeriSeq Onsite Server v2 ausgeführt. Der Onsite Server ist eine zentrale Komponente von VeriSeq NIPT Solution v2 und der Verbindungspunkt zwischen dem VeriSeq NIPT Workflow Manager, dem Sequenziersystem der nächsten Generation und dem Benutzer.

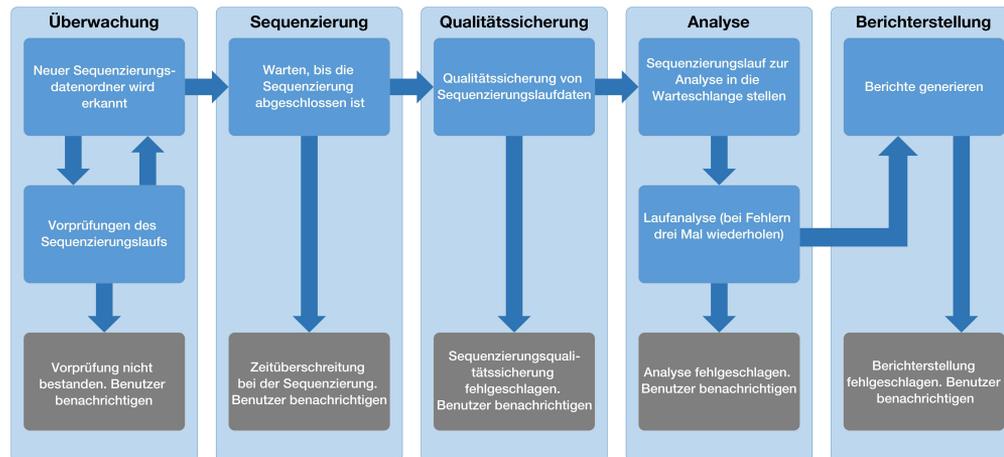
Die Assay Software richtet die Reads am Referenzhumangenom aus und analysiert die Reads, die einer eindeutigen Position im Genom zugeordnet sind. Die Assay Software schließt doppelte Reads und Positionen aus, die mit hohen Abdeckungsvariationen über euploide Proben hinweg assoziiert sind. Die Sequenzierungsdaten werden für Nukleotid-Inhalt sowie zur Korrektur von Batch-Effekten und anderen Quellen unerwünschter Variabilität normalisiert. Die Informationen zur cfDNA-Fragmentlänge werden von den Paired-End-Sequenzierungs-Reads abgeleitet. Darüber hinaus untersucht die Assay Software Statistiken zur Sequenzierungsabdeckung für Regionen, die für eine Anreicherung von fetaler oder mütterlicher cfDNA bekannt sind. Die aus der Analyse der Fragmentlänge und der Abdeckung generierten Daten werden verwendet, um die fetale Fraktion (FF) für jede Probe zu schätzen.

Die Assay Software gibt für jede im Testmenü für die Probe ausgewählte Screening-Option an, ob eine Anomalie erkannt wurde oder nicht. Beim einfachen Screening sind alle Anomalien Aneuploidien. Beim genomweiten Screening kann es sich bei Anomalien um Aneuploidien sowie um partielle Deletionen bzw. Duplikationen handeln.

Komponenten der Assay Software

Die Assay Software verarbeitet und überwacht kontinuierlich neue Sequenzierungsdaten, die zum Ordner „Input“ (Eingabe) auf dem Onsite Server hinzugefügt werden. Wenn ein neuer Sequenzierungslauf erkannt wird, beginnt der nachfolgend beschriebene Datenfluss.

Abbildung 3 Datenflussdiagramm



- Überwachung:** Vorprüfung der Validität des neuen Sequenzierungslaufs. Bei der Validitätsprüfung werden die Kompatibilität der Laufparameter (Stimmen die Werte mit den erwarteten Werten überein?) und die Zuordnung der Fließzelle zu einem bekannten vorhandenen Pool-Röhrchen geprüft. Außerdem wird sichergestellt, dass Ergebnisse für dieselben Proben in diesem Pool nicht bereits vorliegen (erneute Verarbeitung). Wenn eine dieser Prüfungen fehlschlägt, wird der Benutzer über das E-Mail-Benachrichtigungssystem und das Warnmeldungsprotokoll auf der Web-Benutzeroberfläche benachrichtigt.
- Sequenzierung:** Überwacht kontinuierlich die Durchführung des Sequenzierungslaufs. Es wird ein Zeitpunkt festgelegt, bis zu dem der Lauf abgeschlossen sein muss. Wird dieses Zeitüberschreitungslimit erreicht, wird der Benutzer über das E-Mail-Benachrichtigungssystem und das Warnmeldungsprotokoll auf der Web-Benutzeroberfläche benachrichtigt.
- Qualitätssicherung:** Prüft die vom Sequenzierer generierten InterOp-QS-Dateien. Die Assay Software prüft die Gesamtzahl der Cluster, die Clusterdichte und die Qualitäts-Scores der Reads. Wenn die QS-Kriterien nicht erfüllt werden, wird der Benutzer über das E-Mail-Benachrichtigungssystem und das Warnmeldungsprotokoll auf der Web-Benutzeroberfläche benachrichtigt.
- Analyse:** Verwaltet die Warteschlange der Analyse für mehrere Sequenzierungsläufe, die von verschiedenen, für den Server konfigurierten Geräten generiert wurden. Der Server verarbeitet die einzelnen Analyseläufe nacheinander nach dem FIFO-Prinzip (First In, First Out). Nach dem erfolgreichen Abschluss eines Analyselaufs wird die nächste anstehende Analyse in der Warteschlange gestartet. Wenn ein Analyselauf fehlschlägt oder das Zeitüberschreitungslimit erreicht ist, startet die Assay Software die Analyse automatisch bis zu drei Mal neu. Nach jedem Fehlschlagen eines Laufs wird der Benutzer über das E-Mail-Benachrichtigungssystem und das Warnmeldungsprotokoll auf der Web-Benutzeroberfläche benachrichtigt.
- Berichterstellung:** Generiert nach Abschluss der Analyse den Bericht mit den endgültigen Ergebnissen. Wenn ein Fehler auftritt und keine Berichte erstellt werden, wird der Benutzer über das E-Mail-Benachrichtigungssystem und das Warnmeldungsprotokoll auf der Web-Benutzeroberfläche benachrichtigt.

Assay Software-Aufgaben

Die Assay Software führt automatisierte und vom Benutzer initiierte Aufgaben durch.

Automatisierte Aufgaben

Die Assay Software führt folgende automatisierte Aufgaben durch:

- ▶ **Sammlung und Speicherung von Probenvorbereitungsprotokollen:** Am Ende jedes Schritts generiert die Software mehrere Ausgabedateien und speichert diese im Ordner „ProcessLogs“ im Ordner „Output“ (Ausgabe). Eine Übersicht finden Sie unter *Struktur der Berichtsdateien auf Seite 38* und ausführliche Informationen unter *Prozessberichte auf Seite 53*.
- ▶ **Generierung von Warnungen, E-Mail-Benachrichtigungen und Berichten:** Überwachung des Validitätsstatus des Batches, des Pools und der Probe während der Probenvorbereitungsschritte und der Qualitätssicherung der Sequenzierungsdaten und Analyseergebnisse pro Probe. Basierend auf diesen Validitätsprüfungen legt die Assay Software fest, ob die Verarbeitung fortgesetzt wird und die Ergebnisse protokolliert werden. Wenn ein Batch oder ein Pool gemäß den Ergebnissen der Qualitätssicherung ungültig ist, beendet die Assay Software die Verarbeitung. Sie sendet eine E-Mail-Benachrichtigung an den Benutzer, erstellt einen Bericht und zeigt eine Warnung auf der Web-Benutzeroberfläche an.
- ▶ **Analyse der Sequenzierungsdaten:** Analyse der Sequenzierungsrohdaten jeder multiplexierten Probe im Pool unter Verwendung der integrierten NIPT Analysis Software. Die Assay Software ermittelt die Aneuploidieergebnisse für jede Probe. Das System liefert keine Ergebnisse zu Proben, die der Benutzer ungültig gemacht oder abgebrochen hat. Bei Proben, die die Qualitätssicherungskriterien nicht erfüllen, gibt das System den genauen Grund für die Nichterfüllung an, die Ergebnisse der fehlgeschlagenen Probe werden jedoch nicht angezeigt. Weitere Informationen finden Sie unter *NIPT Report (NIPT-Bericht) auf Seite 42*.
- ▶ **Ergebnisdateierstellung:** Ausgabe der Probenergebnisse in eine Datei mit durch Tabulatorzeichen getrennten Werten, die im Ordner „Output“ (Ausgabe) gespeichert wird. Weitere Informationen finden Sie unter *NIPT Report (NIPT-Bericht) auf Seite 42*.
- ▶ **Berichterstellung:** Die Assay Software generiert ergänzende Informationen zu den Ergebnis-, Benachrichtigungs- und Prozessberichten. Weitere Informationen finden Sie unter *Systemberichte auf Seite 38*.

▶ **Ungültigmachung von Proben, Pools und Batches:**

- ▶ **Ungültigmachung von Proben:** Die Assay Software markiert einzelne Proben als ungültig, wenn der Benutzer:

- ▶ die entsprechende Probe explizit ungültig macht.
- ▶ die gesamte Platte bei der Bibliotheksvorbereitung und vor dem Erstellen der Pools ungültig macht.

Wird eine Probe als ungültig markiert, wird automatisch ein „Sample Invalidation Report“ (Bericht zu ungültig gemachten Proben) erstellt (siehe *Sample Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Proben)* auf Seite 52).

- ▶ **Erstellung eines Berichts zu ungültig gemachten Pools und Batches:** Pools und Batches können nur vom Benutzer ungültig gemacht werden. Ungültig gemachte Pools werden vom System nicht verarbeitet. Aus dem Batch stammende Pools, die vor der Ungültigmachung erstellt wurden, gelten nicht automatisch als ungültig und können vom System weiterverarbeitet werden. Es können jedoch keine neuen Pools aus dem ungültig gemachten Batch erstellt werden. Wenn ein Pool ungültig gemacht wird, erstellt das System einen „Pool Retest Request Report“ (Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools), wenn Folgendes zutrifft:

- ▶ Der Batch ist gültig.
- ▶ Es gibt keine weiteren Pools für diesen Batch.
- ▶ Die Anzahl der zulässigen Pools aus dem Batch ist nicht erreicht.

Weitere Informationen finden Sie unter *Pool Retest Request Report (Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools)* auf Seite 52 (Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools).

▶ **Verwaltung erneuter Tests:**

- ▶ **Fehlgeschlagene Pools:** In der Regel handelt es sich bei fehlgeschlagenen Pools um solche, die die Kennzahlen für die Sequenzierungsqualitätssicherung nicht erreicht haben. Die Assay Software fährt nicht mit der Verarbeitung fehlgeschlagener Pools fort, wenn der Lauf beendet wird. Führen Sie eine erneute Sequenzierung mit einem zweiten Aliquot des Pools durch.
- ▶ **Fehlgeschlagene Proben:** Die Software ermöglicht das erneute Testen der Proben, sofern erforderlich. Fehlgeschlagene Proben müssen in einen neuen Batch integriert werden und gemäß den Assay-Schritten erneut verarbeitet werden.
- ▶ **Erneute Ausführung von Läufen:** Das System führt keine erneute Analyse von Pools mit Proben durch, die bereits erfolgreich verarbeitet und protokolliert wurden. Sie können eine Probe erneut ausführen, wenn Sie sie in einen neuen Batch aufnehmen.

Vom Benutzer initiierte Aufgaben

VeriSeq NIPT Solution v2 ermöglicht Ihnen die Durchführung der folgenden Aufgaben:

Mit dem Workflow Manager:

- ▶ Eine einzelne Probe oder alle Proben in einem Batch bzw. in einem Pool als ungültig markieren.
- ▶ Eine bestimmte Probe als abgebrochen markieren. Die Assay Software markiert anschließend das Ergebnis im Bericht mit den endgültigen Ergebnissen als abgebrochen.

Mit der Assay Software:

- ▶ Software konfigurieren, die installiert und in die Netzwerkinfrastruktur des Labors integriert werden soll.
- ▶ Konfigurationseinstellungen ändern, z. B. Netzwerkeinstellungen, Speicherorte freigegebener Ordner und Benutzerkontenverwaltung.

- ▶ System- und Batch-Status, Ergebnis- und Batch-Verarbeitungsberichte, Aktivitäts- und Prüfprotokolle und Assay-Ergebnisse anzeigen.



HINWEIS

Benutzer können abhängig von ihren Benutzerberechtigungen bestimmte Aufgaben durchführen. Weitere Informationen finden Sie unter [Zuweisen von Benutzerrollen auf Seite 25](#).

Sequenzierungs-Handler

Die Assay Software verwaltet die von den Sequenzierungsgeräten generierten Sequenzierungsläufe über den Sequenzierungs-Handler. Der Sequenzierungs-Handler identifiziert neue Sequenzierungsläufe, validiert Laufparameter und ordnet den Pool-Barcode einem bekannten, während des Bibliotheksvorbereitungsprozesses erstellten Pool zu. Wenn eine Assoziation nicht durchgeführt werden kann, wird eine Benachrichtigung an den Benutzer generiert und die Verarbeitung des Sequenzierungslaufs wird gestoppt.

Nach erfolgreichem Abschluss der Validierung setzt die Assay Software die Überwachung der Sequenzierungslaufdurchführung fort. Abgeschlossene Sequenzierungsläufe werden in die Warteschlange eingereiht und vom Analyseverfahren-Handler weiterverarbeitet (siehe [Analyseverfahren-Handler auf Seite 20](#)).

Kompatibilität von Sequenzierungsläufen

Der Server analysiert nur Sequenzierungsläufe, die mit dem analytischen cfDNA-Workflow kompatibel sind. Verwenden Sie nur kompatible Sequenzierungsmethoden und Softwareversionen, um Base-Calls zu generieren.



HINWEIS

Überwachen Sie regelmäßig die Leistungskennzahlen der Sequenzierungsdaten, um sicherzugehen, dass die Datenqualität den Spezifikationen entspricht.

Das VeriSeq NIPT Local Run Manager-Modul konfiguriert die Sequenzierung mithilfe der folgenden Laufparameter:

- ▶ Paired-End-Lauf mit Reads mit 2 x 36 Zyklen.
- ▶ Doppelte Indizierung mit zwei Index-Reads mit acht Zyklen.

Analyseverfahren-Handler

Der Analyseverfahren-Handler startet das Analyseverfahren für den Nachweis von Aneuploidien. Das Verfahren verarbeitet die Sequenzierungsläufe einzeln mit einer durchschnittlichen Dauer von weniger als 5 Stunden pro Pool. Wenn die Verarbeitung des Pools fehlschlägt oder wegen eines Stromausfalls oder einer Zeitüberschreitung nicht abgeschlossen wird, stellt der Analyseverfahren-Handler den Lauf automatisch erneut in die Verarbeitungswarteschlange. Wenn die Verarbeitung des Pools drei Mal hintereinander fehlschlägt, wird der Lauf als fehlgeschlagen markiert und der Benutzer erhält eine entsprechende Benachrichtigung.

Nach erfolgreicher Durchführung der Analyse wird die Erstellung des NIPT-Berichts gestartet. Weitere Informationen finden Sie unter [NIPT Report \(NIPT-Bericht\) auf Seite 42](#).

Zeitüberschreitungs- und Speicherungsanforderungen für den Workflow

Der analytische cfDNA-Workflow unterliegt den folgenden Zeitüberschreitungs- und Speicherungsbeschränkungen.

Parameter	Standardwert
Maximale Sequenzierungsdauer	20 Stunden
Maximale Dauer der Analyse	10 Stunden
Minimaler temporärer Speicherplatz	900 GB

Web-Benutzeroberfläche

Die Assay Software verfügt über eine lokale Web-Benutzeroberfläche, die von jedem Standort im Netzwerk aus einen einfachen Zugang zum Onsite Server ermöglicht. Die Web-Benutzeroberfläche bietet die folgenden Funktionen:

- ▶ **View recent activities** (Zuletzt durchgeführte Aktivitäten anzeigen): Gibt die Schritte der Assay-Ausführung an, die abgeschlossen wurden. Der Benutzer wird über das E-Mail-Benachrichtigungssystem über viele dieser Aktivitäten informiert. Weitere Informationen finden Sie unter *Benachrichtigungen der Assay Software auf Seite 61*.
- ▶ **View errors and alerts** (Fehler und Alarme anzeigen): Identifiziert Probleme, die die weitere Assay-Verarbeitung ggf. verhindern. Fehlermeldungen und Alarme werden über das E-Mail-Benachrichtigungssystem an den Benutzer gesendet. Weitere Informationen finden Sie unter *Benachrichtigungen der Assay Software auf Seite 61*.
- ▶ **Configure the server network settings** (Netzwerkeinstellungen konfigurieren): Die Konfiguration des Netzwerks wird in der Regel von Mitarbeitern von Illumina bei der Installation des Systems durchgeführt. Ggf. sind Anpassungen erforderlich, wenn IT-Änderungen am lokalen Netzwerk vorgenommen werden. Weitere Informationen finden Sie unter *Ändern der Netzwerk- und Servereinstellungen auf Seite 28*.
- ▶ **Manage server access** (Serverzugriff verwalten): Der Zugang zum Onsite Server ist mit Administrator- und mit Bedienerzugriffsberechtigung möglich. Diese Bedienerberechtigungen steuern das Anzeigen der Aktivitäts-, Alarm- und Fehlerprotokolle sowie das Ändern der Einstellungen für das Netzwerk und die Datenzuordnung. Weitere Informationen finden Sie unter *Verwalten von Benutzern auf Seite 24*.
- ▶ **Configure sequencing data folder** (Sequenzierungsdatenordner konfigurieren): Standardmäßig werden die Sequenzierungsdaten auf dem Server gespeichert. Zur Erhöhung der Speicherkapazität können Sie jedoch ein zentrales NAS-System hinzufügen. Weitere Informationen finden Sie unter *Zuordnen von Serverlaufwerken auf Seite 34*.
- ▶ **Configure email notification subscribers list** (Empfängerlisten für E-Mail-Benachrichtigungen konfigurieren): Verwaltet eine Liste mit Empfängern, die per E-Mail über Fehlermeldungen und bei der Assay-Verarbeitung aufgetretene Alarme benachrichtigt werden. Weitere Informationen finden Sie unter *Konfigurieren von System-E-Mail-Benachrichtigungen auf Seite 29*.
- ▶ **Reboot or shutdown the server** (Server neu starten oder herunterfahren): Führt bei Bedarf einen Neustart des Servers durch bzw. fährt diesen herunter. Das Neustarten oder Herunterfahren kann z. B. nach einem Serverausfall oder zur Aktivierung von Konfigurationseinstellungen erforderlich sein. Weitere Informationen finden Sie unter *Durchführen eines Server-Neustarts auf Seite 34* und *Herunterfahren des Servers auf Seite 35*.

Endbenutzer-Lizenzvereinbarung

Bei der ersten Anmeldung bei der Web-Benutzeroberfläche werden Sie aufgefordert, die Endbenutzer-Lizenzvereinbarung (End User License Agreement, EULA) zu akzeptieren. Wenn Sie **Download EULA** (EULA herunterladen) auswählen, können Sie die Lizenzvereinbarung auf Ihren Computer herunterladen. Sie müssen die Lizenzvereinbarung akzeptieren, um mit der Web-Benutzeroberfläche weiterarbeiten zu können.

Nachdem Sie der Lizenzvereinbarung zugestimmt haben, können Sie zur Lizenzvereinbarungsseite zurückkehren und das Dokument bei Bedarf herunterladen.

Konfigurieren der Web-Benutzeroberfläche

Wählen Sie das Symbol „Settings“ (Einstellungen) , um eine Dropdown-Liste mit Konfigurationseinstellungen zu öffnen. Die angezeigten Einstellungen hängen von der Benutzerrolle und den zugeordneten Berechtigungen ab. Weitere Informationen finden Sie unter *Zuweisen von Benutzerrollen auf Seite 25*.



HINWEIS

Techniker haben keinen Zugriff auf diese Funktionen.

Einstellung	Beschreibung
User Management (Benutzerverwaltung)	Hinzufügen, Aktivieren/Deaktivieren und Bearbeiten von Benutzeranmeldedaten. Nur Servicetechniker und Administrator.
Email Configuration (E-Mail-Konfiguration)	Bearbeiten der Empfängerliste für E-Mail-Benachrichtigungen.
Change Shared Folder Password (Kennwort für freigegebenen Ordner ändern)	Ändern Sie das sbsuser-Kennwort für den Zugriff auf die freigegebenen Onsite Server-Ordner.
Reboot Server (Server neu starten)	Nur Servicetechniker oder Administrator.
Shut Down Server (Server herunterfahren)	Nur Servicetechniker oder Administrator.

Anmelden bei der Web-Benutzeroberfläche

So greifen Sie auf die Benutzeroberfläche der Assay Software zu und melden sich an:

- 1 Starten Sie auf einem Computer, der mit demselben Netzwerk wie der Onsite Server verbunden ist, einen der folgenden Webbrowser:
 - ▶ Chrome v69 oder höher
 - ▶ Firefox v62 oder höher
 - ▶ Internet Explorer v11 oder höher
- 2 Geben Sie die Server-IP-Adresse oder den von Illumina bei der Installation vergebenen Namen des Servers ein (entspricht \\<IP-Adresse von VeriSeq Onsite Server v2>\Anmeldedaten).
Beispiel: \\10.10.10.10\Anmeldedaten.
- 3 Falls eine Browser-Sicherheitswarnung angezeigt wird, fügen Sie eine Sicherheitsausnahme hinzu, um zum Anmeldebildschirm zu gelangen.
- 4 Geben Sie im Anmeldebildschirm den Benutzernamen und das von Illumina zur Verfügung gestellte Kennwort ein (achten Sie auf die Groß-/Kleinschreibung) und wählen Sie **Log In** (Anmelden) aus.



HINWEIS

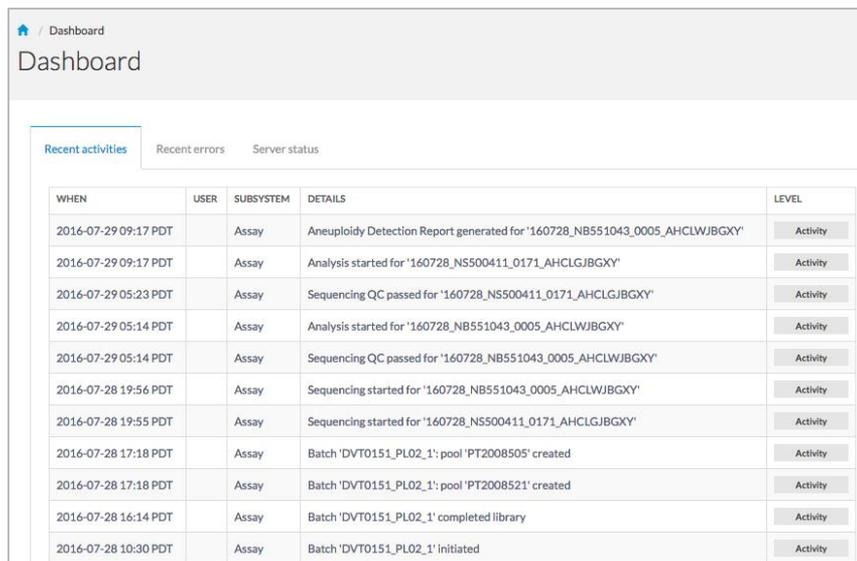
Nach 10 Minuten Inaktivität wird der aktuelle Benutzer automatisch abgemeldet.

Verwenden des Dashboards

Das Dashboard der VeriSeq NIPT Assay Software v2 ist das Hauptnavigationssfenster und wird angezeigt, nachdem Sie sich angemeldet haben. Sie können jederzeit die Menüoption **Dashboard** auswählen, um zum Dashboard zurückzukehren.

Im Dashboard sehen Sie die 50 zuletzt protokollierten Aktivitäten (wenn weniger Aktivitäten protokolliert wurden, sind nur diese aufgeführt). Sie können die 50 vorherigen protokollierten Aktivitäten abrufen und durch die Aktivitätenhistorie blättern. Wählen Sie hierzu **Previous** (Vorherige) in der rechten unteren Ecke der Aktivitätentabelle aus.

Abbildung 4 Dashboard der VeriSeq NIPT Assay Software



The screenshot shows the dashboard interface with a navigation bar at the top containing 'Dashboard'. Below it, there are three tabs: 'Recent activities' (selected), 'Recent errors', and 'Server status'. The main content area displays a table with the following data:

WHEN	USER	SUBSYSTEM	DETAILS	LEVEL
2016-07-29 09:17 PDT		Assay	Aneuploidy Detection Report generated for '160728_NB551043_0005_AHCLWJBGXY'	Activity
2016-07-29 09:17 PDT		Assay	Analysis started for '160728_NS500411_0171_AHCLGJBGXY'	Activity
2016-07-29 05:23 PDT		Assay	Sequencing QC passed for '160728_NS500411_0171_AHCLGJBGXY'	Activity
2016-07-29 05:14 PDT		Assay	Analysis started for '160728_NB551043_0005_AHCLWJBGXY'	Activity
2016-07-29 05:14 PDT		Assay	Sequencing QC passed for '160728_NB551043_0005_AHCLWJBGXY'	Activity
2016-07-28 19:56 PDT		Assay	Sequencing started for '160728_NB551043_0005_AHCLWJBGXY'	Activity
2016-07-28 19:55 PDT		Assay	Sequencing started for '160728_NS500411_0171_AHCLGJBGXY'	Activity
2016-07-28 17:18 PDT		Assay	Batch 'DVT0151_PL02_1':pool 'PT2008505' created	Activity
2016-07-28 17:18 PDT		Assay	Batch 'DVT0151_PL02_1':pool 'PT2008521' created	Activity
2016-07-28 16:14 PDT		Assay	Batch 'DVT0151_PL02_1' completed library	Activity
2016-07-28 10:30 PDT		Assay	Batch 'DVT0151_PL02_1' initiated	Activity

Anzeigen der zuletzt durchgeführten Aktivitäten

Die Registerkarte „Recent Activities“ (Letzte Aktivitäten) enthält eine Liste mit einer kurzen Beschreibung der zuletzt durchgeführten Aktivitäten der Assay Software und des Onsite Servers.

Name	Beschreibung
When (Wann)	Datum und Uhrzeit der Aktivität
User (Benutzer)	Gibt, sofern zutreffend, den Benutzer an, der die Aktivität durchgeführt hat
Subsystem	Einheit oder Prozess, der die Aktivität durchgeführt hat, z. B. Benutzer, Assay oder Konfiguration
Details	Beschreibung der Aktivität
Level (Stufe)	Stufe, die der Aktivität gemäß den folgenden Optionen zugewiesen wurde: <ul style="list-style-type: none"> • Activity (Aktivität): Gibt eine Aktivität auf dem Server an, z. B. einen Systemneustart oder die Anmeldung/Abmeldung eines Benutzers. • Notice (Hinweis): Gibt einen Schritt an, der nicht erfolgreich durchgeführt werden konnte. Beispiel: Ungültigmachung von Proben oder QS fehlgeschlagen. • Warning (Warnung): Gibt an, dass bei normaler Durchführung und ordnungsgemäßer Hardware-Funktion ein Fehler aufgetreten ist. Beispiel: unerkannte Laufparameter oder fehlgeschlagene Analyse.

Anzeigen der zuletzt aufgetretenen Fehler

Die Registerkarte „Recent Errors“ (Zuletzt aufgetretene Fehler) enthält eine Liste mit einer kurzen Beschreibung der zuletzt aufgetretenen Software- und Serverfehler.

Name	Beschreibung
When (Wann)	Datum und Uhrzeit der Aktivität
User (Benutzer)	Gibt, sofern zutreffend, den Benutzer an, der die Aktivität durchgeführt hat
Subsystem	Einheit oder Prozess, der die Aktivität durchgeführt hat, z. B. Benutzer, Assay oder Konfiguration
Details	Beschreibung der Aktivität
Level (Stufe)	Stufe, die der Aktivität gemäß den folgenden Optionen zugewiesen wurde: <ul style="list-style-type: none"> • Urgent (Dringend): Erheblicher Hardwarefehler, der den Systembetrieb beeinträchtigt. An den technischen Support von Illumina wenden. • Alert (Alarm): Fehler während des Normalbetriebs. Beispiel: Beschädigung der Festplatte oder Speicherplatz- bzw. Konfigurationsprobleme, die das Erstellen von Berichten oder E-Mail-Benachrichtigungen verhindern. • Error (Fehler): System- oder Serverfehler während des Normalbetriebs. Beispiel: Fehler in der Konfigurationsdatei oder Hardwarefehler.

Anzeigen von Systemstatus und -alarmen

Um eine Zusammenfassung des Serverstatus anzuzeigen, wählen Sie im Dashboard die Registerkarte **Server Status** (Serverstatus) aus.

Die Zusammenfassung zeigt die folgenden Informationen an:

- ▶ **Date** (Datum): Das aktuelle Datum und die aktuelle Uhrzeit
- ▶ **Time zone** (Zeitzone): Die für den Server festgelegte Zeitzone. Sie wird für die Datums- und Uhrzeitangaben in E-Mails, Warnungen und Berichten verwendet.
- ▶ **Hostname**: Der Name des Systems besteht aus dem Netzwerk-Hostnamen und dem DNS-Domännennamen.
- ▶ **Disk space usage** (Speicherplatznutzung): Der Prozentsatz an Speicherplatz, der für das Speichern von Daten belegt ist
- ▶ **Software**: Regulatorische Software-Konfiguration (z. B. CE-IVD)
- ▶ **Version**: Version der VeriSeq NIPT Assay Software v2

Die Zusammenfassung enthält ggf. auch die Schaltfläche **Server alarm** (Serveralarm), mit dem sich der RAID-Controller-Alarm stummschalten lässt. Diese Schaltfläche wird ausschließlich Administratoren angezeigt.

Wenden Sie sich bezüglich weiterer Informationen an den technischen Support von Illumina, wenn Sie diese Schaltfläche verwenden.

Verwalten von Benutzern



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die Berechtigung zum Hinzufügen, Bearbeiten oder Löschen von Berechtigungen für Techniker und andere Benutzer auf ihrer Ebene.

Zuweisen von Benutzerrollen

Benutzerrollen legen die Zugriffsrechte des Benutzers fest sowie dessen Rechte für die Ausführung bestimmter Aufgaben.

Rolle	Beschreibung
Service	Ein Illumina-Servicetechniker, der die Erstinstallation und die Konfiguration des Systems (einschließlich der Einrichtung eines Administrators) durchführt. Außerdem führt er Fehlerbehebungen und Serverreparaturen durch, nimmt Konfigurationseinstellungen und -änderungen vor und bietet kontinuierlichen Software-Support.
Administrator	Ein Laboradministrator, der die Konfigurationseinstellungen festlegt und pflegt, Benutzer verwaltet, E-Mail-Empfängerlisten erstellt, das Kennwort für den freigegebenen Ordner ändert und den Server neu startet oder herunterfährt.
Technician (Techniker)	Ein Labortechniker, der den Systemstatus und Warnungen sieht.

Hinzufügen von Benutzern

Bei der Erstinstallation fügt der Servicetechniker von Illumina den Benutzer „Administrator“ hinzu.

So fügen Sie einen Benutzer hinzu:

- 1 Wählen Sie im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) die Option **Add New User** (Neuen Benutzer hinzufügen).



HINWEIS

Alle Felder müssen ausgefüllt werden.

- 2 Geben Sie den Namen des Benutzers ein.



HINWEIS

Zulässige Zeichen für die Eingabe des Benutzernamens sind nur alphanumerische Zeichen (z. B. a–z und 0–9, Groß-/Kleinschreibung wird nicht beachtet), „_“ (Unterstriche) und „-“ (Trennstriche). Der Benutzername muss 4–20 Zeichen lang sein und mindestens ein numerisches Zeichen enthalten. Das erste Zeichen darf keine Zahl sein.

Die Assay Software verwendet Benutzernamen zur Identifizierung der Personen, die an den verschiedenen Aspekten der Assay-Verarbeitung mitwirken und mit der Assay Software interagieren.

- 3 Geben Sie den vollständigen Namen des Benutzers ein. Der vollständige Name wird nur im Benutzerprofil angezeigt.
- 4 Geben Sie das Kennwort ein und bestätigen Sie es.



HINWEIS

Kennwörter müssen 8–20 Zeichen lang sein und mindestens einen Großbuchstaben, einen Kleinbuchstaben und ein numerisches Zeichen enthalten.

- 5 Geben Sie die E-Mail-Adresse des Benutzers ein.
Für jeden Benutzer ist die Eingabe einer eindeutigen E-Mail-Adresse erforderlich.
- 6 Wählen Sie die gewünschte Benutzerrolle aus der Dropdown-Liste aus.
- 7 Wählen Sie das Feld **Active** (Aktiv), um den Benutzer sofort zu aktivieren, oder heben Sie die Auswahl auf, um die Aktivierung zu einem späteren Zeitpunkt vorzunehmen (z. B. nachdem der Benutzer entsprechend geschult wurde).

- 8 Wählen Sie zweimal **Save** (Speichern) aus, um die Änderungen zu bestätigen und zu speichern. Der neue Benutzer wird jetzt im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) angezeigt.

Bearbeiten von Benutzern

So bearbeiten Sie Benutzerinformationen:

- 1 Wählen Sie im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) den Benutzernamen des gewünschten Benutzers aus.
- 2 Bearbeiten Sie Informationen des Benutzers nach Bedarf und wählen Sie **Save** (Speichern) aus, wenn Sie fertig sind.
- 3 Wählen Sie erneut **Save** (Speichern) aus, wenn Sie aufgefordert werden, die Änderungen zu bestätigen. Im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) werden die geänderten Benutzerdaten angezeigt.

Deaktivieren von Benutzern

So deaktivieren Sie einen Benutzer:

- 1 Wählen Sie im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) den gewünschten Benutzernamen aus.
- 2 Heben Sie die Aktivierung des Kontrollkästchens **Activate** (Aktivieren) auf und wählen Sie **Save** (Speichern) aus.
- 3 Wählen Sie in der Bestätigungsmeldung **Save** (Speichern) aus. Im Bildschirm „User Management“ (Benutzerverwaltung) ändert sich der Benutzerstatus in „Disabled“ (Deaktiviert).

Verwalten eines freigegebenen Netzlaufwerks



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die Berechtigung zum Hinzufügen, Bearbeiten oder Löschen von freigegebenen Ordnerspeicherorten.

Hinzufügen eines freigegebenen Netzlaufwerks

Konfigurieren Sie das System so, dass die Sequenzierungsdaten auf einem dedizierten NAS-System und nicht auf dem mit dem Sequenziersystem verbundenen Server gespeichert werden. Ein NAS-System ermöglicht größere Speicherkapazitäten und fortlaufende Datensicherungen.

- 1 Wählen Sie im Dashboard **Folders** (Ordner).
- 2 Wählen Sie **Add folder** (Ordner hinzufügen) aus.
- 3 Geben Sie die folgenden Informationen ein, die Sie vom IT-Administrator erhalten haben:
 - ▶ **Location** (Speicherort): Vollständiger Pfad zum NAS-Speicherort und Ordner, in dem die Daten gespeichert werden.
 - ▶ **Username** (Benutzername): Festgelegter Benutzername für den Onsite Server für den Zugang zum NAS-System.
 - ▶ **Password** (Kennwort): Festgelegtes Kennwort für den Onsite Server für den Zugang zum NAS-System.
- 4 Wählen Sie **Save** (Speichern).

- 5 Wählen Sie **Test** (Testen) aus, um die NAS-Verbindung zu testen.
Wenn die Verbindung fehlschlägt, erkundigen Sie sich beim IT-Administrator nach dem Server-, Speicherort- und Benutzernamen sowie dem Kennwort.
- 6 Starten Sie den Server neu, damit die Änderungen wirksam werden.



HINWEIS

Ein freigegebenes Netzlaufwerk kann nur für einen Sequenzierungsdatenordner konfiguriert werden.

Bearbeiten eines freigegebenen Netzlaufwerks

- 1 Wählen Sie im Dashboard **Folders** (Ordner).
- 2 Ändern Sie den Pfad des Speicherorts und wählen Sie **Save** (Speichern) aus.
- 3 Wählen Sie **Test** (Testen) aus, um die NAS-Verbindung zu testen.
Wenn die Verbindung fehlschlägt, erkundigen Sie sich beim IT-Administrator nach dem Server-, Speicherort- und Benutzernamen sowie dem Kennwort.

Löschen eines freigegebenen Netzlaufwerks

- 1 Wählen Sie im Dashboard **Folders** (Ordner).
- 2 Wählen Sie den zu ändernden Pfad aus.
- 3 Wählen Sie **Delete** (Löschen) aus, um den externen Sequenzierungsordner zu entfernen.

Konfigurieren von Netzwerk- und Zertifikatseinstellungen

Servicetechniker von Illumina verwenden den Bildschirm „Network Configuration“ (Netzwerkkonfiguration), um während der anfänglichen Installation Netzwerk- und Zertifikatseinstellungen zu konfigurieren.



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die Berechtigung zum Ändern der Netzwerk- und Zertifikatseinstellungen.

- 1 Wählen Sie im Dashboard **Configuration** (Konfiguration) aus.
- 2 Wählen Sie die Registerkarte **Network Configuration** (Netzwerkkonfiguration) und konfigurieren Sie die Netzwerkeinstellungen entsprechend.
- 3 Wählen Sie die Registerkarte **Certification Configuration** (Zertifizierungskonfiguration), um das SSL-Zertifikat zu generieren.

Ändern der Zertifikatseinstellungen

Ein SSL-Zertifikat ist eine Datendatei, die eine sichere Verbindung vom Onsite Server zu einem Browser zulässt.

- 1 Verwenden Sie die Registerkarte „Certificate Configuration“ (Zertifikatskonfiguration), um SSL-Zertifikatseinstellungen hinzuzufügen oder zu ändern.
 - ▶ **Laboratory Email** (E-Mail-Adresse des Labors): E-Mail-Adresse des Testlabors (ein gültiges E-Mail-Adressformat ist erforderlich).
 - ▶ **Organization Unit** (Organisationseinheit): Abteilung.
 - ▶ **Organization** (Organisation): Name des Testlabors.
 - ▶ **Location** (Standort): Anschrift des Testlabors.

- ▶ **State** (Bundesland): Bundesland, in dem sich das Testlabor befindet (Feld wird automatisch anhand der E-Mail-Adresse ausgefüllt).
- ▶ **Country** (Land): Land, in dem sich das Testlabor befindet (Feld wird automatisch anhand der E-Mail-Adresse ausgefüllt).
- ▶ **Certificate Thumbprint (SHA1)** (Fingerabdruck des Zertifikats [SHA1]): ID des Zertifikats. Der Fingerabdruck des Zertifikats (SHA1) stellt sicher, dass Benutzer keine Zertifikatswarnungen erhalten, wenn sie auf die VeriSeq NIPT Assay Software v2 zugreifen. Der SHA1 wird angezeigt, sobald ein Zertifikat generiert bzw. neu generiert wurde. Weitere Informationen finden Sie unter [Neugenerierung eines Zertifikats auf Seite 29](#).

2 Wählen Sie **Save** (Speichern) aus, um ggf. vorgenommene Änderungen anzuwenden.

Ändern der Netzwerk- und Servereinstellungen



HINWEIS

Stimmen Sie alle Änderungen der Netzwerk- und Servereinstellungen mit dem IT-Administrator ab, um Serververbindungsfehler zu vermeiden.

- 1 Verwenden Sie die Registerkarte „Network Configuration“ (Netzwerkkonfiguration), um die Einstellungen für das Netzwerk und den Onsite Server festzulegen bzw. zu ändern.
 - ▶ **Static IP Address** (Statische IP-Adresse): Festgelegte IP-Adresse des Onsite Servers.
 - ▶ **Subnet Mask** (Subnetzmaske): Subnetzmaske des lokalen Netzwerks.
 - ▶ **Default Gateway Address** (Standard-Gateway-Adresse): Standard-IP-Adresse des Routers.
 - ▶ **Hostname**: Zugewiesener Name des Onsite Servers im Netzwerk (standardmäßig als „localhost“ definiert).
 - ▶ **DNS Suffix** (DNS-Erweiterung): Zugewiesene DNS-Erweiterung.
 - ▶ **Nameserver 1 and 2** (Name-Server 1 und 2): IP-Adressen oder Namen der DNS-Server.
 - ▶ **NTP Time Server 1 and 2** (NTP-Zeitserver 1 und 2): Server für die NTP-Uhrzeitsynchronisierung.
 - ▶ **MAC Address** (MAC-Adresse): MAC-Adresse des Netzwerkserver (nur Lesezugriff).
 - ▶ **Timezone** (Zeitzone): Lokale Zeitzone des Servers.
- 2 Stellen Sie sicher, dass die Einträge korrekt sind, und wählen Sie **Save** (Speichern) aus, um den Server neu zu starten und alle vorgenommenen Änderungen anzuwenden.



VORSICHT

Falsche Einstellungen können die Verbindung mit dem Server unterbrechen.

Herunterladen und Installieren von Zertifikaten

So laden Sie ein SSL-Zertifikat herunter und installieren es:

- 1 Wählen Sie im Dashboard **Configuration** (Konfiguration) aus.
- 2 Wählen Sie die Registerkarte **Certification Configuration** (Zertifizierungskonfiguration).
- 3 Wählen Sie im Bildschirm „Network Configuration“ (Netzwerkkonfiguration) die Option **Download Certificate** (Zertifikat herunterladen).
- 4 Öffnen Sie die heruntergeladene Datei und wählen Sie **Install Certificate** (Zertifikat installieren).
- 5 Befolgen Sie die Anweisungen des Importassistenten, um das Zertifikat zu installieren.
- 6 Wählen Sie in den Dialogfeldern **OK** aus, um sie zu schließen.

Neugenerierung eines Zertifikats



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die Berechtigung, Zertifikate neu zu generieren und das System neu zu starten.

So generieren Sie ein Zertifikat, nachdem sich Netzwerk- oder Zertifikatseinstellungen geändert haben:

- 1 Wählen Sie im Bildschirm „Network Configuration“ (Netzwerkkonfiguration) die Option **Regenerate Certificate** (Zertifikat neu generieren).
- 2 Wählen Sie **Regenerate Certificate and Reboot** (Zertifikat neu generieren und Neustart durchführen) aus, um fortzufahren, oder wählen Sie **Cancel** (Abbrechen) aus, um den Vorgang abzubrechen.

Konfigurieren von System-E-Mail-Benachrichtigungen

Die VeriSeq NIPT Assay Software v2 sendet Benutzern E-Mail-Benachrichtigungen, in denen der Assay-Fortschritt angegeben ist und Alarme zu Fehlern oder erforderlichen Benutzeraktionen enthalten sind. Die verschiedenen vom System gesendeten E-Mail-Benachrichtigungen werden unter *Benachrichtigungen der Assay Software auf Seite 61* beschrieben.



HINWEIS

Stellen Sie sicher, dass die Spam-Einstellungen für E-Mails E-Mail-Benachrichtigungen vom Server zulassen. E-Mail-Benachrichtigungen werden von einem Konto namens **VeriSeq@<E-Mail-Domäne des Kunden>** gesendet, wobei die **<E-Mail-Domäne des Kunden>** vom lokalen IT-Team bei der Installation des Servers angegeben wird.

Erstellen einer Empfängerliste für E-Mail-Benachrichtigungen

Führen Sie die nachfolgenden Schritte aus, um eine Liste mit Empfängern zu erstellen, an die E-Mail-Benachrichtigungen gesendet werden sollen.

So erstellen Sie eine Empfängerliste:

- 1 Wählen Sie auf dem Dashboard das Symbol „Settings“ (Einstellungen)  aus.
- 2 Wählen Sie **Email Configuration** (E-Mail-Konfiguration) aus.
- 3 Geben Sie im Feld „Subscribers“ (Empfänger) die E-Mail-Adressen ein. Trennen Sie die einzelnen Adressen durch Kommas.
Vergewissern Sie sich, dass Sie die E-Mail-Adressen korrekt eingegeben haben. Die Software validiert nicht das Format der E-Mail-Adressen.
- 4 Wählen Sie **Send test message** (Testnachricht senden) aus, um eine Test-E-Mail-Nachricht an die Empfängerliste zu senden.
Prüfen Sie Ihren E-Mail-Posteingang, um sicherzustellen, dass die E-Mail versendet wurde.
- 5 Wählen Sie **Save** (Speichern).

Abmelden

- ▶ Wählen Sie das Benutzerprofilsymbol in der oberen rechten Ecke des Bildschirms und anschließend **Log Out** (Abmelden) aus.

Analyse und Berichterstellung

Nachdem die Sequenzierungsdaten erfasst wurden, werden sie demultiplexiert, in das FASTQ-Format konvertiert, an einem Referenzgenom aligniert und für den Nachweis von Aneuploidien analysiert. Es werden verschiedene Kennzahlen, wie nachfolgend beschrieben, ermittelt, um die endgültige Qualitätsbeurteilung für die entsprechende Probe vorzunehmen.

Demultiplexierung und FASTQ-Generierung

Im BCL-Format gespeicherte Sequenzierungsdaten werden von der Konvertierungssoftware „bcl2fastq“ verarbeitet. Dabei werden Daten demultiplexiert und BCL-Dateien für die nachgeschaltete Analyse in standardmäßige FASTQ-Dateiformate konvertiert. Die Assay Software erstellt für jeden Sequenzierungslauf ein Probenblatt (SampleSheet.csv). Diese Datei enthält Probeninformationen, die während des Probenvorbereitungsprozesses an die Software übermittelt werden (mithilfe der Software-API). Diese Probenblätter enthalten einen Kopfbereich mit Informationen über den Lauf sowie Deskriptoren für die in einer bestimmten Fließzelle verarbeiteten Proben.

In der folgenden Tabelle sind Details zu den Probenblattdaten aufgeführt.



VORSICHT

Ändern oder bearbeiten Sie diese Probenblattdatei NICHT. Diese wird vom System erstellt und Änderungen können schwerwiegende Folgen für nachgelagerte Prozesse haben, beispielsweise falsche Ergebnisse oder fehlgeschlagene Analysen.

Spaltenname	Beschreibung
SampleID	Proben-ID.
SampleName	Probenname. Standardwert: entspricht SampleID.
Sample_Plate	Plattenkennung für eine bestimmte Probe. Standardwert: leer.
Sample_Well	Well-ID auf der Platte einer angegebenen Probe.
I7_Index_ID	ID des ersten Indexadapters.
index	Nukleotidsequenz des ersten Adapters.
I5_Index_ID	ID des zweiten Adapters.
index2	Nukleotidsequenz des zweiten Adapters.
Sample_Project	Projektkennung für eine bestimmte Probe. Standardwert: leer.
SexChromosomes	Analyse in Bezug auf Geschlechtschromosomen. Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • Yes (Ja): Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen und Geschlechtsbericht angefordert. • No (Nein): Weder Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen noch Geschlechtsbericht angefordert. • SCA: Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen angefordert, Geschlechtsbericht nicht angefordert.
SampleType	Probentyp. Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • Singleton (Einling): Einlingsschwangerschaft. • Twin (Zwilling): Mehrlingsschwangerschaft. • Control (Kontrolle): Kontrollprobe von bekanntem Geschlecht und Aneuploidieklassifizierung. • NTC: Negativkontrollprobe (keine DNA).

Sequenzierungsqualitätssicherung

Mit den Kennzahlen für die Sequenzierungsqualitätssicherung werden Fließzellen identifiziert, deren Analyse mit hoher Wahrscheinlichkeit fehlschlägt. Die Clusterdichte, der Prozentsatz der Reads nach Filterung, die Vorphasierungs- und Phasierungskennzahlen beschreiben die generelle Sequenzierungsdatenqualität und werden in vielen Sequenzierungsanwendungen der nächsten Generation verwendet. Die Kennzahl der vorhergesagten alignierten Reads schätzt die Sequenzierungstiefebene der Fließzelle. Falls Daten niedriger Qualität die Kennzahl der vorhergesagten alignierten Reads nicht erreichen, wird die Verarbeitung des Laufs beendet. Weitere Informationen finden Sie unter *Kennzahlen und Grenzwerte für die Sequenzierungsqualitätssicherung auf Seite 37*.

Schätzung der fetalen Fraktion

Die fetale Fraktion ist der Prozentsatz der zellfreien zirkulierenden DNA in einer Probe mütterlichen Bluts, die aus der Plazenta gewonnen wird. Die Assay Software verwendet sowohl Informationen aus der Verteilung der cfDNA-Fragmentgröße als auch der Unterschiede bei der genomischen Abdeckung zwischen mütterlicher und fetaler cfDNA zur Schätzung für die fetale Fraktion.¹

Statistikwerte für die endgültige Bewertung

Bei allen Chromosomen werden die Paired-End-Sequenzierungsdaten gegen das Referenzgenom (HG19) aligniert. Eindeutige, nicht doppelt vorhandene alignierte Reads werden in 100-kb-Bereichen zusammengefasst. Die entsprechenden Bereichs-Counts werden an die GC-Verzerrung und gemäß der zuvor festgelegten regionsspezifischen genomischen Abdeckung angepasst. Mit diesen normalisierten Bereichs-Counts werden durch Vergleich der abgedeckten Regionen, die Aneuploidien aufweisen können, mit den einzelnen Autosomen Statistikwerte abgeleitet. Unter Berücksichtigung dieser abdeckungs-basierten Werte und der geschätzten fetalen Fraktion wird für jede Probe ein Log-Likelihood-Quotient (log likelihood ratio, LLR) berechnet. Der LLR ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine Probe mit der beobachteten Abdeckung und fetalen Fraktion betroffen ist, gegenüber der Wahrscheinlichkeit, dass eine Probe mit derselben beobachteten Abdeckung nicht betroffen ist. Bei der Berechnung dieser Relation wird auch die geschätzte Unsicherheit der fetalen Fraktion berücksichtigt. Für nachfolgende Berechnungen wird der natürliche Logarithmus des Verhältnisses verwendet. Die Assay Software bewertet den LLR für jedes Zielchromosom und jede Probe, um Aneuploidien zu ermitteln.

Die Statistikwerte für X- und Y-Chromosomen und die Statistikwerte, die für Autosome verwendet werden, sind unterschiedlich. Bei Föten, die als weiblich identifiziert wurden, erfordern SCA-Calls eine Klassifizierungsübereinstimmung von LLR und normalisiertem Chromosomenwert.² Für [45,X] (Turner-Syndrom) und für [47,XXX] werden spezifische LLR-Werte berechnet. Bei Föten, die als männlich identifiziert wurden, können SCA-Calls für [47,XXY] (Klinefelter-Syndrom) oder für [47,XYY] auf dem Verhältnis zwischen den normalisierten Chromosomenwerten für die X- und Y-Chromosomen (NCV_X und NCV_Y) basieren. Proben in Zusammenhang mit männlichen Föten, bei denen NCV_X in dem Bereich liegt, der bei euploiden weiblichen Proben beobachtet wurde, können einen Call von [47,XXY] generieren. Proben in Zusammenhang mit männlichen Föten, bei denen NCV_X in dem Bereich liegt, der bei euploiden männlichen Proben beobachtet wurde, und das Y-Chromosom überrepräsentiert ist, können einen Call von [47,XYY] generieren.

¹Kim, S.K., et al, Determination of fetal DNA fraction from the plasma of pregnant women using sequence read counts, Prenatal Diagnosis Aug 2015; 35(8):810–5. doi: 10.1002/pd.4615

²Bianchi D, Platt L, Goldberg J et al. (2012) Genome Wide Fetal Aneuploidy Detection by Maternal Plasma DNA Sequencing. Obstet Gynecol 119(5): 890–901. doi:10.1097/aog.0b013e31824fb482.

Einige Werte von NCV_Y und NCV_X liegen außerhalb des Bereichs, in dem das System eine Aneuploidie der Geschlechtschromosomen ermitteln kann. Diese Proben erzeugen für die XY-Klassifizierung das Ergebnis „Not Reportable“ (Nicht ausweisbar). Die autosomalen Ergebnisse für diese Proben werden jedoch ausgewiesen, sofern die anderen Qualitätssicherungskennzahlen erfüllt wurden.

Qualitätssicherung der Analyse

Bei der Analyse werden Kennzahlen zur analytischen Qualitätssicherung berechnet, um Proben zu ermitteln, die zu weit vom erwarteten Verhalten abweichen. Probanden, die diesen Kennzahlen nicht entsprechen, werden als unzuverlässig betrachtet und als fehlgeschlagen markiert. Wenn Proben Ergebnisse außerhalb der erwarteten Bereiche für diese Metriken produzieren, enthält der NIPT Report (NIPT-Bericht) einen Qualitätssicherungsgrund als Warnung bzw. als Fehlerursache. Weitere Informationen zu diesen Qualitätssicherungsgründen finden Sie unter *Meldungen mit Qualitätssicherungsgründen auf Seite 47*.

Qualitätssicherung von negativen Kontrollproben (NTC)

VeriSeq NIPT Solution ermöglicht es Ihnen, NTC-Proben zu Ihrem Lauf hinzuzufügen. ML STAR kann pro Lauf bis zu zwei NTC-Proben für Batches mit 24 und 48 Proben und bis zu vier NTC-Proben für Batches mit 96 Proben generieren. Unabhängig von der Anzahl an NTC-Proben, die Sie hinzufügen, prüft die Software auf durchschnittlich mindestens 4.000.000 eindeutig zugeordnete Fragmente pro Probe und pro Pool. Fügen Sie daher nicht mehr als zwei NTC-Proben pro Pool hinzu. Weitere Informationen finden Sie unter *Kennzahlen und Grenzwerte für die Sequenzierungsqualitätssicherung auf Seite 37*.

Die Statuswerte der Qualitätssicherung für NTC-Proben sind folgende:

- ▶ **NTC sample processing** (Verarbeitung einer NCT-Probe): Bei der Verarbeitung einer NTC-Probe wird das Ergebnis „PASS QC“ (Qualitätssicherung bestanden) angewendet, wenn die Probe, wie für NTC-Proben erwartet, eine niedrige Abdeckung aufweist.
- ▶ **Patient sample as NTC** (Patientenprobe als NTC): Bei der Verarbeitung einer als NTC markierten Patientenprobe wird eine hohe Abdeckung festgestellt. Da die Probe als NTC markiert ist, wird der Qualitätssicherungsstatus „FAIL“ (Nicht bestanden) mit folgendem Grund angegeben: NTC SAMPLE WITH HIGH COVERAGE (NTC-Probe mit hoher Abdeckung).

VeriSeq Onsite Server v2

VeriSeq Onsite Server v2 verwendet ein linuxbasiertes Betriebssystem und bietet ca. 7,5 TB Speicherkapazität für Daten. Unter Zugrundelegung eines Datenumfangs von 25 GB pro Sequenzierungslauf kann der Server bis zu 300 Läufe speichern. Eine automatisch generierte Benachrichtigung wird gesendet, wenn die Mindestspeicherkapazität nicht zur Verfügung steht. Der Server wird im LAN installiert.

Lokale Festplatte

Die Assay Software macht dem Benutzer bestimmte Ordner auf dem Onsite Server zugänglich. Diese Ordner können mithilfe des Samba-Freigabeprotokolls jeder Workstation oder jedem Laptop im lokalen Netzwerk zugeordnet werden.

Ordnername	Beschreibung	Zugang
Input (Eingabe)	Enthält Sequenzierungsdaten, die von dem dem Server zugeordneten Sequenziersystem der nächsten Generation generiert wurden.	Lese- und Schreibzugriff.
Output (Ausgabe)	Enthält alle von der Software generierten Berichte.	Nur Lesezugriff.
Backup	Enthält Datenbank-Backups.	Nur Lesezugriff.



HINWEIS

Die Zuordnung der lokalen Festplatte basiert auf dem SMB-Protokoll (Server Message Block). Die Software unterstützt derzeit die Versionen SMB1 und SMB2. Der Server erfordert eine SMB-Signatur. Aktivieren Sie diese Versionen auf dem Gerät (Laptop/Workstation), das Sie zuordnen.

Lokale Datenbank

Die Assay Software verfügt über eine lokale Datenbank, in der die Bibliotheksinformationen, die Informationen zu Sequenzierungsläufen und die Analyseergebnisse gespeichert sind. Die Datenbank ist ein integraler Bestandteil der Assay Software und für den Benutzer nicht zugänglich. Das System enthält einen automatischen Mechanismus für Datenbank-Backups auf dem Onsite Server. Zusätzlich zu den folgenden Datenbankprozessen wird empfohlen, die Datenbank regelmäßig an einem externen Speicherort zu sichern.

- ▶ **Datenbank-Backup:** Eine Momentaufnahme der Datenbank wird automatisch stündlich, täglich, wöchentlich und monatlich gespeichert. Stündliche Backups werden entfernt, sobald ein tägliches Backup erstellt wurde. Ebenso werden die täglichen Backups entfernt, wenn die wöchentliche Sicherung abgeschlossen ist. Die wöchentlichen Backups werden entfernt, sobald ein monatliches Backup erstellt wurde, und nur ein monatliches Backup wird aufbewahrt. Es wird empfohlen, ein automatisiertes Skript zu erstellen, das den Backup-Ordner im lokalen NAS-System speichert.
- ▶ **Datenbank-Wiederherstellung:** Die Datenbank kann von jeder beliebigen Backup-Momentaufnahme wiederhergestellt werden. Wiederherstellungen werden ausschließlich von Illumina-Service-Technikern durchgeführt.
- ▶ **Datensicherung:** Obwohl der Onsite Server als Hauptspeicherort für Sequenzierungsläufe verwendet werden kann, bietet er Speicherplatz für nur ca. 300 Läufe. Illumina empfiehlt die Einrichtung einer automatisierten Datensicherung, die in regelmäßigen Intervallen durchgeführt wird und Daten auf einem anderen permanenten Speichergerät oder im NAS-System speichert.
- ▶ **Wartung:** Abgesehen von der Datensicherung muss der Benutzer keine weiteren Wartungsarbeiten am Onsite Server durchführen. Updates für die Assay Software bzw. den Onsite Server selbst werden vom technischen Support von Illumina bereitgestellt.

Archivierung von Daten

Wie Sie die Eingabe- und Ausgabeverzeichnisse archivieren, entnehmen Sie der vor Ort gültigen IT-Richtlinie. Die Assay Software überwacht den verbleibenden Speicherplatz im Eingabeverzeichnis und benachrichtigt den Benutzer per E-Mail, wenn die Speicherkapazität unter 1 TB sinkt.

Der Onsite Server ist nicht für die Speicherung von Daten vorgesehen. Übertragen Sie die Daten auf den Onsite Server und archivieren Sie sie in regelmäßigen Abständen an einem anderen Speicherort.

Ein typischer, mit dem cfDNA-Analyse-Workflow kompatibler Sequenzierungslauf benötigt 25–30 GB für die Durchführung auf einem Sequenzierer der nächsten Generation. Die tatsächliche Größe des Laufordners hängt von der endgültigen Clusterdichte ab.

Archivieren Sie Daten nur dann, wenn sich das System im Leerlauf befindet und keine Analyse- oder Sequenzierungsläufe durchgeführt werden.

Zuordnen von Serverlaufwerken

Der Onsite Server verfügt über drei Ordner, die jedem beliebigen Windows-Computer individuell zugeordnet werden können:

- ▶ **input** (Eingabe): Wird den Sequenzierungsdatenordnern zugeordnet. Aktivieren Sie das Laufwerk auf dem Computer, der mit dem Sequenziersystem verbunden ist. Konfigurieren Sie das Sequenziersystem so, dass es Daten in den Ordner „input“ streamt.
- ▶ **output** (Ausgabe): Wird den Serveranalyse- und Assay-Prozessberichten zugeordnet.
- ▶ **backup** (Backup): Wird den Datenbank-Backupdateien zugeordnet.

So ordnen Sie jeden Ordner zu:

- 1 Melden Sie sich beim Computer im Onsite-Server-Subnetzwerk an.
- 2 Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf **Computer** und wählen Sie **Map network drive** (Netzwerklaufwerk verbinden).
- 3 Wählen Sie einen Buchstaben aus der Dropdown-Liste „Drive“ (Laufwerk) aus.
- 4 Geben Sie im Feld „Folder“ (Ordner) „\\<IP-Adresse von VeriSeq Onsite Server v2>\<Ordnername>“ ein.
Beispiel: \\10.50.132.92\input.
- 5 Geben Sie den Benutzernamen und das Kennwort ein.
Erfolgreich zugeordnete Ordner werden auf dem Computer als gemountet angezeigt.



HINWEIS

Die Zuordnung der lokalen Festplatte basiert auf dem SMB-Protokoll (Server Message Block). Die Software unterstützt derzeit die Versionen SMB1 und SMB2. Der Server erfordert eine SMB-Signatur. Aktivieren Sie diese Versionen auf dem Gerät (Laptop/Workstation), das Sie zuordnen.

Durchführen eines Server-Neustarts



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die entsprechende Berechtigung zum Neustarten des Servers.

So starten Sie den Server neu:

- 1 Wählen Sie aus der Dropdown-Liste **Settings** (Einstellungen) die Option **Reboot Server** (Server neu starten) aus.
- 2 Wählen Sie **Reboot** (Neu starten), um das System neu zu starten, bzw. **Cancel** (Abbrechen), um den Vorgang abzubrechen.
- 3 Geben Sie den Grund für das Herunterfahren des Servers ein.
Der Grund wird zu Fehlerbehebungszwecken protokolliert.



HINWEIS

Ein Neustart des Systems kann mehrere Minuten dauern.

Herunterfahren des Servers



HINWEIS

Nur Servicetechniker und Administratoren verfügen über die entsprechende Berechtigung zum Herunterfahren des Servers.

So fahren Sie den Onsite Server herunter:

- 1 Wählen Sie aus der Dropdown-Liste **Settings** (Einstellungen) die Option **Shut Down Server** (Server herunterfahren).
- 2 Wählen Sie **Shut Down** (Herunterfahren), um den Onsite Server herunterzufahren, oder wählen Sie **Cancel** (Abbrechen), um den Vorgang abzubrechen.
- 3 Geben Sie den Grund für das Herunterfahren des Onsite Servers an. Der Grund wird zu Fehlerbehebungszwecken protokolliert.

Wiederherstellung nach unerwartetem Ausschalten

Falls während des Analyselaufs ein Stromausfall auftritt oder der Benutzer das System versehentlich herunterfährt, geschieht Folgendes:

- ▶ Die Assay Software wird automatisch neu gestartet, wenn das System neu gestartet wird.
- ▶ Das System erkennt, dass der Analyselauf fehlgeschlagen ist, und stellt den Lauf erneut in die Verarbeitungswarteschlange.
- ▶ Das System generiert die entsprechende Ausgabe, wenn die Analyse erfolgreich durchgeführt wurde.



HINWEIS

Falls die Analyse fehlschlägt, kann das System den Lauf zwecks Analyse bis zu drei Mal erneut in die Verarbeitungswarteschlange stellen.

Anhang A Kennzahlen der Qualitätssicherung

Kennzahlen und Grenzwerte für die Quantifizierungsqualitätssicherung	36
Kennzahlen und Grenzwerte für die Sequenzierungsqualitätssicherung	37

Kennzahlen und Grenzwerte für die Quantifizierungsqualitätssicherung

Kennzahl	Beschreibung	Untergrenze	Obergrenze	Begründung
standard_r_squared	Bestimmtheitsmaß (R-Quadratwert) des Standardkurvenmodells.	0,980	n. z.	Standardkurvenmodelle, die eine schlechte Linearität in der doppelten logarithmischen Darstellung zeigen, sind keine guten Prädiktoren für die tatsächlichen Probenkonzentrationen.
standard_slope	Steigungswert des Standardkurvenmodells.	0,95	1,15	Standardkurvenmodelle mit Steigungswerten außerhalb des erwarteten Leistungsbereichs sind als unzuverlässig zu betrachten.
ccn_library_pg_ul	Maximal zulässige Probenkonzentration.	n. z.	1.000 pg/µl	Proben, deren berechnete DNA-Konzentrationen die Spezifikationen überschreiten, weisen auf eine übermäßige genomische DNA-Kontamination hin.
median_ccn_pg_ul	Median des berechneten Konzentrationswerts für alle Proben im Batch.	16 pg/µl	n. z.	Ein Sequenzierungspool mit einem entsprechenden Volumen kann nicht über eine sehr große Anzahl an übermäßig verdünnten Proben verfügen. Batches mit einer großen Anzahl an verdünnten Proben weisen auf einen Fehler bei der Probenvorbereitung hin.

Kennzahlen und Grenzwerte für die Sequenzierungsqualitätssicherung

Kennzahl	Beschreibung	Untergrenze	Obergrenze	Begründung
cluster_ density	Sequenzierungsclusterdichte.	152.000 pro mm ²	338.000 pro mm ²	Eine Fließzelle mit geringer Clusterdichte erzeugt keine ausreichende Anzahl von Reads. Cluster-Fließzellen mit zu hoher Clusterdichte generieren in der Regel Sequenzierungsdaten von geringer Qualität.
pct_pf	Prozentsatz der Reads, die den Reinheitsfilter passieren.	≥ 50 %	n. z.	Fließzellen mit extrem niedrigem prozentualem PF-Wert können eine fehlerhafte Basendarstellung aufweisen und deuten auf Probleme mit PF-Reads hin.
prephasing	Anteil der Vorphasierung.	n. z.	≤ 0,003	Empirisch optimierte Empfehlungen für VeriSeq NIPT Solution v2.
phasing	Anteil der Phasierung.	n. z.	≤ 0,004	Empirisch optimierte Empfehlungen für VeriSeq NIPT Solution v2.
predicted_ aligned_ reads	Geschätzte durchschnittliche Anzahl der eindeutig zugeordneten Fragmente pro Probe.	≥ 4.000.000	n. z.	Ermittelt als minimale, über die Normalbevölkerung beobachtete NES.

Anhang B Systemberichte

Einleitung	38
Übersicht über die Systemberichte	39
Ereignisse für das Erstellen von Berichten	40
Berichte zu Ergebnissen und Benachrichtigungen	42
Prozessberichte	53

Einleitung

Die Assay Software erstellt zwei Kategorien von Berichten:

- ▶ Berichte zu Ergebnissen und Benachrichtigungen.
- ▶ Prozessberichte.

Es gibt außerdem zwei Berichtstypen:

- ▶ **Zur Information:** Die prozessspezifischen Berichte enthalten Informationen zum Assay-Fortschritt. Anhand dieser Berichte können Sie prüfen, ob ein spezifischer Schritt abgeschlossen wurde. In diesen Berichten finden Sie auch die Qualitätssicherungsergebnisse und die ID-Nummern.
- ▶ **Aktion erforderlich:** Die Generierung dieser asynchronen Berichte erfolgt nach einem Systemereignis oder einer Benutzeraktion, das bzw. die die Aufmerksamkeit des Benutzers erfordert.

Im folgenden Abschnitt finden Sie eine Beschreibung der einzelnen Berichte und die Berichtsdetails für die LIMS-Integration.

Ausgabedateien

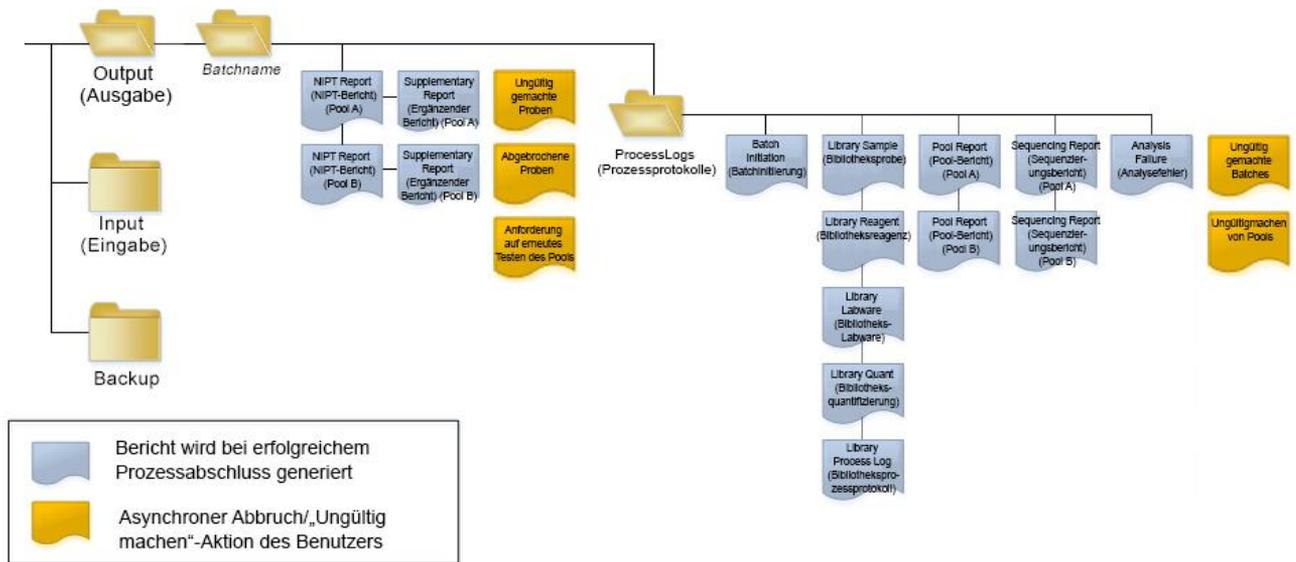
Die Assay Software-Berichte werden auf dem internen Laufwerk des Onsite Servers generiert, das als schreibgeschützter Ordner „Output“ (Ausgabe) dem Benutzerlaufwerk zugeordnet ist. Jeder Bericht wird mit einer entsprechenden Standard-MD5-Prüfsumme erstellt, die sicherstellt, dass die Datei nicht geändert wurde.

Die Berichte sind tabulatorgetrennte Textdateien. Sie können mit einem beliebigen Texteditor oder mit einem entsprechenden Programm zum Lesen von tabulatorgetrennten Dokumenten, wie z. B. Microsoft Excel, geöffnet werden.

Struktur der Berichtsdateien

Die Assay Software speichert Berichte in einer bestimmten Struktur im Ordner „Output“ (Ausgabe).

Abbildung 5 Ordnerstruktur der Assay Software-Berichte



Die Assay Software speichert Berichte im Ordner *Batchname* mit der folgenden Struktur:

- ▶ **Hauptordner (Ordner mit dem Batchnamen):** Enthält Ergebnisberichte und Berichte in Verbindung mit LIMS-generierten E-Mail-Benachrichtigungen. Weitere Informationen finden Sie unter *Berichte zu Ergebnissen und Benachrichtigungen* auf Seite 42.
- ▶ **Ordner „ProcessLogs“ (Prozessprotokolle):** Enthält Berichte, die sich auf den Prozess beziehen. Weitere Informationen finden Sie unter *Prozessberichte* auf Seite 53

Eine Liste aller Berichte finden Sie unter *Übersicht über die Systemberichte* auf Seite 39.

Übersicht über die Systemberichte

Name des Berichts	Berichtstyp	Berichtseinheit	Format des Berichtsdateinamens
<i>NIPT Report (NIPT-Bericht)</i>	Aktion erforderlich	Pool/Fließzelle	<batch_name>_<pool_type>_<pool_barcode>_<flowcell>_nipt_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Supplementary Report (Ergänzender Bericht)</i>	Zur Information	Pool/Fließzelle	<batch_name>_<pool_type>_<pool_barcode>_<flowcell>_supplementary_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Sample Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Proben)</i>	Aktion erforderlich	Probe	<batch_name>_<sample_barcode>_sample_invalidation_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Sample Cancellation Report (Bericht zu abgebrochenen Proben)</i>	Aktion erforderlich	Probe	<batch_name>_<sample_barcode>_sample_cancellation_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Pool Retest Request Report (Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools)</i>	Aktion erforderlich	Pool	<batch_name>_<pool_type>_pool_retest_request_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Batch Initiation Report (Bericht zur Batchinitialisierung)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_batch_initiation_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab

Name des Berichts	Berichtstyp	Berichtseinheit	Format des Berichtsdateinamens
<i>Batch Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Batches)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_batch_invalidation_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Library Sample Report (Bibliotheksprobenbericht)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_library_sample_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Library Reagent Report (Bibliotheksreagenzbericht)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_library_reagent_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Library Labware Report (Bibliotheks-Labware-Bericht)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_library_labware_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Library Quant Report (Bibliotheksquantifizierungsbericht)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<batch_name>_library_quant_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Library Process Log (Bibliotheksprozessprotokoll)</i>	Zur Information	Batch	ProcessLogs/<Batchname>_library_process_log.tab
<i>Pool Report (Pool-Bericht)</i>	Zur Information	Pool	ProcessLogs/<batch_name>_<pool_barcode>_pool_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Pool Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Pools)</i>	Zur Information	Pool	ProcessLogs/<batch_name>_<pool_barcode>_pool_invalidation_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Sequencing Report (Sequenzierungsbericht)</i>	Zur Information	Pool/Fließzelle	ProcessLogs/<batch_name>_<pool_type>_<pool_barcode>_<flowcell>_sequencing_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab
<i>Analysis Failure Report (Analysefehlerbericht)</i>	Zur Information	Pool/Fließzelle	ProcessLogs/<batch_name>_<pool_barcode>_analysis_failure_report_<YYYYMMDD_hhmmss>.tab

Ereignisse für das Erstellen von Berichten

Bericht	Beschreibung	Ereignis für die Erstellung
NIPT Report (NIPT-Bericht)	Enthält die endgültigen Ergebnisse eines erfolgreichen Analyselaufs.	<ul style="list-style-type: none"> Sequenzierungslaufanalyse ist beendet.
Supplementary Report (Ergänzender Bericht)	Enthält ergänzende Ergebnisse zu einem erfolgreichen Analyselauf.	<ul style="list-style-type: none"> Sequenzierungslaufanalyse und NIPT-Bericht beide abgeschlossen.
Sample Invalidation (Ungültig gemachte Proben)	Enthält Informationen über eine ungültig gemachte Probe.	<ul style="list-style-type: none"> Benutzer macht eine Probe ungültig.
Sample Cancellation (Abgebrochene Proben)	Enthält Informationen über eine abgebrochene Probe.	<ul style="list-style-type: none"> Benutzer bricht eine Probe ab.
Pool Retest Request (Anforderung auf erneutes Testen des Pools)	Gibt an, dass aus einem vorhandenen Batch ein zweiter Pool generiert werden kann. Enthält Informationen über den Status des erneuten Testens des Pools. ¹	<ul style="list-style-type: none"> Benutzer macht einen Pool ungültig.
Batch Initiation (Batchinitialisierung)	Gibt den Beginn einer neuen Batchverarbeitung an.	<ul style="list-style-type: none"> Benutzer initiiert einen neuen Batch.

Bericht	Beschreibung	Ereignis für die Erstellung
Batch Invalidation (Ungültig gemachte Batches)	Enthält Informationen über einen vom Benutzer initiierten und ungültig gemachten Batch.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht.
Library Sample (Bibliothekssprobe)	Enthält eine Liste mit allen Proben im Batch.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht. • Bibliotheksvorbereitung ist abgeschlossen. • Quantifizierung des Batches schlägt fehl.
Library Reagent (Bibliothekssreagenz)	Enthält Reagenzinformationen über die Bibliotheksverarbeitung.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht. • Bibliotheksvorbereitung ist abgeschlossen. • Quantifizierung des Batches schlägt fehl.
Library Labware (Bibliothekss-Labware)	Enthält Labware-Informationen über die Bibliotheksverarbeitung.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht. • Bibliotheksvorbereitung ist abgeschlossen. • Quantifizierung des Batches schlägt fehl.
Library Quant (Bibliothekssquantifizierung)	Enthält Testergebnisse der Bibliotheksquantifizierung.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht. • Bibliotheksvorbereitung ist abgeschlossen. • Quantifizierung des Batches schlägt fehl.
Library Process Log (Bibliothekssprozessprotokoll)	Enthält die während der Bibliotheksverarbeitung ausgeführten Schritte.	<ul style="list-style-type: none"> • Batch wird ungültig gemacht. • Bibliotheksvorbereitung ist abgeschlossen. • Quantifizierung des Batches schlägt fehl. • Batchprozess ist abgeschlossen.
Pool	Enthält Proben-Pooling-Volumina.	<ul style="list-style-type: none"> • Pooling-Verfahren ist abgeschlossen.
Pool Invalidation (Ungültig gemachte Pools)	Enthält Informationen über einen vom Benutzer initiierten und ungültig gemachten Pool.	<ul style="list-style-type: none"> • Benutzer macht einen Pool ungültig.
Sequencing (Sequenzierung)	Enthält die Ergebnisse der Sequenzierungsqualitätssicherung.	<ul style="list-style-type: none"> • Sequenzierungsqualitätssicherung bestanden. • Sequenzierung schlägt fehl. • Zeitüberschreitung bei der Sequenzierung.
Analysis Failure (Analysefehler)	Enthält Analyseinformationen zu einem fehlgeschlagenen Pool.	<ul style="list-style-type: none"> • Sequenzierungslaufanalyse ist fehlgeschlagen.

¹ Benutzer macht einen Pool von einem gültigen Batch, der die maximale Anzahl der Pools nicht überschritten hat, ungültig.

Berichte zu Ergebnissen und Benachrichtigungen

NIPT Report (NIPT-Bericht)

Der NIPT Report (NIPT-Bericht) für die VeriSeq NIPT Assay Software v2 enthält die Ergebnisse der Chromosomenklassifizierung (jeweils eine Probe pro Zeile für alle Proben im Pool).

Spalte	Beschreibung	Voreinstellungsoptionen	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	Nicht zutreffend.	text	^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der Probe.	Nicht zutreffend.	text	^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$
sample_type	Von der erfassenden Stelle oder dem Laborbenutzer hinzugefügte Informationen zum Probentyp. Legt die Darstellung der Aneuploidieklassifizierung fest.	Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • Singleton (Einling): Einlingsschwangerschaft. • Twin (Zwilling): Mehrlingsschwangerschaft. • Control (Kontrolle): Kontrollprobe von bekanntem Geschlecht und Aneuploidieklassifizierung. • NTC: Negativkontrollprobe (keine DNA). • Not specified (Nicht angegeben): Für diese Probe wurde kein Probentyp angegeben. 	enum	Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.
sex_chrom	Analyse der Geschlechtschromosomen angefordert. Legt fest, wie Informationen zur Aneuploidieklassifizierung und zu Geschlechtschromosomen angegeben werden.	Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • Yes (Ja): Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen und Geschlechtsbericht angefordert. • No (Nein): Weder Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen noch Geschlechtsbericht angefordert. • SCA: Bericht zur Aneuploidie der Geschlechtschromosomen angefordert, Geschlechtsbericht nicht angefordert. • Not specified (Nicht angegeben): Für diese Probe wurde keine Option für den Geschlechtschromosomen-Bericht angegeben. 	enum	Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.
screen_type	Screening-Typ.	Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • Basic (Einfach): Screening der Chromosomen 13, 18 oder 21. • Genomewide (Genomweit): Screening des gesamten Genoms. • Not specified (Nicht angegeben): Für diese Probe wurde kein Screening-Typ angegeben. 	text	Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.

Spalte	Beschreibung	Voreinstellungsoptionen	Typ	Regex
flowcell	Barcode der Sequenzierungsfließzelle.	Nicht zutreffend.	text	<code>^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$</code>
class_sx	Geschlechtschromosomen-Aneuploidieklassifizierung.	<p>Einer der folgenden Werte, abhängig vom Probenotyp und den ausgewählten Berichtsoptionen für Geschlechtschromosomen:</p> <ul style="list-style-type: none"> • ANOMALY DETECTED – XO (Anomalie festgestellt – XO): Monosomie X. • ANOMALY DETECTED – XXX (Anomalie festgestellt – XXX): Trisomie X. • ANOMALY DETECTED – XXY (Anomalie festgestellt – XXY): zwei X-Chromosomen bei einem männlichen Fetus. • ANOMALY DETECTED – XYY (Anomalie festgestellt – XYY): zwei Y-Chromosomen. • NO ANOMALY DETECTED (Keine Anomalie festgestellt): negative Probe, Geschlecht nicht angegeben. • NO ANOMALY DETECTED – XX (Keine Anomalie festgestellt – XX): negative Probe bei weiblichem Fetus. • NO ANOMALY DETECTED – XY (Keine Anomalie festgestellt – XY): negative Probe bei männlichem Fetus. • NOT REPORTABLE (Geschlechtschromosomen nicht ausweisbar): Geschlechtschromosom konnte nicht bestimmt werden. • NO CHR Y PRESENT (Kein Y-Chromosom vorhanden): Zwillingsschwangerschaft ohne Y-Chromosom festgestellt. • CHR Y PRESENT (Y-Chromosom vorhanden): Zwillingsschwangerschaft mit Y-Chromosom festgestellt. • CANCELLED (Abgebrochen): Probe wurde durch den Benutzer abgebrochen. • INVALIDATED (Ungültig gemacht): Probe hat die Qualitätssicherung nicht bestanden oder wurde vom Benutzer ungültig gemacht. • NOT TESTED (Nicht getestet): Geschlechtschromosom wurde nicht getestet. • NA (Nicht relevant): Kategorie ist für diese Probe nicht relevant. 	class_ sx	<i>Unter</i> „Voreinstellungsoptionen“ <i>angegebene Werte.</i>

Spalte	Beschreibung	Voreinstellungsoptionen	Typ	Regex
class_auto	Klassifizierung für Aneuploidien in Autosomen. Wird im Bericht als ANOMALY DETECTED (Anomalie festgestellt) angegeben, wenn eine Anomalie im ausgewählten Screening-Typ für die Probe festgestellt wurde.	Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • ANOMALY DETECTED (Anomalie festgestellt): Autosomale Chromosomenanomalie festgestellt. • NO ANOMALY DETECTED (Keine Anomalie festgestellt): Keine autosomale Chromosomenanomalie festgestellt. • CANCELLED (Abgebrochen): Probe wurde durch den Benutzer abgebrochen. • INVALIDATED (Ungültig gemacht): Probe hat die Qualitätssicherung nicht bestanden oder wurde vom Benutzer ungültig gemacht. • NA (Nicht relevant): Kategorie ist für diese Probe nicht relevant. 	text	<i>Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.</i>
anomaly_description	Zeichenfolge im ISCN-Format, die alle berichteten Anomalien beschreibt. Mehrere Anomalien werden durch Semikola getrennt.	DETECTED (Erkannt): gefolgt von durch Semikola getrennte Zeichenfolgen im folgenden Format (in Chromosom-Reihenfolge): (\+ -)[12]?[0-9] (del dup)\([12]?[0-9]\)\(((p q)[0-9]{1,2}\.[0-9]{1,2})?)?{2}\ XO XXX XXY XYY oder NO ANOMALY DETECTED NA INVALIDATED CANCELLED (KEINE ANOMALIE ERKANNT NICHT RELEVANT UNGÜLTIG GEMACHT ABGEBROCHEN).	text	<i>Durch Semikola getrennte Zeichenfolgen und andere im Abschnitt Regeln für die Beschreibung von Anomalien erläuterte Werte.</i>
qc_flag	Ergebnisse der Qualitätssicherung der Analyse. Für die qc_flag-Werte WARNING (Warnung) und PASS (Bestanden) werden Ergebnisse aufgeführt. Für andere Werte werden keine Ergebnisse aufgeführt.	Einer der folgenden Werte: <ul style="list-style-type: none"> • PASS (Bestanden) • WARNING (Warnung) • FAIL (Nicht bestanden) • CANCELLED (Abgebrochen) • INVALIDATED (Ungültig gemacht) • NTC_PASS (NTC bestanden) 	enum	<i>Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.</i>

Spalte	Beschreibung	Voreinstellungsoptionen	Typ	Regex
qc_reason	Informationen über Nichtbestehen der Qualitätssicherung bzw. eine Warnung.	<p>Einer der folgenden Werte:</p> <ul style="list-style-type: none"> • NONE (Keine) (Qualitätssicherungsstatus = PASS [Bestanden]) • MULTIPLE ANOMALIES DETECTED (Mehrere Anomalien erkannt) (Qualitätssicherungsstatus = WARNING [Warnung]) • FAILED iFACT (iFACT fehlgeschlagen) • DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Daten außerhalb des erwarteten Bereichs) • FRAGMENT SIZE DISTRIBUTION OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Verteilung der Fragmentgröße außerhalb des erwarteten Bereichs) • FLOWCELL DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Fließzellendaten außerhalb des erwarteten Bereichs) • FAILED TO ESTIMATE FETAL FRACTION (Fehler bei der Schätzung der fetalen Fraktion) • SEQUENCING DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Sequenzierungsdaten außerhalb des erwarteten Bereichs) • UNEXPECTED DATA (Unerwartete Daten) • NTC SAMPLE WITH HIGH COVERAGE (NTC-Probe mit hoher Abdeckung) • CANCELLED (Abgebrochen) • INVALIDATED (Ungültig gemacht) 	text	<i>Unter „Voreinstellungsoptionen“ angegebene Werte.</i>
ff	Geschätzte fetale Fraktion.	<p>Prozentualer Anteil der Proben-cfDNA vom Fetus (auf die nächste Ganzzahl aufgerundet). Ergebnisse unter 1 % werden als „< 1 %“ angezeigt.</p>	text	<i>Nicht zutreffend.</i>

Regeln für die Beschreibung von Anomalien

Wird bei der Analyse mit der VeriSeq NIPT Assay Software v2 eine Anomalie erkannt, wird im Feld „anomaly_description“ im NIPT Report (NIPT-Bericht) der Wert „DETECTED“ (erkannt) gefolgt von einer Textzeichenfolge angezeigt. Dieser Text beschreibt alle berichteten Anomalien im ISCN-Format (International Standing Committee on Cytogenetic Nomenclature). Die Zeichenfolge besteht aus mehreren durch Semikola getrennten Elementen. Jedes Element steht für eine Trisomie oder Monosomie in einem Autosom, eine Geschlechtschromosomen-Aneuploidie oder eine partielle Deletion bzw. Duplikation.

Trisomie- und Monosomie-Elemente werden als +<chr> bzw. -<chr> dargestellt, <chr> ist hierbei die Chromosomennummer.

Beispielsweise wird eine Probe mit einer Trisomie auf Chromosom 5 wie folgt dargestellt:

+5

Eine Probe mit einer Monosomie auf Chromosom 6 wird wie folgt dargestellt:

-6

Für Geschlechtschromosomen-Aneuploidien werden Standardnotationen mit vier möglichen Werten verwendet:

- ▶ XO: Monosomie auf Chromosom X.
- ▶ XXX: Trisomie auf Chromosom X.
- ▶ XXY: zwei X-Chromosomen bei männlichen Proben.
- ▶ XYY: zwei Y-Chromosomen bei männlichen Proben.

Partielle Deletionen und Duplikationen werden nur für Autosome berichtet und erscheinen nur in genomweiten Screenings. Die Syntax für eine partielle Deletion bzw. Duplikation lautet <type>(<chr>)(<start band><end band>), wobei:

- ▶ <type> den Ereignistyp darstellt, „del“ für Deletion bzw. „dup“ für Duplikation steht,
- ▶ <chr> die Chromosomennummer darstellt,
- ▶ <start band> das Cytoband mit dem Beginn des Ereignisses darstellt und
- ▶ <end band> das Cytoband mit dem Ende des Ereignisses darstellt.

Beispielsweise wird eine partielle Deletion bzw. Duplikation mit einer Duplikation zwischen Cytoband p14 und q15 auf Chromosom 22 wie folgt dargestellt:

dup (22) (p14q15)

Das Feld „anomaly_description“ folgt drei Regeln für die Sortierreihenfolge:

- 1 Elemente werden nach Chromosomennummer geordnet, unabhängig davon, ob das gesamte Chromosom betroffen ist oder eine partielle Deletion bzw. Duplikation vorliegt. Eine ggf. vorliegende Geschlechtschromosomen-Aneuploidie wird zuletzt genannt.
- 2 Bei partiellen Deletionen bzw. Duplikationen innerhalb desselben Chromosoms werden Deletionen vor den Duplikationen dargestellt.
- 3 Partielle Deletionen bzw. Duplikationen desselben Typs innerhalb desselben Chromosoms werden nach der Startbase geordnet, die im Supplementary Report (Ergänzender Bericht) aufgeführt wird.

Meldungen mit Qualitätssicherungsgründen

Die Spalte „qc_reason“ im NIPT Report (NIPT-Bericht) gibt einen Qualitätssicherungsfehler oder eine Warnung an, wenn die Analyseergebnisse außerhalb des erwarteten Bereichs für eine Qualitätssicherungskennzahl liegen. Qualitätssicherungsfehler verhindern die Ausgabe der vollständigen Ergebnisse für Chromosomen-Aneuploidie, Geschlechtsklassifikation, ergänzende Berichtsergebnisse und die geschätzte fetale Fraktion in den folgenden Feldern im NIPT Report (NIPT-Bericht): class_auto, class_sx, anomaly_description und ff.

Meldung mit Qualitätssicherungsgrund	Beschreibung	Empfohlene Aktion
FAILED iFACT (iFACT fehlgeschlagen)	iFACT (individual Fetal Aneuploidy Confidence Test, individueller Zuverlässigkeitstest zur fetalen Aneuploidie): Eine Qualitätssicherungskennzahl, die die Schätzung der fetalen Fraktion mit Laufkennzahlen, die mit der Abdeckung in Zusammenhang stehen, kombiniert, um festzustellen, ob das System die statistische Zuverlässigkeit für die Durchführung eines Calls auf eine gegebene Probe aufweist.	Probe neu verarbeiten.
DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Daten außerhalb des erwarteten Bereichs)	Die durchschnittliche Abweichung von der Aneuploidieabdeckung entspricht nicht der vorausgesetzten Verteilung. Mögliche Ursache ist eine Kontamination oder eine falsche Probenverarbeitung.	Probe neu verarbeiten.
FRAGMENT SIZE DISTRIBUTION OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Verteilung der Fragmentgröße außerhalb des erwarteten Bereichs)	Die Fragmentgrößenverteilung entspricht nicht der vorausgesetzten Verteilung. Mögliche Ursache ist eine Kontamination oder eine falsche Probenverarbeitung.	Probe neu verarbeiten.
FLOWCELL DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Fließzellendaten außerhalb des erwarteten Bereichs)	Die Fließzellendaten entsprechen nicht der vorausgesetzten Verteilung. Möglicherweise liegt ein Fehler bei der Einrichtung der Fließzelle vor.	Probe neu verarbeiten.
FAILED TO ESTIMATE FETAL FRACTION (Fehler bei der Schätzung der fetalen Fraktion)	Es konnte kein gültiger Wert für die Schätzung der fetalen Fraktion generiert werden.	Probe neu verarbeiten.
SEQUENCING DATA OUTSIDE OF EXPECTED RANGE (Sequenzierungsdaten außerhalb des erwarteten Bereichs)	Die Eingangsdaten für die Sequenzierung entsprechen nicht der vorausgesetzten Verteilung. Mögliche Ursache ist eine Kontamination oder eine falsche Probenverarbeitung.	Resequenzierung der Fließzelle durchführen.
UNEXPECTED DATA (Unerwartete Daten)	Der Bericht generiert eine Qualitätssicherungsmeldung, die nicht mit einem der anderen in dieser Tabelle aufgeführten Qualitätssicherungsgründe übereinstimmt.	An den technischen Support von Illumina wenden.

Meldung mit Qualitätssicherungsgrund	Beschreibung	Empfohlene Aktion
MULTIPLE ANOMALIES DETECTED (Mehrere Anomalien erkannt)	<p>In der Probe wurden mindestens zwei zu berichtende Anomalien erkannt (einschließlich Gesamtchromosom-Aneuploidien sowie partiellen Deletionen bzw. Duplikationen).</p> <p>Die Erkennung mehrerer Anomalien in der Probe kann auf eine fehlerhafte Handhabung der Probe bzw. in selteneren Fällen auf eine mütterliche maligne Erkrankung hinweisen.</p> <p>Bei dieser Meldung handelt es sich um eine Warnung. Sie stellt keinen Qualitätssicherungsfehler dar. Die Ergebnisse werden im Bericht aufgeführt, damit die erkannten Anomalien geprüft werden können. Möglicherweise muss die Probe jedoch neu verarbeitet werden.</p>	Probe neu verarbeiten.
NTC SAMPLE WITH HIGH COVERAGE (NTC-Probe mit hoher Abdeckung)	<p>Eine NTC-Probe weist eine hohe Abdeckung auf (kein DNA-Material erwartet). Mögliche Ursache ist eine Kontamination oder eine falsche Probenverarbeitung.</p>	Probe neu verarbeiten.
CANCELLED (Abgebrochen)	<p>Die Probe wurde vom Benutzer abgebrochen.</p>	Nicht zutreffend.
INVALIDATED (Ungültig gemacht)	<p>Die Probe wurde vom Benutzer ungültig gemacht.</p>	Nicht zutreffend.

Supplementary Report (Ergänzender Bericht)

Der Supplementary Report (Ergänzender Bericht) enthält Daten zu zusätzlichen Kennzahlen für einen Batch, eine Probe oder eine Region. Jede Zeile des Berichts steht für eine Kennzahl. Mehrere Kennzahlen gelten für denselben Batch, dieselbe Probe oder dieselbe Region.

Die tabstoppgetrennte Datei enthält sechs Spalten, die in der folgenden Tabelle erläutert werden.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
flowcell	Barcode für die Fließzelle.	text	<code>^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$</code>
batch_ name	Name des relevanten Batches.	text	<code>^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$</code>
sample_ barcode	Barcode für die Probe.	text	NA (nicht zutreffend) für batchspezifische Kennzahlen. <code>^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$</code>
region	Entweder das gesamte Chromosom oder eine Beschreibung der Region mit der partiellen Deletion bzw. Duplikation.	text	NA (nicht zutreffend): für batch- oder probenspezifische Kennzahlen. <code>chr[12]?[0-9X]</code> : für Kennzahlen zur Gesamtchromosomenregion. <code>(del dup)\([12]?[0-9X]\)\(((p q)[0-9]{1,2}(\.[0-9]{1,2})?)\{2\})\)</code> : für Kennzahlen zur Region mit der partiellen Deletion bzw. Duplikation.
metric_ name	Name der beschriebenen Kennzahl.	text	<code>^[a-zA-Z0-9_]{1,36}\$</code>
metric_ value	Wert der Kennzahl.	variiert	<i>Siehe Kennzahlen im Supplementary Report (Ergänzender Bericht).</i>

Kennzahlen im Supplementary Report (Ergänzender Bericht)

Der Supplementary Report (Ergänzender Bericht) enthält Daten für die folgenden Kennzahlen. Jede Kennzahl wird gesondert für Batch, Probe und Region angegeben.

Kennzahlen für Chromosom X werden nur angegeben, wenn die Geschlechtschromosomenoption „Yes“ (Ja) oder „SCA“ ausgewählt wurde.

Der Wertebereich wird im Format „Minimalwert, Maximalwert“ in runden oder eckigen Klammern angegeben. Die runden Klammern geben an, dass der Grenzwert aus dem Bereich ausgenommen ist. Die eckigen Klammern geben an, dass der Grenzwert zum Bereich gehört. „Inf“ steht für „unendlich“.

Name der Kennzahl	Frequenz	Beschreibung	Typ	Regulärer Ausdruck oder Wertebereich
genome_ assembly	Je Batch	Das Koordinatensystem für das Alignment der Sequenzierungsdaten und der Koordinaten der Berichtsregion. Für VeriSeq NIPT Solution v2 immer GRCh37.	text	^GRCh37\$
frag_size_ dist	Je Probe	Standardabweichung der Unterschiede zwischen tatsächlicher und erwarteter Gesamtfragmentverteilung.	float	(0, Inf)
fetal_fraction	Je Probe	Angegebene fetale Fraktion.	float	(0, 1)
NCV_X	Je Probe	Normalisierter Chromosomenwert für das X-Chromosom. Wird nur bei entsprechender Berichtsoption für das Geschlechtschromosom angezeigt. Andernfalls wird für die Kennzahl NOT TESTED (Nicht getestet) angegeben.	float	(-Inf, Inf)
NCV_Y	Je Probe	Normalisierter Chromosomenwert für das Y-Chromosom. Wird nur bei entsprechender Berichtsoption für das Geschlechtschromosom angezeigt. Andernfalls wird für die Kennzahl NOT TESTED (Nicht getestet) angegeben.	float	(-Inf, Inf)
number_of_ cnv_events	Je Probe	Die Anzahl der in der Probe ermittelten Regionen mit partieller Deletion bzw. Duplikation.	integer	(0, Inf)
non_ excluded_ sites	Je Probe	Die Anzahl der nach der Filterung verbleibenden Reads, die in die Analyse einfließen.	integer	(0, Inf)
region_ classification	Je Region	Klassifizierung der Region durch das System im selben Format wie im Feld „anomaly_description“ im NIPT Report (NIPT-Bericht). Wenn keine zu berichtende Geschlechtschromosomenanomalie erkannt wurde, entspricht die Regionsklassifizierung für Chromosom X dem Wert von „class_sx“ im NIPT Report (NIPT-Bericht). Mögliche Werte (regex): DETECTED (Erkannt): (\+ -)[12]?[0-9] DETECTED (Erkannt): (del dup)\([12]?[0-9]\)\(((p q)[0-9]{1,2}\.[0-9]{1,2})?\{2}\) NO ANOMALY DETECTED (Keine Anomalie erkannt) DETECTED (Erkannt): (XO XXX XXY XY) NO ANOMALY DETECTED - XX (Keine Anomalie erkannt - XX) NO ANOMALY DETECTED - XY (Keine Anomalie erkannt - XY) NOT REPORTABLE (Nicht zu berichten) CHR Y PRESENT (Chr. Y vorhanden) CHR Y NOT PRESENT (Chr. Y nicht vorhanden)	text	<i>Unter „Beschreibung“ angegebene Werte.</i>
chromosome	Je Region	Das Chromosom-Symbol.	text	chr[12]?[0-9X]
start_base	Je Region	Erste Base in der Region enthalten.	integer	[1, Inf)
end_base	Je Region	Letzte Base in der Region enthalten.	integer	[1, Inf)
start_ cytoband	Je Region	Zytogenetisches Band der ersten Base in der Region.	text	(p q)[0-9]{1,2} (\.[0-9]{1,2})?

Name der Kennzahl	Frequenz	Beschreibung	Typ	Regulärer Ausdruck oder Wertebereich
end_cytoband	Je Region	Zytogenetisches Band der letzten Base in der Region.	text	(p q)[0-9]{1,2}(\.[0-9]{1,2})?
region_size_mb	Je Region	Größe der Region in Metabasen.	float	(0, Inf)
region_llr_trisomy	Je Region	Der LLR-Score (Log-Likelihood Ratio) für Trisomie für die Region. Gibt das Evidenz-Verhältnis zwischen Trisomie und keiner Veränderung (Disomie) an. Wenn der LLR-Score einen vordefinierten Schwellenwert überschreitet, wird das Ergebnis als Trisomie gewertet. Diese Kennzahl wird für partielle Deletionen bzw. Duplikationen angezeigt, wenn es sich beim Typ um eine Zunahme (dup) handelt. Andernfalls wird für die Kennzahl NA (Nicht zutreffend) angegeben.	float	(-Inf, Inf)
region_llr_monosomy	Je Region	Der LLR-Score für Monosomie für die Region. Gibt das Evidenz-Verhältnis zwischen Monosomie und keiner Veränderung (Disomie) an. Wenn der LLR-Score einen vordefinierten Schwellenwert überschreitet, wird das Ergebnis als Monosomie gewertet. Diese Kennzahl wird für partielle Deletionen bzw. Duplikationen angezeigt, wenn es sich beim Typ um eine Abnahme (del) handelt. Andernfalls wird für die Kennzahl NA (Nicht zutreffend) angegeben. Für diese Kennzahl wird NOT TESTED (Nicht getestet) angegeben, wenn ein einfaches Screening durchgeführt wird.	float	(-Inf, Inf)
region_t_stat_long_reads	Je Region	Die t-Statistik für die Region. Die t-Statistik stellt den Unterschied bei der Abdeckung zwischen der Region und dem übrigen Genom im Vergleich zur Variation in der Probe dar. Es handelt sich um eine Kennzahl, die ein Signal-Rausch-Verhältnis angibt, dass die Nachweisbarkeit einer Änderung hinsichtlich der Abdeckung der Region darstellt. „long_reads“ gibt an, dass die für diese t-Statistik verwendete Abdeckung den vollen Umfang der in der Analyse verwendeten Fragmentgrößen umfasst. Der LLR-Score wird aus der t-Statistik und der für die Probe geschätzten fetalen Fraktion gebildet.	float	(-Inf, Inf)
region_mosaic_ratio	Je Region	Der aneuploide Anteil des fetalen Materials. Diese Kennzahl basiert auf dem Verhältnis zwischen der fetalen Fraktion, die aus der Abdeckung der Region abgeleitet wurde, und der fetalen Fraktion in der Probe. In Proben mit einer fetalen Fraktion nahe Null können Mosaikverhältnisse aufgrund der zu ihrer Berechnung herangezogenen Variabilität in der Schätzung der fetalen Fraktion für die Probe negative Werte annehmen.	float	(-Inf, Inf)
region_mosaic_llr_trisomy	Je Region	Der LLR-Score für Trisomie, der anhand der aus der Abdeckung für die Region abgeleiteten fetalen Fraktion und nicht anhand der fetalen Fraktion für die Probe berechnet wurde. Diese Kennzahl wird für partielle Deletionen bzw. Duplikationen angezeigt, wenn es sich beim Typ um eine Zunahme (dup) handelt. Andernfalls wird für die Kennzahl NA (Nicht zutreffend) angegeben.	float	(-Inf, Inf)
region_mosaic_llr_monosomy	Je Region	Der LLR-Score für Monosomie, der anhand der aus der Abdeckung für die Region abgeleiteten fetalen Fraktion und nicht anhand der fetalen Fraktion für die Probe berechnet wurde. Diese Kennzahl wird für partielle Deletionen bzw. Duplikationen angezeigt, wenn es sich beim Typ um eine Abnahme (del) handelt. Andernfalls wird für die Kennzahl NA (Nicht zutreffend) angegeben. Für diese Kennzahl wird NOT TESTED (Nicht getestet) angegeben, wenn ein einfaches Screening durchgeführt wird.	float	(-Inf, Inf)

Sample Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Proben)

Das System generiert für jede ungültig gemachte oder fehlgeschlagene Probe einen „Sample Invalidation Report“ (Bericht zu ungültig gemachten Proben).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der ungültig gemachten Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
reason	Vom Benutzer angegebener Grund für das Ungültigmachen der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
operator	Benutzername des Bedieners, der die Probe für ungültig bzw. fehlgeschlagen erklärt hat.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
timestamp	Zeitpunkt (Datum und Uhrzeit), zu dem die Probe ungültig gemacht wurde.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Sample Cancelation Report (Bericht zu abgebrochenen Proben)

Das System generiert für jede abgebrochene Probe einen „Sample Cancelation Report“ (Bericht zu abgebrochenen Proben).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der abgebrochenen Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
reason	Vom Benutzer angegebener Grund für das Abbrechen der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
operator	Benutzername des Bedieners, der die Probe abgebrochen hat.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
timestamp	Zeitpunkt (Datum und Uhrzeit), zu dem die Probe abgebrochen wurde.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Pool Retest Request Report (Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools)

Der Pool Retest Request Report gibt an, dass ein ungültig gemachter Pool neu gebildet werden kann. Das System generiert einen Bericht über die Anforderung auf erneutes Testen des Pools, wenn der erste von zwei möglichen Sequenzierungsläufen (Pools) für diesen Pooltyp ungültig gemacht wurde.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_type	Typ des Pools.	enum	A B C E
reason	Vom Benutzer angegebener Grund für das Ungültigmachen des vorherigen Pools.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
timestamp	Datum und Uhrzeit der Anforderung.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Prozessberichte

Batch Initiation Report (Bericht zur Batchinitiierung)

Das System generiert einen „Batch Initiation Report“ (Bericht zur Batchinitiierung), wenn ein Batch initiiert und vor der Plasmaisolation erfolgreich validiert wurde.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_type	Probentyp des Barcodes der Probe.	enum	singleton control twin ntc
well	Der einer Probe zugeordnete Well.	text	^[a-zA-Z]{1,1}[0-9]{1,2}\$
assay	Assay-Name.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,100}\$
method_version	Version der Assay-Automatisierungsmethode.	text	VeriSeq v2 NIPT Assay
workflow_manager_version	Die dem Batch zugeordnete Version von Workflow Manager.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,100}\$

Batch Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Batches)

Das System generiert für jeden ungültig gemachten oder fehlgeschlagenen Batch einen „Batch Invalidation Report“ (Bericht zu ungültig gemachten Batches).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
reason	Vom Benutzer angegebener Grund für das Ungültigmachen des Batches.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
operator	Initialen des Bedieners, der den Batch ungültig gemacht hat.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
timestamp	Zeitpunkt (Datum und Uhrzeit), zu dem der Batch ungültig gemacht wurde.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Library Sample Report (Bibliotheksprobenbericht)

Das System erstellt einen „Library Sample Report“ (Bibliotheksprobenbericht), wenn der Batch fehlschlägt oder vom Benutzer ungültig gemacht wird, nach einem erfolgreichen Bibliotheksabschluss sowie nach einem erfolgreichen Quantifizierungsabschluss.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
qc_status	Probenstatus nach Abschluss der Assay-Schritte.	enum	pass fail
qc_reason	Grund für den Qualitätssicherungsstatus.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
starting_volume	Anfangsvolumen des Blutsammelröhrchens bei der Plasmaisolation in ml.	float	
index	Index der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
ccn_library_pg_ul	Bibliothekskonzentration in pg/μl.	float	
plasma_isolation_comments	Benutzerkommentare beim Durchführen der Plasmaisolation (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,512}\$
cfdna_extraction_comments	Benutzerkommentare beim Durchführen der cfDNA-Extraktion (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,512}\$
library_prep_comments	Benutzerkommentare beim Durchführen der Bibliotheksvorbereitung (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,512}\$
quantitation_comments	Benutzerkommentare beim Durchführen der Quantifizierung (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,512}\$

Library Reagent Report (Bibliotheksreagenzbericht)

Das System erstellt einen „Library Reagent Report“ (Bibliotheksreagenzbericht), wenn der Batch fehlschlägt oder vom Benutzer ungültig gemacht wird, nach einem erfolgreichen Bibliotheksabschluss sowie nach einem erfolgreichen Quantifizierungsabschluss.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
process	Prozessname im Format PROZESS:unterprozess. Mögliche Werte: <ul style="list-style-type: none"> • ISOLATION: batch_validation, prespin, postspin, data_transact. • EXTRACTION (Extraktion): setup, chemistry, data_transact. • LIBRARY (Bibliothek): setup, chemistry, data_transact, complete. • QUANT (Quantifizierung): setup, build_standards, build_384, analysis, data_transact. • POOLING: analysis, setup, pooling, data_transact, complete. 	text	^[A-Z]{1,36}:[a-z0-9_-]{1,36}\$
reagent_name	Name des Reagenz.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
lot	Reagenz-Barcode.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
expiration_date	Verfallsdatum im Herstellerformat.	text	^[a-zA-Z0-9:/_-]{1,100}\$
operator	Benutzername des Bedieners.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
initiated	Initiierungszeitstempel des Reagenz.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Library Labware Report (Bibliotheks-Labware-Bericht)

Im Falle eines Fehlers oder der Ungültigmachung eines Batches, nach erfolgreichem Bibliotheksabschluss und nach erfolgreichem Quantifizierungsabschluss generiert das System einen „Library Labware Report“ (Bibliotheks-Labware-Bericht).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
labware_name	Labware-Name.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
labware_barcode	Labware-Barcode.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
initiated	Initiierungszeitstempel der Labware.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Library Quant Report (Bibliotheksquantifizierungsbericht)

Das System generiert bei einem erfolgreichen Abschluss der Quantifizierung einen „Library Quant Report“ (Bibliotheksquantifizierungsbericht).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
quant_id	Numerische ID.	long	
instrument	Name des Quantifizierungsgeräts (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
standard_r_squared	R-Quadrat.	float	
standard_intercept	Regressionskonstante.	float	
standard_slope	Steigungswert.	float	
median_ccn_pg_ul	Median der Probenkonzentration.	float	
qc_status	Status der Qualitätssicherung der Quantifizierung.	enum	pass fail
qc_reason	Ggf. Beschreibung der Fehlerursache.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
initiated	Initiierungszeitstempel der Quantifizierung.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Library Process Log (Bibliotheksprozessprotokoll)

Das System generiert ein „Library Process Log“ (Bibliotheksprozessprotokoll) zu Beginn, am Ende und beim Fehlschlagen eines jeden Batchprozesses sowie im Falle des Fehlschlagens oder der Ungültigmachung eines Batches und nach Abschluss der Analyse (pro Pool generiert).

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
process	Batchprozessname im Format PROZESS:unterprozess. Mögliche Werte: ISOLATION : batch_validation, prespin, postspin, data_transact. EXTRACTION (Extraktion): setup, chemistry, data_transact. LIBRARY (Bibliothek): setup, chemistry, data_transact, complete. QUANT (Quantifizierung): setup, build_standards, build_384, analysis, data_transact. POOLING : analysis, setup, pooling, data_transact, complete.	text	^[A-Z]{1,36}:[a-z0-9_-]{1,36}\$
operator	Initialen des Bedieners.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
instrument	Gerätename.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
started	Zeitpunkt (Datum und Uhrzeit), zu dem der Batchprozess gestartet wurde.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	
finished	Datum und Uhrzeit des Abschlusses des Batchprozesses oder -fehlers.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	
status	Aktueller Batch.	enum	completed failed started aborted

Pool Report (Pool-Bericht)

Das System generiert einen „Pool Report“ (Pool-Bericht) nach erfolgreichem Bibliotheksabschluss, bei Batchfehlern und nachdem ein Batch ungültig gemacht wurde, sofern das Ereignis nach dem Beginn des Poolings auftritt.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sample_barcode	Eindeutiger Barcode der Probe.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_barcode	Pool-Barcode, der der Probe zugeordnet ist.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_type	Pooltyp, der der Probe zugeordnet ist.	enum	A B C E
pooling_volume_ul	Pooling-Volumen in µl.	float	
pooling_comments	Benutzerkommentare beim Durchführen des Poolings (freier Text).	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,512}\$

Pool Invalidation Report (Bericht zu ungültig gemachten Pools)

Das System generiert einen „Pool Invalidation Report“ (Bericht zu ungültig gemachten Pools), wenn der Pool ungültig gemacht wurde.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_barcode	Pool-Barcode des ungültig gemachten Pools.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
reason	Vom Benutzer angegebener Grund für das Ungültigmachen des Pools.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
operator	Initialen des Bedieners, der den Pool ungültig gemacht hat.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
timestamp	Zeitpunkt (Datum und Uhrzeit), zu dem der Pool ungültig gemacht wurde.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Sequencing Report (Sequenzierungsbericht)

Nach Abschluss der Sequenzierung oder nach Ablauf der Sequenzierungszeit generiert das System einen „Sequencing Report“ (Sequenzierungsbericht) für den Sequenzierungslauf.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_barcode	Der dem Sequenzierungslauf zugeordnete Pool-Barcode.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
instrument	Seriennummer des Sequenzierers.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
flowcell	Die dem Sequenzierungslauf zugeordnete Fließzelle.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
software_version	Aneinanderreihung von Softwareanwendung/Version, die für die Generierung der Daten auf dem Sequenzierer verwendet wird.	text	
run_folder	Name des Sequenzierungslaufordners.	text	^[a-zA-Z0-9_-]+\$
sequencing_status	Status des Sequenzierungslaufs.	enum	completed timed out failed
qc_status	Status der Qualitätssicherung für den Sequenzierungslauf.	enum	pass fail error
qc_reason	Gründe für das Fehlschlagen der Qualitätssicherung, durch Semikolon getrennte Werte.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
cluster_density	Clusterdichte (Median pro Fließzelle, plattenübergreifend).	float	
pct_q30	Prozentsatz der Basen über Q30.	float	
pct_pf	Prozentsatz der Reads nach Filterung.	float	
phasing	Phasierung.	float	
prephasing	Vorphasierung.	float	
predicted_aligned_reads	Prognostizierte alignierte Reads.	long	
started	Systemdatum und -zeit, die dem Beginn der Sequenzierung zugeordnet werden.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	
completed	Systemdatum und -zeit, die dem Ende der Sequenzierung zugeordnet werden.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Analysis Failure Report (Analysefehlerbericht)

Das System generiert einen „Analysis Failure Report“ (Analysefehlerbericht), wenn die maximale Anzahl der Analyseversuche für den Sequenzierungslauf fehlgeschlagen ist.

Spalte	Beschreibung	Typ	Regex
batch_name	Batchname.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
pool_barcode	Pool-Barcode, der der fehlgeschlagenen Analyse zugeordnet wird.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
flowcell	Fließzellen-Barcode, der der fehlgeschlagenen Analyse zugeordnet wird.	text	^[a-zA-Z0-9_-]{1,36}\$
sequencing_run_folder	Ordner „Sequencing Run“ (Sequenzierungslauf), der der fehlgeschlagenen Analyse zugeordnet wird.	text	^[a-zA-Z0-9_]+\$
analysis_run_status	Sequenzierungslauf-Status, der der fehlgeschlagenen Analyse zugeordnet wird.	text	^[a-zA-Z0-9_]+\$
timestarted	Systemdatum und -zeit, die dem Beginn der Analyse zugeordnet werden.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	
timefinished	Systemdatum und -zeit, die der fehlgeschlagenen Analyse zugeordnet werden.	Systemdatum und -zeit gemäß ISO 8601	

Anhang C Fehlerbehebung

Einleitung	60
Benachrichtigungen der Assay Software	61
Systemprobleme	73
Datenverarbeitungstests	73

Einleitung

Die Unterstützung bei Problemen mit VeriSeq NIPT Solution v2 umfasst Folgendes:

- ▶ Assay Software und Systembenachrichtigungen.
- ▶ Empfohlene Aktionen bei Systemproblemen.
- ▶ Anweisungen zur Durchführung von präventiven und Fehleranalysen mit vorinstallierten Testdaten.

Benachrichtigungen der Assay Software

In diesem Abschnitt werden die Benachrichtigungen der Assay Software erläutert:

Fortschrittsbenachrichtigungen

Fortschrittsbenachrichtigungen geben den normalen Fortschritt der Assay-Ausführung an. Diese Benachrichtigungen werden als „Activities“ (Aktivitäten) protokolliert und erfordern keine Benutzeraktionen.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Batch initiation (Batchinitiierung)	Bibliotheksvorbereitung	Benutzer hat einen neuen Batch erstellt.	Aktivität	Ja	Nicht zutreffend.
Batch Library Complete (Batch-Bibliothek abgeschlossen)	Bibliotheksvorbereitung	Bibliothek für den aktuellen Batch abgeschlossen.	Aktivität	Nein	Nicht zutreffend.
Pool Complete (Pool abgeschlossen)	Bibliotheksvorbereitung	Pool wurde aus einem Batch generiert.	Aktivität	Nein	Nicht zutreffend.
Sequencing Started (Sequenzierung gestartet)	Sequenzierung	Das System hat einen neuen Sequenzierungsdatenordner erkannt.	Aktivität	Nein	Nicht zutreffend.
Sequencing QC passed (Sequenzierungsqualitätssicherung bestanden)	Sequenzierung	Der Sequenzierungslauf ist abgeschlossen und die Sequenzierungsqualitätssicherung wurde bestanden.	Aktivität	Nein	Nicht zutreffend.
Sequencing Run Associated With Pool (Sequenzierungslauf zum Pool zugeordnet)	Sequenzierung	Der Sequenzierungslauf wurde erfolgreich einem bekannten Pool zugeordnet.	Aktivität	Nein	Nicht zutreffend.
Analysis Started (Analyse gestartet)	Analyse	Die Analyse des angegebenen Sequenzierungslaufs hat begonnen.	Aktivität	Ja	Nicht zutreffend.
Analysis Completed NIPT Report Generated (Analyse abgeschlossen, NIPT-Bericht generiert)	Nachanalyse	Die Analyse ist abgeschlossen und Berichte wurden generiert.	Aktivität	Ja	Nicht zutreffend.

Benachrichtigungen über das Ungültigmachen

Benachrichtigungen über das Ungültigmachen weisen auf Systemereignisse hin, die aufgrund des Ungültigmachens eines Batches oder eines Pools mit dem Workflow Manager auftreten. Diese Benachrichtigungen werden als „Notices“ (Hinweise) protokolliert und erfordern keine Benutzeraktionen.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Batch Invalidation (Ungültig gemachte Batches)	Bibliotheksvorbereitung	Benutzer hat einen Batch ungültig gemacht.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.
Pool Invalidation – Repool (Ungültig gemachter Pool – Pool neu bilden)	Bibliotheksvorbereitung	Benutzer hat den erstmöglichen Pool (eines bestimmten Typs) für den Batch ungültig gemacht.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.
Pool Invalidation – Use second aliquot (Ungültig gemachter Pool – Zweites Aliquot verwenden)	Bibliotheksvorbereitung	Benutzer hat den erstmöglichen Pool (eines bestimmten Typs) für den Batch ungültig gemacht.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.
Sequencing Completed Pool Invalidated (Sequenzierung abgeschlossen, Pool ungültig gemacht)	Sequenzierung	Der Sequenzierungslauf wurde abgeschlossen, jedoch hat der Benutzer den Pool ungültig gemacht.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.
Sequencing QC passed – All samples are invalid (Sequenzierungsqualitätssicherung bestanden – Alle Proben sind ungültig)	Sequenzierungsqualitätssicherung	Die Qualitätssicherung des Sequenzierungslaufs ist abgeschlossen, aber alle Proben sind ungültig.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.
Analysis Completed Pool Invalidated (Analyse abgeschlossen, Pool ungültig gemacht)	Nachanalyse	Die Analyse wurde abgeschlossen, jedoch hat der Benutzer den Pool ungültig gemacht.	Hinweis	Ja	Nicht zutreffend.

Benachrichtigungen zu behebbaren Fehlern

Behebbarer Fehler sind Probleme, die die VeriSeq NIPT Assay Software lösen kann, wenn der Benutzer die empfohlene Maßnahme durchführt. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Missing Instrument Path (Gerätepfad fehlt)	Sequenzierung	Das System kann einen externen Sequenzierungsordner nicht finden bzw. keine Verbindung mit ihm herstellen.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> • Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i> auf Seite 71 • Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Insufficient Disk Space for Sequencing (Nicht genügend Speicherplatz für die Sequenzierung)	Sequenzierung	Das System hat einen neuen Sequenzierungsdatenordner erkannt, vermutet aber, dass für die Daten nicht genügend Speicherplatz vorhanden ist.	Alarm	Ja	<ol style="list-style-type: none"> 1. Überprüfen Sie den verfügbaren Speicherplatz. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i> auf Seite 71. 2. Geben Sie Speicherplatz frei oder sichern Sie Daten. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i> auf Seite 71.
Sequencing Run Invalid Folder (Ungültiger Sequenzierungslaufordner)	Sequenzierung	Ungültige Zeichen im Namen des Sequenzierungslaufordners.	Warnung	Ja	Der Sequenzierungslaufordner wurde falsch umbenannt. Benennen Sie den Lauf in einen gültigen Namen um.
Sequencing Started but Pool Barcode File Missing (Sequenzierung gestartet, Pool-Barcodedatei fehlt)	Sequenzierung	Die Software hat 30 Minuten nach dem Start der Sequenzierung noch keine Datei mit dem Pool-Barcode gefunden.	Warnung	Ja	Möglicher Sequenzierer- oder NAS-Fehler. Prüfen Sie die Konfiguration des Sequenzierers und die Netzwerkverbindung. Das System sucht bis zum Abschluss der Sequenzierung weiter nach einer Barcodedatei.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Cannot Verify Sequencing Run Completion (Abschluss des Sequenzierungslaufs konnte nicht bestätigt werden)	Sequenzierung	Die Software konnte die Laufabschlussstatus-Datei im Sequenzierungsordner nicht lesen.	Warnung	Ja	Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Missing Sample Attributes (Probenattribute fehlen)	Voranalyse	Die Software hat für einige Proben keine Definition für Probentyp, Geschlechtschromosomenoption oder Screening-Typ gefunden.	Hinweis	Ja	Mindestens ein Probenattribut der angegebenen Probe fehlt. Geben Sie in Workflow Manager die fehlenden Probenattribute ein oder machen Sie die Probe ungültig, damit die Software fortfahren kann.
Sample Sheet Generation failed (Generierung des Probenblatts fehlgeschlagen)	Voranalyse	Das Probenblatt konnte nicht erstellt werden.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> Überprüfen Sie den verfügbaren Speicherplatz. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. Falls wenig freier Speicherplatz zur Verfügung steht, geben Sie Speicherplatz frei oder sichern Sie Daten. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Unable to check disk space (Überprüfen des Speicherplatzes nicht möglich)	Voranalyse	Der verfügbare Speicherplatz konnte nicht überprüft werden.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> • Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i>, Aktions-ID 2 auf Seite 71. • Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Insufficient Disk Space for Analysis (Nicht genügend Speicherplatz für die Analyse)	Voranalyse	Es wurde festgestellt, dass nicht genügend Speicherplatz für den Beginn eines neuen Analyselaufs vorhanden ist.	Alarm	Ja	Geben Sie Speicherplatz frei oder sichern Sie Daten. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i> , Aktions-ID 3 auf Seite 72.
Unable to launch Analysis Pipeline (Analyseverfahren konnte nicht gestartet werden)	Voranalyse	Ein Analyselauf für den angegebenen Sequenzierungsordner konnte nicht gestartet werden.	Alarm	Ja	Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Sequencing folder Read/Write permission failed (Lese-/Schreibberechtigung des Sequenzierungsordners fehlgeschlagen)	Voranalyse	Der Softwaretest, der die Lese-/Schreibberechtigung für den Sequenzierungslaufordner prüft, ist fehlgeschlagen.	Warnung	Ja	<ul style="list-style-type: none"> • Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen</i> auf Seite 71. • Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Analysis Failed - Retry (Analyse fehlgeschlagen – neuer Versuch)	Analyse	Die Analyse ist fehlgeschlagen. Neuer Versuch.	Hinweis	Ja	Keine
Results Already Reported (Ergebnisse bereits gemeldet)	System	Die Software hat festgestellt, dass für den aktuellen Pooltyp bereits ein NIPT-Bericht generiert wurde.	Aktivität	Ja	Keine

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Unable to deliver email notifications (Zustellung von E-Mail-Benachrichtigungen nicht möglich)	System	Das System konnte E-Mail-Benachrichtigungen nicht zustellen.	Warnung	n. z.	<ol style="list-style-type: none"> Überprüfen Sie die Validität der auf dem System definierten E-Mail-Konfiguration. Lesen Sie die Anweisungen unter <i>Konfigurieren von System-E-Mail-Benachrichtigungen auf Seite 29</i>. Senden Sie eine Test-E-Mail. Lesen Sie die Anweisungen unter <i>Konfigurieren von System-E-Mail-Benachrichtigungen auf Seite 29</i>. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Time Skew Detected (Zeitabweichung erkannt)	Bibliotheksvorbereitung	Es wurde eine Zeitabweichung von mehr als einer Minute zwischen den Zeitangaben von Workflow Manager und der lokalen Uhrzeit des Servers erkannt.	Warnung	Nein	<ol style="list-style-type: none"> Überprüfen Sie die lokale Uhrzeit auf dem Workflow Manager-PC. Überprüfen Sie die auf der Web-Benutzeroberfläche (Registerkarte „Server Status“ (Serverstatus)) angezeigte lokale Uhrzeit des Onsite Servers.

Benachrichtigungen zu nicht behebbaren Fehlern

Nicht zu behebbende Fehler sind Bedingungen, die zu einem Endzustand führen, in dem die Fortsetzung der Assay-Ausführung nicht mehr möglich ist.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Batch Failure (Batch-Fehler)	Bibliotheksvorbereitung	Batch-Qualitätssicherung ist fehlgeschlagen.	Hinweis	Ja	Starten Sie die Bibliotheksplattierung neu.
Report Generating Failure (Fehler bei der Berichterstellung)	Berichterstellung	Das System konnte einen Bericht nicht erstellen.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> Überprüfen Sie den verfügbaren Speicherplatz. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. Falls wenig freier Speicherplatz zur Verfügung steht, geben Sie Speicherplatz frei oder sichern Sie Daten. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.
Failed to Parse Run Parameters file (Laufparameterdatei konnte nicht analysiert werden)	Sequenzierung	Das System konnte die Datei „RunParameters.xml“ nicht öffnen/analysieren.	Warnung	Ja	Die Datei „RunParameters.xml“ ist beschädigt. Prüfen Sie die Konfiguration des Sequenzierers und führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Unrecognized Run Parameters (Unerkannte Laufparameter)	Sequenzierung	Die Software hat nicht kompatible Laufparameter eingelesen.	Warnung	Ja	Die Software konnte keine Sequenzierungslaufparameter aus der Konfigurationsdatei des Sequenzierers erstellen. Prüfen Sie die Konfiguration des Sequenzierers und führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
Invalid Run Parameters (Ungültige Laufparameter)	Sequenzierung	Die Software hat erforderliche Laufparameter eingelesen, die mit dem Assay nicht kompatibel sind.	Warnung	Ja	Die Software-Kompatibilitätsprüfung ist fehlgeschlagen. Prüfen Sie die Konfiguration des Sequenzierers und führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
No Pool Barcode found (Kein Pool-Barcode gefunden)	Sequenzierung	Die Software konnte der Fließzelle für den Sequenzierungslauf keinen bekannten Pool-Barcode zuordnen.	Warnung	Ja	Möglicherweise wurde ein falscher Pool-Barcode eingegeben. Führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
Sequencing Completed but Pool Barcode File Missing (Sequenzierung abgeschlossen, Pool-Barcodedatei fehlt)	Sequenzierung	Der Sequenzierungslauf ist abgeschlossen, jedoch wurde keine Datei mit dem Pool-Barcode gefunden.	Alarm	Ja	Möglicher Sequenzierfehler. Hilfe erhalten Sie beim technischen Support von Illumina.
Unable to read Pool Barcode File (Pool-Barcodedatei konnte nicht gelesen werden)	Sequenzierung	Die Datei mit dem Pool-Barcode ist beschädigt.	Alarm	Ja	Möglicher Sequenzierer- oder Netzwerkfehler. Hilfe erhalten Sie beim technischen Support von Illumina.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Pool Barcode File Mismatch (Falsche Pool-Barcodedatei)	Sequenzierung	Die gefundene Pool-Barcodedatei verweist auf eine andere Fließzellen-ID als die dem Sequenzierungslauf zugeordnete.	Alarm	Ja	Möglicher Sequenziererfehler. Hilfe erhalten Sie beim technischen Support von Illumina.
Sequencing Timed Out (Zeitüberschreitung bei der Sequenzierung)	Sequenzierung	Der Sequenzierungslauf wurde nicht im vorgegebenen Zeitrahmen abgeschlossen.	Warnung	Ja	Prüfen Sie den Sequenzierer und die Netzwerkverbindung. Führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
Sequencing QC files generation failed (Erstellen der Dateien der Sequenzierungsqualitätssicherung fehlgeschlagen)	Sequenzierungsqualitätssicherung	Der Sequenzierungslauf ist abgeschlossen, aber die InterOp-QS-Dateien sind beschädigt.	Alarm	Ja	Prüfen Sie den Sequenzierer und die Netzwerkverbindung. Führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
Sequencing QC failed (Sequenzierungsqualitätssicherung fehlgeschlagen)	Sequenzierungsqualitätssicherung	Der Sequenzierungslauf ist abgeschlossen und die Sequenzierungsqualitätssicherung ist fehlgeschlagen.	Hinweis	Ja	Führen Sie eine erneute Sequenzierung des Pools durch.
Analysis Failed for Maximum number of attempts (Analyse fehlgeschlagen und max. Anzahl an Versuchen erreicht)	Analyse	Alle Analyseversuche sind fehlgeschlagen. Es wird kein erneuter Versuch durchgeführt.	Warnung	Ja	Führen Sie eine erneute Sequenzierung mit dem zweiten Pool durch.
Analysis Post-Processing Failed (Nachverarbeitung der Analyse fehlgeschlagen)	Nachanalyse	Die Software konnte die Nachverarbeitung der Analyseergebnisse nicht durchführen.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> • Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. • Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.

Benachrichtigung	Schritt	Wann	Alarmstufe	E-Mail	Empfohlene Aktion
Analysis Upload Failed (Hochladen der Analyse fehlgeschlagen)	Nachanalyse	Die Software konnte die Analyseergebnisse nicht in die Datenbank hochladen.	Alarm	Ja	<ul style="list-style-type: none"> • Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie die Netzwerkverbindung. Siehe <i>Empfohlene Aktionen auf Seite 71</i>. • Möglicher Hardwarefehler. Starten Sie den Server neu. Falls das Problem weiterhin besteht, senden Sie eine E-Mail an den technischen Support von Illumina.

Empfohlene Aktionen

Aktions-ID	Empfohlene Aktion	Schritte
1	Überprüfen der Netzwerkverbindung	<p>Stellen Sie sicher, dass sich das NAS-System für die Remote-Speicherung und das lokale System in demselben Netzwerk befinden.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Geben Sie in einer Windows-Befehlszeile (cmd) den folgenden Befehl ein: ping <IP-Adresse des Servers> Wenn ein NAS-System verwendet wird, überprüfen Sie auch die Verbindung mit dem NAS. 2. Stellen Sie sicher, dass es keine verloren gegangenen Pakete gibt. Falls Pakete verloren gingen, wenden Sie sich an den IT-Administrator. 3. Testen Sie die Verbindung: <ol style="list-style-type: none"> a. Melden Sie sich bei der Web-Benutzeroberfläche des Onsite Servers an. b. Wählen Sie im Dashboardmenü Folder (Ordner) aus. c. Wählen Sie Test (Testen) aus und stellen Sie fest, ob der Test erfolgreich durchgeführt wurde. Wenn der Test fehlschlägt, lesen Sie die Informationen unter <i>Bearbeiten eines freigegebenen Netzlaufwerks auf Seite 27</i>. Stellen Sie außerdem sicher, dass alle Einstellungen korrekt konfiguriert sind.
2	Überprüfen des verfügbaren Speicherplatzes	<p>Stellen Sie sicher, dass der Windows-Computer dem Ordner „Input“ (Eingabe) von Onsite Server zugeordnet wird. Weitere Informationen finden Sie unter <i>Zuordnen von Serverlaufwerken auf Seite 34</i>.</p> <p>Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf das Laufwerk, das dem Ordner „Input“ (Eingabe) zugeordnet ist. Wählen Sie Properties (Eigenschaften) und sehen Sie sich die Informationen zum verfügbaren Speicherplatz an.</p>

Aktions-ID	Empfohlene Aktion	Schritte
3	Freigeben von Speicherplatz oder Sichern von Daten	<p>Illumina empfiehlt, in regelmäßigen Intervallen eine Datensicherung durchzuführen und/oder die Sequenzierungsdaten auf dem Server zu speichern. Weitere Informationen finden Sie unter <i>Verwalten eines freigegebenen Netzlaufwerks auf Seite 26</i>.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Im Falle von Daten, die lokal auf dem Onsite Server gespeichert sind: <ul style="list-style-type: none"> Stellen Sie sicher, dass der Windows-Computer dem Ordner „Input“ (Eingabe) von Onsite Server zugeordnet wird. Weitere Informationen finden Sie unter <i>Zuordnen von Serverlaufwerken auf Seite 34</i>. a. Doppelklicken Sie auf den Ordner „Input“ (Eingabe) und geben Sie die entsprechenden Anmeldedaten ein. b. Die Sequenzierungslaufdaten werden so angezeigt, dass die Ordernamen mit den Namen der Sequenzierungsläufe übereinstimmen. c. Löschen oder sichern Sie die verarbeiteten Sequenzierungsordner. 2. Im Falle von auf einem Remote-NAS-System gespeicherten Daten: <ul style="list-style-type: none"> Stellen Sie sicher, dass sich das NAS-System für die Remote-Speicherung und das lokale System in demselben Netzwerk befinden. Vergewissern Sie sich, dass der Ordner auf dem Remote-Laufwerk zugänglich ist. Fragen Sie hierzu Ihren IT-Administrator nach den entsprechenden Anmeldedaten. a. Die Sequenzierungslaufdaten werden so angezeigt, dass die Ordernamen mit den Namen der Sequenzierungsläufe übereinstimmen. b. Löschen oder sichern Sie die verarbeiteten Sequenzierungsordner.

Systemprobleme

Probleme	Empfohlene Aktion
Das Starten der Software schlägt fehl.	Wenn beim Starten der Assay Software Fehler erkannt werden bzw. auftreten, werden die Fehler in einer Übersicht im Anmeldebildschirm angezeigt. Wenden Sie sich an den technischen Support von Illumina und teilen Sie diesem die aufgeführten Fehler mit.
Datenbankwiederherstellung erforderlich.	Wenn das Wiederherstellen einer Datenbanksicherung erforderlich ist, wenden Sie sich an einen Servicetechniker von Illumina.
System-Drift festgestellt.	Wenn ein System-Drift erkannt wird, kommuniziert die Assay Software nicht mehr mit den anderen Systemkomponenten. Der Administrator kann das System vom System-Drift-Status wieder auf Normalbetrieb zurücksetzen.
Der RAID-Controller-Alarm wird aktiviert.	Administratoren können über die Schaltfläche Server alarm (Serveralarm) auf der Registerkarte „Server Status“ (Serverstatus) des Assay Software-Dashboards den RAID-Controller-Alarm stummschalten. Wenden Sie sich bezüglich weiterer Informationen an den technischen Support von Illumina, wenn Sie diese Schaltfläche verwenden.

Datenverarbeitungstests

Vorinstallierte Datensätze auf dem Onsite Server ermöglichen die Funktionsüberprüfung des Servers und der Analyse-Engine.

Testen des Servers

Bei diesem Test wird ein Sequenzierungslauf simuliert, d. h., es werden Analyseergebnisse generiert, ohne dass das Analyseverfahren tatsächlich läuft. Führen Sie diesen Test aus, um sicherzustellen, dass der Onsite Server ordnungsgemäß funktioniert und dass Berichte und E-Mail-Benachrichtigungen erstellt werden.
Dauer: ca. 3–4 Minuten.

Verfahren

- Öffnen Sie den aktivierten Ordner „Input“ (Eingabe) und anschließend den Ordner „TestingData“ (Testdaten).
- Erstellen Sie eine Kopie der folgenden Unterordner des Ordners „TestingData“ (Testdaten):
 - ▶ Für NextSeq-Daten: 170725_NS500110_0382_AHT3MYBGX2_Copy_Analysis_Workflow.
 - ▶ Für NextSeqDx-Daten: 180911_NDX550152_0014_AXXXXXDX_Copy_Analysis_Workflow.
- Ändern Sie den Namen der Ordnerkopie durch Hinzufügen der Erweiterung „_XXX“. „_XXX“ stellt eine sequentielle Zählung des Testlaufs dar. Wenn z. B. „_002“ im Ordner vorhanden ist, ändern Sie den Namen der neuen Kopie in „_003“.
- Verschieben Sie den umbenannten Ordner in den Ordner „Input“ (Eingabe).
- Warten Sie 3–5 Minuten, bis der Lauf abgeschlossen ist. Stellen Sie sicher, dass Sie die folgenden E-Mail-Benachrichtigungen erhalten haben:
 - a Sequencing Run Analysis Started (Analyse des Sequenzierungslaufs gestartet)
 - b NIPT Report generated for Sequencing Run (NIPT-Bericht für den Sequenzierungslauf erstellt)
 Verbinden Sie beide Berichte mit dem Namen der Sequenzierung, die dem Ordner zugeordnet ist.
- Öffnen Sie im Ausgabeordner den Ordner TestData_NS_CopyWorkflow oder TestData_NDx_CopyWorkflow und prüfen Sie die folgenden Berichte:

- ▶ Für NextSeq: TestData_NS_CopyWorkflow_C_TestData_NS_CopyWorkflow_PoolC_HT3MYBGX2_nipt_report_YYYYMMDD_HHMMSS.tab.
- ▶ Für NextSeqDx: TestData_NDX_CopyWorkflow_C_TestData_NDX_CopyWorkflow_PoolC_XXXXXXXXDX_nipt_report_YYYYMMDD_HHMMSS.tab.

Die Dateigröße sollte ca. 7 KB betragen.

- 7 Verschieben Sie den Testsequenzierungslauf wieder in den Ordner „TestingData“ (Testdaten). Diese Vorgehensweise hilft, die Anzahl der Sequenzierungstestläufe zu verwalten.



HINWEIS

Sie können veraltete Kopien von Testdateien löschen, um Speicherplatz freizugeben.

Ausführen des vollständigen Analyse-Tests

Bei diesem Test wird ein vollständiger Analyselauf ausgeführt. Führen Sie diesen Test durch, falls der Server Daten nicht verarbeitet/analysiert hat oder eine Zeitüberschreitung eintritt. Dauer: Ca. 4–5 Stunden.

Verfahren

- 1 Öffnen Sie den aktivierten Ordner „Input“ (Eingabe) und anschließend den Ordner „TestingData“ (Testdaten).
- 2 Benennen Sie den folgenden Ordner um, indem Sie das Suffix _000 anfügen: 180911_NDX550152_0014_XXXXXXXXDX_FullRun.
Durch das Hinzufügen der Erweiterung erhält jeder Sequenzierungslauf einen eindeutigen Namen. Falls der Lauf bereits mit einer Erweiterung versehen ist, benennen Sie den Ordner entsprechend um, indem Sie die Erweiterungszahl um 1 erhöhen.
- 3 Verschieben Sie den umbenannten Ordner in den Ordner „Input“ (Eingabe).
- 4 Warten Sie ca. 4–5 Stunden, bis die Analyse abgeschlossen ist. Stellen Sie sicher, dass Sie die folgenden E-Mail-Benachrichtigungen erhalten haben:
 - a Sequencing Run Analysis Started (Analyse des Sequenzierungslaufs gestartet)
 - b NIPT Report generated for Sequencing Run (NIPT-Bericht für den Sequenzierungslauf erstellt)
 Verbinden Sie beide Berichte mit dem Namen der Sequenzierung, die dem Ordner zugeordnet ist.
- 5 Öffnen Sie im Ausgabeordner den Ordner TestData_NDX_FullRun und prüfen Sie den folgenden Bericht: TestData_NDX_FullRun_C_TestData_NDX_FullRun_PoolC_XXXXXXXXDX_nipt_report_YYYYMMDD_HHMMSS.tab.
Die Dateigröße sollte ca. 7 KB betragen.
- 6 Verschieben Sie den Testsequenzierungslauf wieder in den Ordner „TestingData“ (Testdaten).

Anhang D Weitere Ressourcen

Die folgenden Dokumente stehen auf der Illumina-Website zum Herunterladen zur Verfügung.

Ressource	Beschreibung
VeriSeq NIPT Solution v2 Packungsbeilage (Dokument-Nr. 1000000078751)	Enthält eine Beschreibung des Produkts und dessen bestimmungsgemäßer Verwendung sowie Gebrauchsanweisungen und Fehlerbehebungsverfahren.
<i>Microlab® STAR Line Operator's Manual</i> , Hamilton Dokument-Nr. 624668	Enthält Informationen zum Betrieb und zur Wartung des Hamilton Microlab STAR-Geräts für das automatisierte Liquid-Handling sowie die technischen Spezifikationen für das Gerät.

Auf den [Supportseiten](#) für VeriSeq NIPT Solution v2 auf der Illumina-Website können Sie auf Dokumentationen, Software-Downloads, Online-Schulungen und häufig gestellte Fragen zugreifen.

Anhang E Akronyme

Akronym	Definition
BCL	Base-Call-Datei
CE-IVD	Europäische Konformitätskennzeichnung (CE) für Produkte für die <i>In-vitro</i> -Diagnostik.
cfDNA	Zellfreie DNA
DNA	Desoxyribonukleinsäure
DNS	Domain Name System (System zur Auflösung von Computernamen in IP-Adressen)
FASTQ	Textbasiertes Dateiformat zum Speichern der Ausgabedaten von Sequenzierungsgeräten.
FF	Fetale Fraktion
FIFO	First In, First Out
iFACT	individual Fetal Aneuploidy Confidence Test (individueller Zuverlässigkeitstest zur fetalen Aneuploidie)
IP	Internetprotokoll
LIMS	Laborinformations- und Managementsystem
LIS	Laborinformationssystem
LLR	Log-Likelihood-Quotienten, Wahrscheinlichkeitsquotienten
MAC	Media Access Control (Medienzugriffssteuerung)
NAS	Netzwerkgebundener Speicher
NES	Non Excluded Sites (Nicht ausgeschlossene Bereiche)
NGS	Next-Generation Sequencing (Sequenzierung der nächsten Generation)
NIPT	Nicht invasive Pränataltests
NTC	No Template Control (Negativkontrolle)
NTP	Network Time Protocol (Netzwerkzeitprotokoll)
PF	Passing Filter (Nach Filterung)
PQ	Prozessqualifikation
QC	Quality Control (Qualitätssicherung)
Regex	Regulärer Ausdruck. Eine Zeichenfolge, die von Algorithmen zur Zuordnung von Zeichenfolgen für die Datenvalidierung verwendet werden kann.
RTA	Real-Time Analysis (Echtzeitanalyse)
RUO	Research Use Only (Nur für Forschungszwecke)
SCA	Sex Chromosome Aneuploidy (Geschlechtschromosomen-Aneuploidie)
SDS	Safety Data Sheets (Sicherheitsdatenblätter)
SHA1	Sicherer Hash-Algorithmus 1
SSL	Secure Sockets Layer (Protokoll zur Authentifizierung und Verschlüsselung von Internetverbindungen)

Technische Unterstützung

Wenn Sie technische Unterstützung benötigen, wenden Sie sich bitte an den technischen Support von Illumina.

Website: www.illumina.com
E-Mail: techsupport@illumina.com

Telefonnummern des Illumina-Kundendiensts

Region	Gebührenfrei	Regional
Nordamerika	+1.800.809.4566	
Australien	+1.800.775.688	
Österreich	+43 800006249	+43 19286540
Belgien	+32 80077160	+32 34002973
China	400.066.5835	
Dänemark	+45 80820183	+45 89871156
Finnland	+358 800918363	+358 974790110
Frankreich	+33 805102193	+33 170770446
Deutschland	+49 8001014940	+49 8938035677
Hongkong	800960230	
Irland	+353 1800936608	+353 016950506
Italien	+39 800985513	+39 236003759
Japan	0800.111.5011	
Niederlande	+31 8000222493	+31 207132960
Neuseeland	0800.451.650	
Norwegen	+47 800 16836	+47 21939693
Singapur	+1.800.579.2745	
Spanien	+34 911899417	+34 800300143
Schweden	+46 850619671	+46 200883979
Schweiz	+41 565800000	+41 800200442
Taiwan	00806651752	
Großbritannien	+44 8000126019	+44 2073057197
Andere Länder	+44.1799.534000	

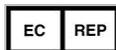
Sicherheitsdatenblätter (SDS, Safety Data Sheets) sind auf der Illumina-Website unter support.illumina.com/sds.html verfügbar.

Die **Produktdokumentation** steht auf der Illumina-Website im PDF-Format zum Herunterladen zur Verfügung. Gehen Sie zu support.illumina.com, wählen Sie ein Produkt und wählen Sie anschließend **Documentation & Literature** (Dokumentation und Literatur).



Illumina
5200 Illumina Way
San Diego, Kalifornien 92122, USA
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (außerhalb von Nordamerika)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

CE
2797



Illumina Cambridge Limited
Chesterford Research Park, Little Chesterford
Saffron Walden, CB10 1XL
GROSSBRITANNIEN

Australischer Sponsor
Illumina Australia Pty Ltd
1 International Court
Scoresby, Victoria, 3179
Australien

FÜR IN-VITRO-DIAGNOSTIK

© 2019 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten.

illumina®