

Illumina TruPath Genome

وثائق المنتج

مملوك لشركة ILLUMINA

المستند رقم 200065852 الإصدار 01

مايو 2026

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.

هذا المستند ومحتوياته مملوك لشركة Illumina, Inc، والشركات التابعة لها ("Illumina")، ويهدف إلى الاستخدام التعاقدى 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 بشكل جيد اتباع التعليمات الواردة في هذا المستند بشكل صارم وصريح من أجل ضمان الاستخدام السليم والأمن للمنتج (المنتجات) الموضحة به. يجب قراءة جميع محتويات هذا المستند وفهماها بشكل كامل قبل استخدام هذا المنتج (هذه المنتجات).

وقد يؤدي عدم قراءة التعليمات الواردة هنا بشكل كامل واتباعها بوضوح إلى حدوث تلف في المنتج (المنتجات)، أو إصابة للأشخاص، بما في ذلك المستخدم أو أشخاص آخرين، والحاق 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 © لشركة Illumina, Inc 2026، جميع الحقوق محفوظة.

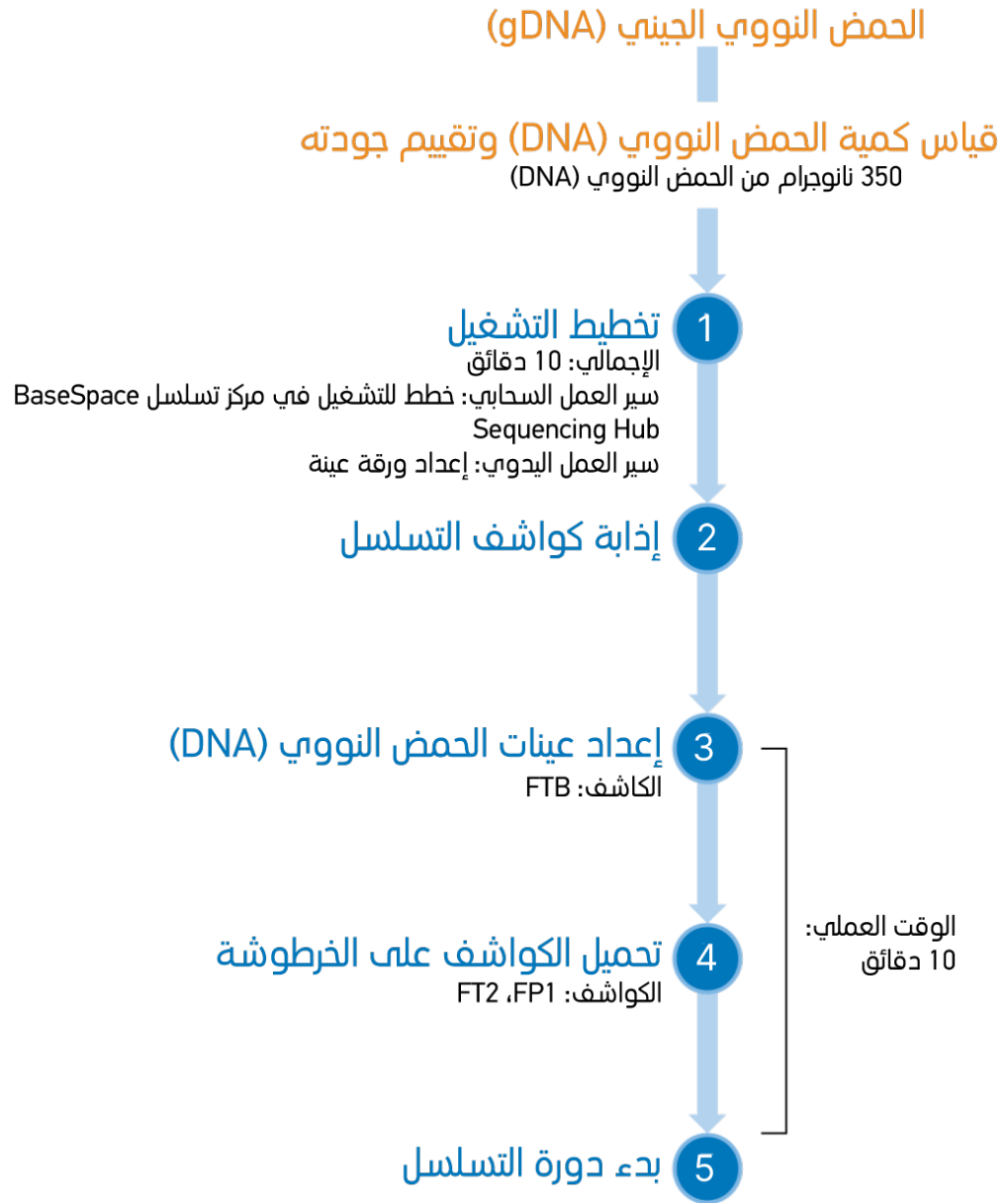
جميع العلامات التجارية مملوكة لشركة أو Illumina, Inc. أصحابها المعنيين. للحصول على معلومات محددة حول العلامات التجارية، راجع www.illumina.com/company/legal.html

جدول المحتويات

1	نظرة عامة
2	توصيات إدخال الحمض النووي (DNA)
3	المستهلكات والمعدات
3	مستهلكات وكواشف TruPath Genome
4	المستهلكات/المعدات التي يوفرها المستخدم
5	البروتوكول
5	تقدير كمية الحمض النووي الجينومي (gDNA) وتقييم الجودة
5	تخطيط التشغيل
5	إذابة كواشف التسلسل
6	إعداد عينات الحمض النووي (DNA)
7	تحميل الكواشف في الخرطوشة
9	المصادر والمراجع
9	سجل المراجعة

نظرة عامة

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



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 وجود متفاوتة للاطلاع على مجموعة أوسع من أنواع العينات. لا يعد سير العمل هذا مناسباً 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 كيلو قاعدة (kb) و 60 كيلو قاعدة. كحد أدنى، يجب أن تحتوي العينة على 50% من أجزاء الحمض النووي (DNA) التي تزيد عن 10 كيلوبايث. 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 كيلوبايث و 500 كيلوبايث، و 40% أو أكثر من الأجزاء التي تتراوح بين 60 كيلوبايث و 500 كيلوبايث.
- **طقم 165 Agilent Femto Pulse gDNA** كيلو قاعدة — يجب أن تحصل العينة على قيمة GQN قدرها 5.0 عند عتبة ال 10 كيلو قاعدة. 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 كيلوبايث و 4.0 على الأقل عند حد 60 كيلوبايث.
- 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 بمخلات 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 لزجاً ويشكل خيوطاً، مما يجعل السحب بالماصة لحجم > 20 ميكرو لتر أمراً صعباً. 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 كواشف TruPath 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

الكاشف	الوصف	درجة حرارة التخزين
FP1	مزيج Flow Cell Prep Mix 1	من -25 إلى 15 درجة مئوية
FT2	خلية التدفق Flow Cell Transposome 2	من -25 إلى 15 درجة مئوية
FTB	محلول FC Tagment Buffer	من -25 إلى 15 درجة مئوية

المستهلكات/المعدات التي يوفرها المستخدم

المستهلكات/المعدات	المورد
جهاز طرد مركزي دقيق	مُورد المختبر العام
مقياس الفلورة Qubit 4	Thermo Fisher Scientific، كتالوج رقم Q33238
مجموعة مقايضة 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	مُورد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 1 أو 5 مل	مُورد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 200 ميكرو لتر	مُورد المختبر العام
أطراف ماصة ذات ثقب واسع، 200 ميكرو لتر *	مُورد المختبر العام
ماصة أحادية القناة، 20 ميكرو لتر	مورد المختبر العام

* يُوصى باستخدام أطراف ماصة ذات فوهة واسعة 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)	المورد
TapeStation	Agilent، كتالوج رقم G2991BA أو G2992AA
تحليل الحمض النووي الجينومي (gDNA)	Agilent، كتالوج رقم 5067-5366 و 5067-5365
نظام Femto Pulse	Agilent، كتالوج رقم M5330AA
طقم تحليل gDNA Femto Pulse 165 كيلو قاعدة (kb)	Agilent، كتالوج رقم FP-1002-0275

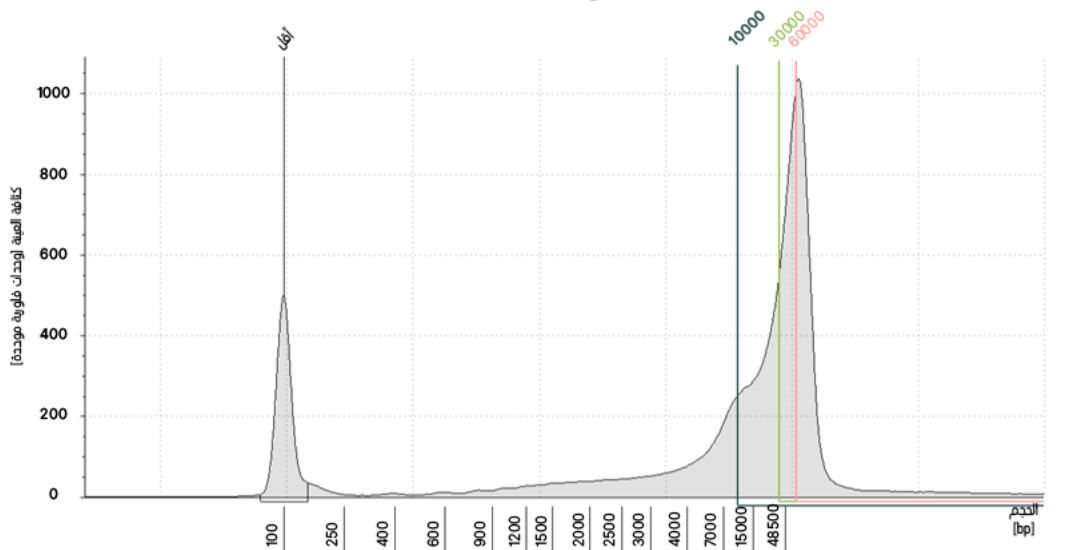
البروتوكول

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/ميكرو لتر 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 كيلوبايت). 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](#).

توصي Illumina بإعداد عملية تشغيل بـ 151 دورة لكل قراءة (2 × 151). لا تتجاوز إجمالي 302 دورة. لا تقم بتشغيل دورات الفهرسة.

إذابة كواشف التسلسل

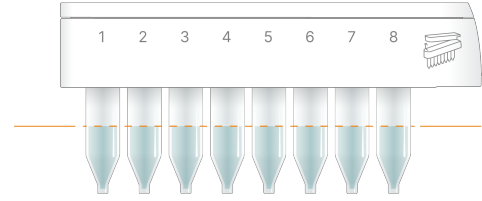
للحصول على تعليمات مفصلة حول إذابة الكواشف، يرجى الرجوع إلى [وثائق منتج NovaSeq X Series \(المستند رقم 200027529\)](#).

إعداد عينات الحمض النووي (DNA)

1. قم بإزالة كواشف TruPath Genome من المجموعة، واتركها لتدوب 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 4 ساعات. وأعد 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).
 5. بالنسبة لإعادة التعليق فقط، يوصى باستخدام طرف ماصة لحجم 200 ميكرو لتر يكون ذي فوهة واسعة.
 6. قم بإزالة غطاء شريط أنبوب المكتبة.
 6. أضف ما يلي، لكل عينة، إلى أنبوب عينة واحدة من شريط أنبوب المكتبة بالترتيب الموضح: لا يلزم توفير أطراف ماصة ذات فوهة واسعة لهذه الخطوة.
- ! تأكد من أن أنبوب العينة يطابق المسار الصحيح المخصص في ورقة العينة.

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

- على سبيل المثال، إذا كان تركيز مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) هو 100 نانوغرام/ميكرو لتر، فإن حجم مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA) بمقدار 350 نانوغرام سوف يكون 3.5 ميكرو لتر (350 نانوغرام ÷ 100 نانوغرام/ميكرو لتر). سيكون حجم الماء الخالي من النوكليز 149.5 ميكرو لتر (153 ميكرو لتر - 3.5 ميكرو لتر من مخزون الحمض النووي الجينومي (gDNA)).
7. اضبط الماصة P200 على 150 ميكرو لتر.
 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 ميكرو لتر. 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 وثنائق منتج *NovaSeq X Series* (المستند رقم 200027529).
 11. تأكد من أن الحجم متنسق في جميع الأنابيب.



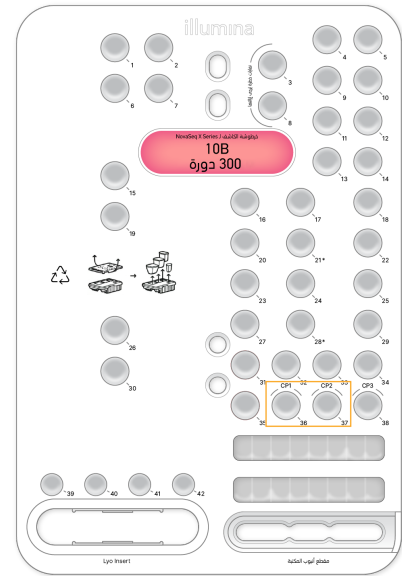
12. أدخل شريط أنابيب المكتبة في خرطوشة الكاشف واضغط عليه للأسفل. يشير صوت النقر الخفيف إلى تثبيت شريط أنبوب المكتبة في موضعه الصحيح. تأكد من أن شريط أنابيب المكتبة مستوي تمامًا داخل الخرطوشة.

تحميل الكواشف في الخرطوشة

أحجام الكواشف المحددة في التعليمات التالية هي نفسها لكل من خراطيش 1.5B و 10B.

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

1. باستخدام طرف ماصة نظيف، قم بتقريب الختم الرقائقي لموضعي CP1 و CP2 في خرطوشة الكاشف. يتم تمييز موضعي CP1 و CP2 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).

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
NovaSeq X Series وثائق منتج	توفر معلومات تقنية لاستخدام Illumina NovaSeq X Series.
Illumina TruPath Genome دليل مستخدم البرنامج	يوفر معلومات تقنية لاستخدام برنامج Illumina TruPath Genome.
TruPath Genome أداء مع Samples of Varying Type and Quality (عينات ذات أنواع ودرجات جودة متفاوتة)	توفر معلومات تقنية لمجموعة أوسع من أنواع العينات مع TruPath Genome.
Illumina TruPath Genome ورقة البيانات	توفر معلومات تقنية حول ميزات TruPath Genome.

سجل المراجعة

المستند	التاريخ	وصف التغيير
المستند رقم 200065852 الإصدار 01	مايو 2026	- تمت الإضافة: - توضيح المعلومات حول توصيات جودة إدخال الحمض النووي DNA. - توصيات بطول تسلسل الـ Read (القراءة). - تم التحديث: - الرسم التوضيحي للنظرة العامة. - قائمة بالمستهلكات التي يوفرها المستخدم.
المستند رقم 200065852 الإصدار 00	فبراير 2026	الإصدار المبدئي.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 U.S.A.
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (خارج أمريكا الشمالية)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

illumina®

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.
حقوق الطبع والنشر © لشركة Illumina, Inc 2026، جميع الحقوق محفوظة.