illumina®

Illumina TruPath Genome

وثائق المنتج

مملوك لشركة ILLUMINA
المستند رقم 200065852 الإصدار 00
فبراير 2026

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

هذا المستند ومحتوياته مملوك لشركة Illumina, Inc. والشركات التابعة لها ("Illumina")، ويهدف إلى الاستخدام التعاقدي لعملائها فقط فيما يتعلق باستخدام المنتج (المنتجات) الموضح هنا وليس لأي غرض آخر. يجب ألا يتم استخدام هذا المستند ومحتوياته أو توزيعه لأي غرض آخر و/أو إرساله، أو الكشف عنه، أو نسخه بأي شكل آخر دون موافقة خطية مسبقة من شركة Illumina. لا تُقدم شركة Illumina أي تراخيص تتعلق ببراءات الاختراع، أو العلامات التجارية أو حقوق التأليف والنشر، أو حقوق القانون العام ولا الحقوق المماثلة لأي أطراف أخرى بموجب هذا المستند.

يجب على الموظفين المؤهلين والمدربين بشكلٍ جيد اتباع التعليمات الواردة في هذا المستند بشكلٍ صارم وصريح من أجل ضمان الاستخدام السليم والآمن للمنتج (المنتجات) الموضحة به. يجب قراءة جميع محتويات هذا المستند وفهمها بشكلٍ كامل قبل استخدام هذا المنتج (هذه المنتجات).

وقد يؤدي عدم قراءة التعليمات الواردة هنا بشكلٍ كامل واتباعها بوضوح إلى حدوث تلف في المنتج (المنتجات)، أو إصابة للأشخاص، بما في ذلك المستخدم أو أشخاص آخرين، وإلحاق الضرر بممتلكات أخرى، وستفقد أي ضمان ينطبق على المنتج (المنتجات).

لا تتحمل شركة ILLUMINA أي مسؤولية ناجمة عن سوء استخدام المنتج (المنتجات) الموضح هنا (بما في ذلك البرامج أو أجزاء منها).

حقوق الطبع والنشر © 2026 لشركة Illumina, Inc.، جميع الحقوق محفوظة.

جميع العلامات التجارية مملوكة لشركة أو Illumina, Inc أصحابها المعنيين. للحصول على معلومات محددة حول العلامات التجارية، يرجى الرجوع إلى www.illumina.com/company/legal.html.

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

جدول المحتويات

نظرة عامة 1

توصيات إدخال الحمض النووي (DNA) 2

المستهلكات والمعدات 3

مستهلكات وكواشف TruPath Genome 3

المستهلكات/المعدات التي يوفرها المستخدم 4

البروتوكول 5

تقدير كمية الحمض النووي الجينومي (gDNA) وتقييم الجودة 5

تخطيط التشغيل 5

إذابة كواشف التسلسل 5

إعداد عينات الحمض النووي (DNA) 5

تحميل الكواشف في الخرطوشة 7

المصادر والمراجع 8

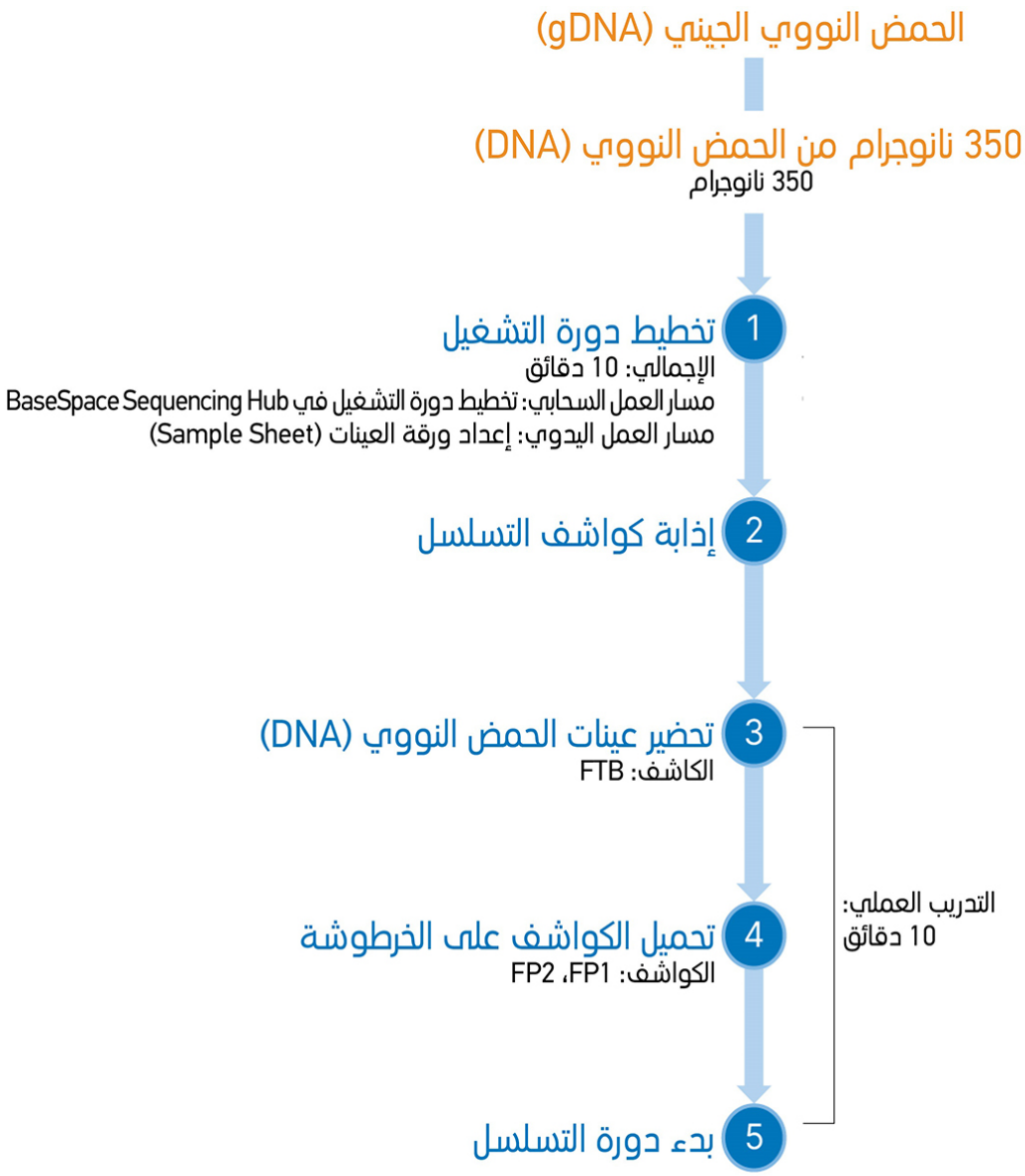
سجل المراجعة 8

المستند رقم 200065852 الإصدار 00

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

نظرة عامة

توضح وثائق المنتج هذه سير عمل Illumina TruPath Genome، ويعرض المخطط التالي سير العمل.



لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

توصيات إدخال الحمض النووي (DNA)

جودة الحمض النووي (DNA) الجينومي

يتطلب سير عمل TruPath Genome استخدام حمض نووي جينومي (gDNA) مُنقى ومستخلص من خلايا أو دم في أنابيب جمع K2EDTA، باستخدام طقم مناسب لكل نوع عينة. راجع المذكرة الفنية أداء TruPath Genome مع عينات ذات أنواع وجودة متفاوتة للاطلاع على مجموعة أوسع من أنواع العينات. لا يعد سير العمل هذا مناسبًا لعينات الحمض النووي الجينومي (gDNA) المستخلصة من عينات كتل البارافين المثبت بالفورمالين (FFPE) أو عمليات استخراج الحمض النووي الخالي من الخلايا (cfDNA). يمكنك تقييم جودة الحمض النووي الجينومي (gDNA) باستخدام أي من الطريقتين التاليتين:

- **فحص Agilent gDNA ScreenTape**-استخدم أداة تحليل المنطقة لتقييم نسب الأجزاء الأكبر من 10 كيلوبايز و60 كيلوبايز. كحد أدنى، يجب أن تحتوي العينة على 50% من أجزاء الحمض النووي (DNA) التي تزيد عن 10 كيلوبايز. يمكن للعينات ذات الجودة المنخفضة تحقيق بيانات تسلسل مقبولة ذات قراءات قصيرة، ولكن ينتج عنها حد أدنى من بيانات التقارب الإضافية. للحصول على أفضل أداء لبيانات التقارب، استخدم عينة تحتوي على 70% أو أكثر من أجزاء الحمض النووي (DNA) التي تتراوح بين 10 كيلوبايز و500 كيلوبايز، و40% أو أكثر من الأجزاء التي تتراوح بين 60 كيلوبايز و500 كيلوبايز.
- **مجموعة Agilent Femto Pulse gDNA 165 كيلوبايز**-يجب أن تحصل العينة على قيمة GQN لا تقل عن 5.0. يمكن للعينات ذات الجودة المنخفضة تحقيق بيانات تسلسل مقبولة ذات قراءات قصيرة، ولكن ينتج عنها حد أدنى من بيانات التقارب الإضافية. للحصول على بيانات القرب الأفضل أداءً، استخدم عينة بقيمة GQN لا تقل عن 7.0 عند حد 10 كيلوبايز و4.0 على الأقل عند حد 60 كيلوبايز.

للاطلاع على تعليمات استخدام جهاز Agilent TapeStation أو جهاز Agilent Femto Pulse، يرجى الرجوع إلى الموقع الإلكتروني للشركة المصنعة. ولتحسين جودة الحمض النووي (DNA) ومقاييس تقارب TruPath Genome، استخدم مجموعة استخراج الحمض النووي عالي الوزن الجزيئي (HMW DNA).

كمية الحمض النووي الجينومي (gDNA)

يوصي TruPath Genome بمدخلات حمض نووي (DNA) تبلغ 350 نانوغرام من الحمض النووي الجينومي (gDNA) لكل عينة، ولكل مسار. تنتج عينات الإدخال الأقل التي تصل إلى 175 نانوغرام بيانات تغطية التقارب، ولكن قد يتم تقليل عمق التغطية الصبغية التلقائية.

- قبل الاستخراج، قم بتخزين عينات الدم لمدة تصل إلى ثلاثة أيام في درجة حرارة تتراوح بين 2 درجة مئوية إلى 8 درجات مئوية. وفي حال تخزين العينات لأكثر من ثلاثة أيام، احتفظ بالعينات في درجة حرارة تتراوح بين -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية.
- تجنب إجراء أكثر من 10 دورات تجميد وتذويب للحمض النووي (DNA).
- قم بقياس تركيز الحمض النووي (DNA) لكل عينة باستخدام مقياس الفلورية Qubit باستخدام فحص Qubit لمجموعة dsDNA. يرجى الرجوع إلى الموقع الإلكتروني للشركة المصنعة.

التعامل مع الحمض النووي (DNA)

- في حال استخدام الحمض النووي عالي الوزن الجزيئي (HMW DNA)، فقد يكون لزجًا ويشكل خيوطًا، مما يجعل السحب بالماصة لحجم < 20 ميكرولتر أمرًا صعبًا. اضغط برأس الماصة على الجزء السفلي من الأنبوب لكسر خيوط العينة والسماح بالسحب الدقيق بالماصة.
- لا تستخدم جهاز الخلط الدوامي مع الحمض النووي عالي الوزن الجزيئي (HMW DNA).
- عند خلط الحمض النووي (DNA)، استخدم رؤوس الماصات واسعة الفوهة لتجنب القص.

المستهلكات والمعدات

يتطلب بروتوكول TruPath Genome المستهلكات والمعدات التالية:

- إما خلية تدفق C2 (لعينتين، عينة واحدة لكل مسار) مقترنة بخرطوشة كاشف NovaSeq X 1.5B، أو خلية تدفق C8 (لثماني عينات، عينة واحدة لكل مسار) مقترنة بخرطوشة كاشف NovaSeq X 10B.
- كواشف TruPath Genome.
- المستهلكات والمعدات المتنوعة التي يوفرها المستخدم.

مستهلكات وكواشف TruPath Genome

مستهلكات المجموعة ذات العينتين

كتالوج Illumina رقم 20157406

مكون المجموعة	درجة حرارة التخزين
مجموعة كواشفTruPath Genome	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
خلية تدفق NovaSeq X Series C2	من 2 درجة مئوية إلى 8 درجات مئوية
NovaSeq X Series 1.5B Lyo Insert	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
خرطوشة كاشف NovaSeq X Series 1.5B (300 دورة)	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
شريط أنبوب مكتبة NovaSeq X Series 1.5B	درجة حرارة الغرفة
خرطوشة التخزين المؤقت NovaSeq X Series	درجة حرارة الغرفة

مستهلكات المجموعة ذات الثمان عينات

كتالوج Illumina رقم 20157405

مكون المجموعة	درجة حرارة التخزين
مجموعة كواشف TruPath Genome	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
خلية تدفق NovaSeq X Series C8	من 2 درجة مئوية إلى 8 درجات مئوية
NovaSeq X Series 10B Lyo Insert	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
خرطوشة كاشف NovaSeq X Series 10B (300 دورة)	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
شريط أنبوب مكتبة NovaSeq X Series 10B/25B	درجة حرارة الغرفة
خرطوشة التخزين المؤقت NovaSeq X Series	درجة حرارة الغرفة

مجموعة كواشف TruPath Genome

كتالوج Illumina رقم 20138424

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

الكاشف	درجة حرارة التخزين
FP1 (مزيج تحضير خلايا التدفق 1)	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
FT2 (خلية التدفق Transposome 2)	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية
FTB (Tagment Buffer لخلية التدفق)	من -25 درجة مئوية إلى -15 درجة مئوية

المستهلكات/المعدات التي يوفرها المستخدم

المستهلكات/المعدات	المورّد
جهاز طرد مركزي دقيق	مُورّد المختبر العام
مقياس الفلورة Qubit 4	Thermo Fisher Scientific، كتالوج رقم Q33238
مجموعة مقايسة Qubit dsDNA، أو HS، أو BR	واحد مما يلي، بناءً على طريقة القياس الكمي: فحص HS، Thermo Fisher Scientific، كتالوج رقم Q32851 أو Q32854 فحص BR، Thermo Fisher Scientific، كتالوج رقم Q32850 أو Q32853
ماء خالٍ من النوكليز	مُورّد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 1 أو 5 مل	مُورّد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 200 ميكرولتر	مُورّد المختبر العام
أطراف ماصة ذات ثقب واسع، 200 ميكرولتر*	مُورّد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 20 ميكرولتر	مُورّد المختبر العام
أطراف ماصة ذات ثقب واسع، 20 ميكرولتر*	مُورّد المختبر العام

*يُوصى باستخدام أطراف ذات ثقب واسع عند التعامل مع الحمض النووي عالي الوزن الجزيئي (HMW DNA). حيث يمكن أن تتسبب الرؤوس القياسية في تفتيت الحمض النووي (DNA)، مما يؤدي إلى الحصول على مواصفات لحجم الحمض النووي (DNA) أصغر من المطلوب. وفي حال عدم توفر رؤوس الماصات واسعة الفوهة، يمكن استخدام الرؤوس العادية؛ ومع ذلك، يجب تجنب تكرار دورات السحب/الصرف.

يُوصى بشدة بتقييم جودة الحمض النووي الجينومي (gDNA) للتأكد من أن عينة الحمض النووي (DNA) تلبي حدود الجودة المحددة. وتُعد المعدات والمستهلكات التالية مناسبة لتحديد حجم الحمض النووي (DNA).

المستهلكات/المعدات (اختياري)	المورّد
TapeStation	Agilent، كتالوج رقم G2991BA أو G2992AA
تحليل الحمض النووي الجينومي (gDNA)	Agilent، كتالوج رقم 5366-5067 و5067-5365
نظام Femto Pulse	Agilent، كتالوج رقم M5330AA
مجموعة تحليل Femto Pulse gDNA 165 كيلوبايز	Agilent، كتالوج رقم FP-1002-0275

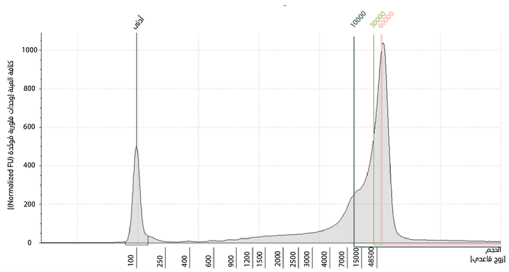
البروتوكول

يصف هذا القسم بروتوكول TruPath Genome.

تقدير كمية الحمض النووي الجينومي (gDNA) وتقييم الجودة

1. قم بتقدير كمية الحمض النووي (DNA) باستخدام مقياس الفلورية Qubit باستخدام مجموعة dsDNA. يوصي Illumina باستخدام مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) بتركيز أقل من 100 نانوغرام/ميكرولتر لتمكين إجراء تقدير دقيق للغاية للكمية، وتقييم الجودة، وعملية السحب بالماصة في مراحل لاحقة من البروتوكول. تبلغ مدخلات التحميل النهائية المستهدفة 350 نانوغرام.
2. يوصي Illumina بإجراء مراقبة الجودة للحمض النووي (DNA) إما باستخدام جهاز TapeStation (شريط gDNA) أو Femto Pulse (مجموعة gDNA سعة 165 كيلوبايز). يرجى الرجوع إلى *توصيات إدخال الحمض النووي (DNA)* في صفحة 2 للاطلاع على مواصفات الجودة.

الشكل 1 تحديد مواصفات الحجم لمدخلات الحمض النووي الجينومي (gDNA) عبر جهاز Agilent TapeStation



تخطيط التشغيل

للحصول على تعليمات مفصلة حول كيفية تخطيط عملية تشغيل في مركز تسلسل BaseSpace Sequence Hub أو لإعداد ورقة عينة، يرجى الرجوع إلى دليل مستخدم برنامج TruPath Genome.

إذابة كواشف التسلسل

للحصول على تعليمات مفصلة حول إذابة الكواشف، يرجى الرجوع إلى *وثائق منتج NovaSeq X Series (المستند رقم 200027529)*.

إعداد عينات الحمض النووي (DNA)

1. قم بإزالة كواشف TruPath Genome من المجموعة، واتركها لتذوب في درجة حرارة الغرفة لمدة 20 دقيقة.
   - FP1 (شريط أزرق على الملصق)
   - FT2 (شريط أحمر على الملصق)
   - FTB (شريط شفاف على الملصق)
2. بعد الإذابة، قم بتخزين الكواشف على الثلج لمدة تصل إلى أربع ساعات. وأعِد الكواشف إلى وحدة التجميد في حال عدم استخدامها.

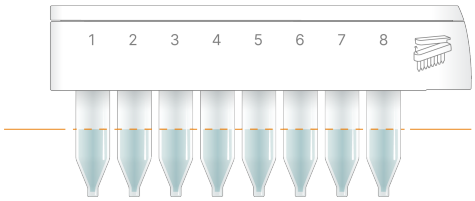
3. قم بسحب الحجم الكامل من FTB واصرفه بالماصة ببطء خمس مرات، ثم أجر عملية تدوير سريع لفترة وجيزة باستخدام جهاز طرد مركزي لسطح المختبر.
4. تأكد من إذابة مخزون الحمض النووي (DNA) بشكل صحيح. قم بسحب السائل واصرفه بالماصة ببطء خمس مرات للتأكد من إعادة تعليقه بالكامل، وخاصة الحمض النووي عالي الوزن الجزيئي (HMW DNA).
يُوصى باستخدام طرف ذي ثقب واسع سعة 200 ميكرولتر.
5. قم بإزالة غطاء شريط أنبوب المكتبة.
6. لكل عينة، أضف ما يلي إلى أنبوب عينة **واحد** من شريط أنبوب المكتبة بالترتيب الموضح:

تأكد من أن أنبوب العينة يطابق المسار الصحيح المخصص في ورقة العينة.

الترتيب	الكاشف	الحجم
1	ماء خالٍ من النوكليز	متغير (153 ميكرولتر - حجم مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) بمقدار 350 نانوغرام)
2	FTB	17 ميكرولتر
3	مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) 350 نانوغرام	متغير (يعتمد على تركيز مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA))
	الحجم الإجمالي:	**170 ميكرولتر**

على سبيل المثال، إذا كان تركيز مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) هو 100 نانوغرام/ميكرولتر، فسيكون حجم مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) بمقدار 350 نانوغرام هو 3.5 ميكرولتر (350 نانوغرام ÷ 100 نانوغرام/ميكرولتر). سيكون حجم الماء الخالي من النوكليز 149.5 ميكرولتر (153 ميكرولتر - 3.5 ميكرولتر من مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA)).

7. اضبط الماصة P200 على 150 ميكرولتر.
8. باستخدام طرف ماصة جديد لكل عينة، قم بسحب السائل واصرفه بالماصة ببطء خمس مرات للخلط، مع تجنب تكون الفقاعات. وتأكد من خلو الجزء السفلي من أي فجوات هوائية.
يُوصى باستخدام طرف ذي ثقب واسع سعة 200 ميكرولتر. لا تستخدم طرف P1000.
9. قم بغلق شريط أنابيب المكتبة بالأغطية.
10. **اختياري** قم بتدوير شريط الأنبوب لفترة وجيزة وتأكد من عدم وجود فجوات هوائية في قاع الأنابيب. راجع *وثائق منتج NovaSeq X Series (المستند رقم 200027529)*.
11. تأكد من أن الحجم متسق في جميع الأنابيب.



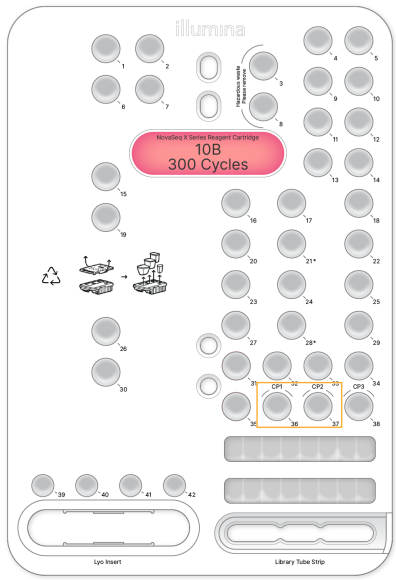
12. أدخل شريط أنابيب المكتبة في خرطوشة الكاشف واضغط عليه للأسفل. يشير صوت النقر الخفيف إلى تثبيت شريط أنبوب المكتبة في موضعه الصحيح. تأكد من أن شريط أنابيب المكتبة مستوٍ تماماً داخل الخرطوشة.

تحميل الكواشف في الخرطوشة

أحجام الكواشف المحددة في التعليمات التالية هي نفسها لكل من خراطيش 1.5B و10B.

يجب عدم قلب خرطوشة الكاشف المذابة بعد إضافة FP1 أو FT2. راجع *وثائق منتج NovaSeq X Series (المستند رقم 200027529)*.

1. باستخدام طرف ماصة نظيف، قم بثقب الختم الرقائقي لموضعي CP1 وCP2 في خرطوشة الكاشف.
يتم تمييز موضعَي CP1 وCP2 في الصورة التالية.



لا يُستخدم موضع CP3 في سير عمل TruPath Genome.

2. اقلب FP1 (الشريط الأزرق الموجود على الملصق) برفق عدة مرات لخلطه.
3. استخدم الماصة لنقل 3 مل من FP1 إلى موضع CP1 في الخرطوشة.
حجم الملء الكامل هو 3 مل. قد يستهلك ذلك كامل محتويات أنبوب FP1 أو لا يستهلكها.
4. اقلب FT2 (الشريط الأحمر الموجود على الملصق) برفق عدة مرات لخلطه.
5. استخدم الماصة لنقل 2.6 مل من FT2 إلى موضع CP2 في الخرطوشة.
حجم الملء الكامل هو 2.6 مل. قد يستهلك ذلك كامل محتويات أنبوب FT2 أو لا يستهلكها.
6. أدخل lyo insert في خرطوشة الكاشف واضغط لأسفل. يشير صوت النقر المسموع إلى تثبيت lyo insert في موضعها الصحيح.
7. تابع إجراء تحميل الجهاز القياسي. راجع *وثائق منتج NovaSeq X Series (المستند رقم 200027529)*.

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

المصادر والمراجع

توفر صفحات الدعم على موقع Illumina الإلكتروني برامج وموارد تدريبية ومعلومات حول توافق المنتجات والوثائق التالية. يُرجى مراجعة صفحات الدعم باستمرار للحصول على أحدث الإصدارات.

المصادر الإضافية

المصدر	الوصف
وثائق منتج NovaSeq X Series	توفر معلومات تقنية لاستخدام Illumina NovaSeq X Series.
دليل مستخدم IlluminaTruPath Genome البرنامج	يوفر معلومات تقنية لاستخدام برنامج Illumina TruPath Genome.
أداء TruPath Genome مع عينات ذات أنواع وجودة متفاوتة	توفر معلومات تقنية لمجموعة أوسع من أنواع العينات مع TruPath Genome.
ورقة البيانات Illumina TruPath Genome	توفر معلومات تقنية حول ميزات TruPath Genome.

سجل المراجعة

المستند	التاريخ	وصف التغيير
المستند رقم 200065852 الإصدار 00	فبراير 2026	الإصدار المبدئي.

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

Illumina، .Inc
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
(ILMN (4566.1.800.809+
+1.858.202.4566 (خارج أمريكا الشمالية)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. غير مخصص للاستخدام في الإجراءات التشخيصية.

حقوق الطبع والنشر © 2026 لشركة .Illumina, Inc، جميع الحقوق محفوظة.

illumina®