

정확도 높은 NGS를 지원하는 NovaSeq™ X 시리즈

XLEAP-SBS™
Chemistry를 기반으로
다양한 대용량 유전체
시퀀싱 방법에 요구되는
우수한 품질의 데이터 제공

- 전장 유전체 시퀀싱(WGS)
- 전장 엑솜 시퀀싱(WES)
- 전장 전사체 시퀀싱(WTS)
- 전장 유전체 메틸화 시퀀싱(WGMS)
- 단일세포 멀티오믹스 분석



소개

NovaSeq X 시퀀싱 시스템과 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템에 적용된 진보된 기술은 높은 처리량과 생산성을 바탕으로 더 경제적인 대용량 시퀀싱을 가능케 합니다. 강화된 chemistry, 초고해상도 광학 시스템, 통합된 2차 분석 기능 그리고 운영 간편성을 모두 갖춘 NovaSeq X 시리즈는 지금까지 개발된 Illumina의 시퀀싱 시스템 중 성능과 비용 효율성이 가장 뛰어납니다.

NovaSeq X 시리즈에는 이미 입증된 Illumina sequencing by synthesis(SBS) chemistry의 속도, 정확도 및 성능을 한층 더 향상시킨 XLEAP-SBS chemistry가 적용되었습니다. XLEAP-SBS 시약은 처리량을 최대한 높이면서 연구자가 원하는 고품질의 데이터를 그대로 제공할 수 있도록 성능과 속도가 최적화되어 있습니다.

이 Application Note는 전장 유전체 시퀀싱(whole-genome sequencing, WGS), 전장 엑솜 시퀀싱(whole-exome sequencing, WES), 전장 전사체 시퀀싱(whole-transcriptome sequencing, WTS), 메틸화 시퀀싱(methylation sequencing), 단일세포 멀티오믹스(single-cell multiomics) 분석 등 주요 시퀀싱 방법 사용 시 NovaSeq X 시리즈가 NovaSeq 6000 시스템과 같거나 그보다 높은 품질의 데이터를 제공함을 기술합니다.

시퀀싱 방법

WGS

전장 유전체 라이브러리는 NA12878 genomic DNA(gDNA; Coriell Institute for Medical Research)로 준비했으며, TruSeq™ PCR-Free Prep Kit(Illumina, 카탈로그 번호: 20015963)를 사용했습니다.

시퀀싱은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq X Series 10B Reagent Kit(300 Cycles; Illumina, 카탈로그 번호: 20085594)를 사용해 런(run)을 2 × 151 bp로 설정(복수의 런을 통해 총 42개의 샘플 사용)해 진행했습니다. 비교를 위해 NovaSeq X 6000 시스템과 NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5(300 Cycles; Illumina, 카탈로그 번호: 20028312)를 사용해 2 × 151 bp 런(1회의 런에 24개의 샘플 사용)을 통해 동일한 라이브러리를 시퀀싱했습니다.

2차 데이터 분석에는 클라우드 기반의 DRAGEN Germline 파이프라인 v4.1 워크플로우를 사용했습니다. 시퀀싱 데이터는 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템의 변이 검출(variant calling) 성능을 비교하기 위해 30× 커버리지(coverage)로 다운샘플링(downsampling, 데이터가 많은 쪽을 더 적게 추출하는 방법)했습니다.

엑솜 시퀀싱

엑솜 라이브러리는 NA12878 genomic DNA(gDNA; Coriell Institute for Medical Research)로 준비했으며, Twist Comprehensive Exome Panel(Twist Bioscience, 카탈로그 번호: 102033)이 표적화하는 유전체 영역을 캡처하기 위해 Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation(Illumina, 카탈로그 번호: 2002554)을 사용했습니다.

시퀀싱은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq X Series 10B Reagent Kit(300 Cycles)를 사용하여 런을 2 × 101 bp로 설정(복수의 런을 통해 총 753개의 샘플 사용)해 진행했습니다. 비교를 위해 NovaSeq 6000 시스템과 NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5(300 Cycles)를 사용하여 2 × 101 bp 런(1개의 레인(lane)에 48개의 샘플 사용)을 통해 동일한 라이브러리를 시퀀싱했습니다.

2차 데이터 분석에는 클라우드 기반의 DRAGEN Enrichment 파이프라인 v4.0.3 워크플로우를 사용했습니다. 변이 검출 정확도는 Genome In A Bottle(GIAB) v3.3.2 truth set(진리 집합)와 hg19-alt-aware reference genome(참조 유전체)을 비교하여 평가했습니다.^{1,2} NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템의 변이 검출 성능을 비교하기 위해 시퀀싱 데이터는 샘플당 30M 개의 리드 페어(read pair)로 다운샘플링하였습니다.

WTS

Total RNA 및 전령 RNA(messenger RNA, mRNA) 라이브러리는 백혈병 세포주(cell line) RNA HL-60(Thermo Fisher Scientific, 카탈로그 번호: AM7836), K562(BioChain, 카탈로그 번호: R1255820-50), 유방암 세포주 RNA MCF7(BioChain, 카탈로그 번호: R1255830-50)로 준비했으며, Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus(Illumina, 카탈로그 번호: 20040529)와 Illumina Stranded mRNA Prep(Illumina, 카탈로그 번호: 20040534)을 사용했습니다.

시퀀싱은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq X Series 10B Reagent Kit(300 Cycles)를 사용해 런을 2 × 75 bp로 설정하고 라이브러리 준비 과정에서 생성되는 첫 염기 T 돌출부(first-base T overhang)를 방지하기 위해 커스텀 다크 사이클 레시피(custom dark-cycle recipe)를 사용해 진행했습니다.³ 시퀀싱은 복수의 런을 통해 진행하였으며, total RNA-Seq에는 573개의 샘플을, mRNA-Seq에는 2,304개의 샘플을 사용했습니다. 비교를 위해 NovaSeq 6000 시스템과 NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5(200 Cycles; Illumina, 카탈로그 번호: 20028315)를 사용해 2 × 76 bp 런을 통해 동일한 라이브러리를 시퀀싱했습니다. Total RNA-Seq과 mRNA-Seq 모두 96개의 샘플을 1개의 레인에서 시퀀싱했습니다.

2차 데이터 분석에는 클라우드 기반의 DRAGEN RNA 파이프라인 v4.1 워크플로우를 사용했습니다. 시퀀싱 데이터는 유전자 발현(gene expression) 데이터와 비교하기 위해 모든 샘플을 10M 개의 리드로 다운샘플링했습니다. 이후 데이터는 Genome Reference Consortium Human GRCh38(h38 assembly)에 정렬(alignment)했습니다.²

WGMS

메틸화 라이브러리는 Zymo-Seq WGBS Library Kit(Zymo Research, 카탈로그 번호: D5465)와 Illumina DNA Prep Library Prep Kit(Illumina, 카탈로그 번호: 20060059)를 함께 사용해 매칭된 인간 뇌 및 비장 샘플 세트(Zymo Research, 카탈로그 번호: D5018)의 반복 실험(NovaSeq X Plus 시스템 각 8회 반복 실험, NovaSeq 6000 시스템 각 5회 반복 실험)을 통해 준비했습니다.⁴ 메틸화되지 않은 *E. coli* 대조군은 99.5%가 넘는 것으로 추정된 사이토신 변환 효율(cytosine conversion efficiency)에 접근하기 위해 0.25% spike-in했습니다.

시퀀싱은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq X Series 10B Reagent Kit(300 Cycles)를 사용해 런을 2 × 151 bp로 설정(1회의 런에 16개의 샘플 사용)해 진행했습니다. 비교를 위해 NovaSeq 6000 시스템과 NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5(300 Cycles)를 사용해 2 × 151 bp 런(1회의 런에 10개의 샘플 사용)을 통해 라이브러리를 시퀀싱했습니다.

메틸화 분석에는 클라우드 기반의 DRAGEN Methylation 파이프라인 워크플로우를 사용했습니다. 시퀀싱 데이터는 후속 분석을 위해 샘플당 500M 개의 리드로 다운샘플링했습니다.

단일세포 멀티오믹스 분석

Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression은 유전자 발현 및 후성유전적 시그니처(epigenetic signature)의 통합 판독 결과를 단일세포 해상도로 제공합니다. scRNA-Seq(single-cell RNA sequencing) 및 scATAC-Seq(single-cell assay for transposase accessible chromatin using sequencing) 샘플은 AllCells에서 냉동 보존한 건강한 35세 미만 남성 기증자의 인간 말초 혈액 단핵 세포(peripheral blood mononuclear cell, PBMC)를 얻어 함께 준비했습니다. 핵(Nucleus) 분리는 10x Genomics Demonstrated Protocol-Nuclei Isolation for Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Sequencing(CG000365 Rev A)의 지침에 따라 진행했습니다. 페어드(Paired) scRNA-Seq 및 scATAC-Seq 라이브러리는 분리된 핵을 사용해 Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression User Guide(CG000338 Rev B)의 지침에 따라 준비했습니다.

시퀀싱은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq X Series 10B Reagent Kit(300 Cycles)를 사용해 1회의 런에서 80번의 반복 실험을 통해 진행했습니다. 비교를 위해 NovaSeq 6000 시스템과 NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5(300 Cycles)를 사용해 1회의 런에서 10번의 반복 실험을 통해 동일한 라이브러리를 시퀀싱했습니다. 런은 10x Genomics사가 제공한 파라미터에 따라 Multiome scRNA-Seq 라이브러리는 28-cycle Read 1, 10-cycle i7 Index Read 및 i5 Index Read 그리고 90-cycle Read 2로 설정했으며, Multiome scATAC-Seq 라이브러리는 50-cycle Read 1, 8-cycle i7 Index Read, 24-cycle i5 Index Read 그리고 49-cycle Read 2로 설정했습니다.

데이터 분석에는 단일 세포 내 전사체 및 크로마틴 접근성(chromatin accessibility)의 피크를 측정하기 위해 Cell Ranger ARC v2.0 분석 파이프라인(10x Genomics)을 사용했습니다.

결과

NovaSeq X Plus 시스템은 NovaSeq 6000 시스템보다 현저히 높은 처리량을 제공합니다. NovaSeq X 10B 플로우 셀(flow cell)과 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀은 플로우 셀당 최대 3 Tb의 2 × 150 bp 시퀀스 데이터를 생성할 수 있습니다. 단, 런 타임(run time)은 NovaSeq X 시리즈가 NovaSeq 6000의 절반 수준입니다(표 1).

표 1: 훨씬 더 짧은 시간 안에 비슷한 양의 시퀀싱 데이터 생성

메트릭스	NovaSeq 6000 S4 플로우 셀	NovaSeq X Plus 10B 플로우 셀
런당 2 × 100 bp 데이터 아웃풋	1.6~4 Tb	약 2~4 Tb
2 × 100 bp 런 타임	약 36시간	약 22시간
런당 2 × 150 bp 데이터 아웃풋	2.4~6 Tb	약 3~6 Tb
2 × 150 bp 런 타임	약 44시간	약 24시간

WGS

단일 염기서열 변이(Single nucleotide variant, SNV) 및 삽입/결실(insertion/deletion, Indel)에 대한 정밀도(precision)와 재현율(recall) 등 WGS 분석 메트릭스(metrics)를 평가했습니다. NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템 모두 고품질의 데이터와 정확도가 높은 변이 검출 성능을 제공했습니다(표 2, 표 3). 이 데이터는 NovaSeq X 시리즈의 WGS 성능이 NovaSeq 6000 시스템의 성능과 비슷하거나 이를 능가함을 보여줍니다.

표 2: WGS의 시퀀싱 런 메트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Q30 이상 Read 1 염기	92.17%	95.89%
Q30 이상 Read 2 염기	89.60%	94.30%
Read 1 오류율	0.25%	0.15%
Read 2 오류율	0.24%	0.23%

싱글 플로우 셀 런의 메트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균 값을 나타냄. 모든 런의 수율(yield)은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

표 3: WGS의 2차 분석 메트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
빌드 뎀스(Build Depth)	30×	30×
상염색체 커버리지	31×	31×
총 SNP	3,041,268	3,041,454
Het:Hom 비율	1.59	1.60
Ti:Tv 비율	1.99	1.98
SNP 정밀도	99.95%	99.95%
SNP 재현율	99.95%	99.96%
Indel 정밀도	99.64%	99.60%
Indel 재현율	99.61%	99.57%
Read 1 미스매칭된 염기	0.48%	0.36%
Read 2 미스매칭된 염기	0.61%	0.43%
평균 샘플 수	24	42

WES

SNV 및 Indel에 대한 Q-Score(quality score, 품질 점수), 오류율, 상염색체 검출력(autosome callability), 정렬된 리드 % (percent aligned reads), 커버리지 균일성(coverage uniformity), 정밀도와 재현율 등 WES의 1차 분석 및 2차 분석 매트릭스를 평가했습니다. NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템 모두 고품질의 데이터와 정확도 높은 변이 검출 성능을 제공했습니다(표 4, 표 5). 이 데이터는 NovaSeq X 시리즈의 WES 성능이 NovaSeq 6000 시스템 성능에 상응함을 입증합니다.

표 4: WES의 시퀀싱 런 매트릭스^a

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정	2 × 101 bp	2 × 101 bp
Q30 이상 Read 1 염기	92.06%	96.63%
Q30 이상 Read 2 염기	90.96%	96.24%
Read 1 오류율	N/A ^b	0.10%
Read 2 오류율	N/A ^b	0.21%

- a. 싱글 플로우 셀 런의 매트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.
b. 해당 NovaSeq 6000 런에는 PhiX Control은 사용되지 않아 오류율 정보가 없음.

표 5: WES의 2차 분석 매트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
상염색체 검출력	97.49%	97.53%
정렬된 리드	99.28%	99.11%
커버리지 균일성	97.17%	97.29%
SNP 정밀도	99.77%	99.77%
SNP 재현율	98.20%	98.30%
Indel 정밀도	97.57%	97.36%
Indel 재현율	88.53%	89.05%
평균 샘플 수	48	753

WTS

NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템은 total RNA-Seq(표 6) 및 mRNA-Seq(표 7) 수행 시 발표된 사양보다 더 우수한 데이터 품질을 제공하는 것으로 나타났습니다. 전사물(Transcript)을 정량했을 때 두 플랫폼의 데이터는 total RNA-Seq(그림 1)과 mRNA-Seq(그림 2) 간에 높은 일치성 ($R^2 > 0.99$)을 보였습니다. 이 데이터는 NovaSeq X 시리즈의 WTS 성능이 NovaSeq 6000 시스템의 성능과 비슷하거나 이를 능가하는 데이터 품질을 제공함을 증명합니다.

표 6: Total RNA-Seq의 시퀀싱 런 매트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Q30 이상 Read 1 염기	91.83%	96.82%
Q30 이상 Read 2 염기	90.52%	96.37%
Read 1 오류율	0.44%	0.07%
Read 2 오류율	1.17%	0.15%
평균 샘플 수	96	573

싱글 플로우 셀 런의 매트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

표 7: mRNA-Seq의 시퀀싱 런 매트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Q30 이상 Read 1 염기	91.47%	96.03%
Q30 이상 Read 2 염기	89.92%	95.65%
Read 1 오류율	0.74%	0.09%
Read 2 오류율	1.32%	0.16%
평균 샘플 수	96	2304

싱글 플로우 셀 런의 매트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

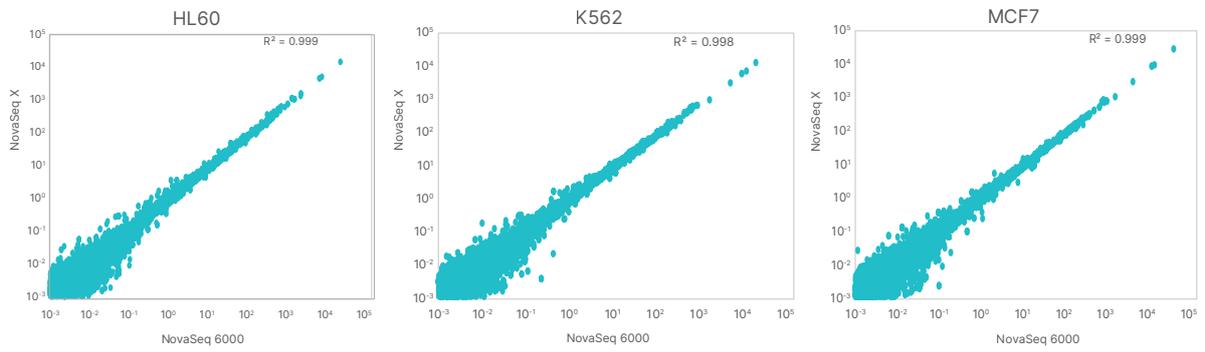


그림 1: 전장 전사체 total RNA-Seq 상관관계 — 암 세포주에 대한 HL-60, K562 및 MCF7 100만 개당 전사물 수(transcripts per million, TPM)

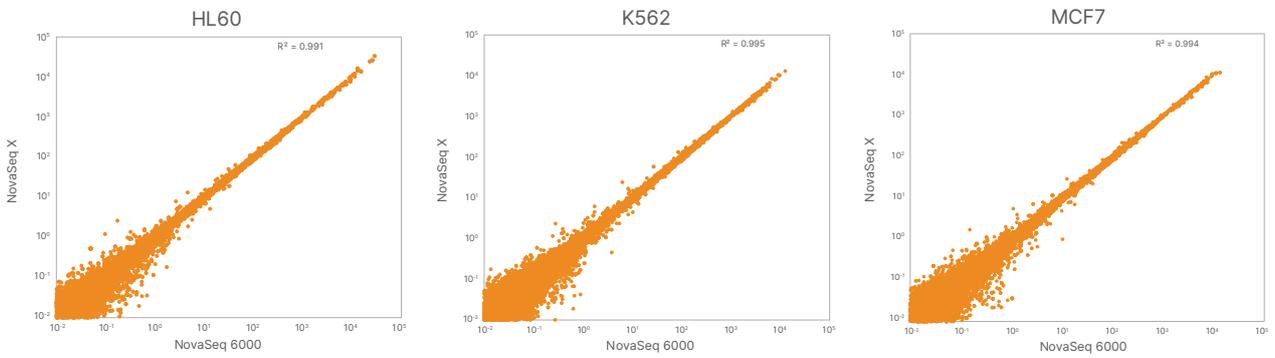


그림 2: 전장 전사체 mRNA-Seq 상관관계 — 암 세포주에 대한 HL-60, K562 및 MCF7 100만 개당 전사물 수(TPM)

메틸화 시퀀싱

NovaSeq X 시리즈와 NovaSeq 6000 시스템의 성능을 비교하기 위해 전장 유전체 메틸화 매트릭스를 평가했습니다. NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템은 모두 제품 문서에 기술된 수치와 근사한 정량화된 메틸화 사이토신 %를 보여주었습니다(그림 3A). NovaSeq X Plus 시스템은 매칭된 라이브러리에서 매핑 효율(mapping efficiency)이 더 높은 것으로 확인되었습니다(그림 3B). 전장 유전체 커버리지 분포 플롯은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템이 높은 커버리지의 CpG 값이 상승된 비슷한 결과(> 50x)를 나타냈습니다(그림 4).

메틸화되지 않은 사이토신은 라이브러리 준비 과정에서 바이설파이트(bisulfite) 또는 효소적 전환(enzymatic conversion)을 통해 우라실(uracil)로 대체됩니다. 이 경우 통상적으로 시퀀싱에 어려움을 겪을 수 있는 균형이 맞지 않는 라이브러리(unbalanced library)가 만들어지며, 염기 다양성(base diversity)을 높이기 위해 높은 비율의 PhiX(> 5%)를 일반적으로 필요로 합니다. NovaSeq X 시리즈를 사용했을 때는 낮은 비율의 PhiX(1%)로도 고품질의 런을 충분히 수행할 수 있었습니다(표 8).

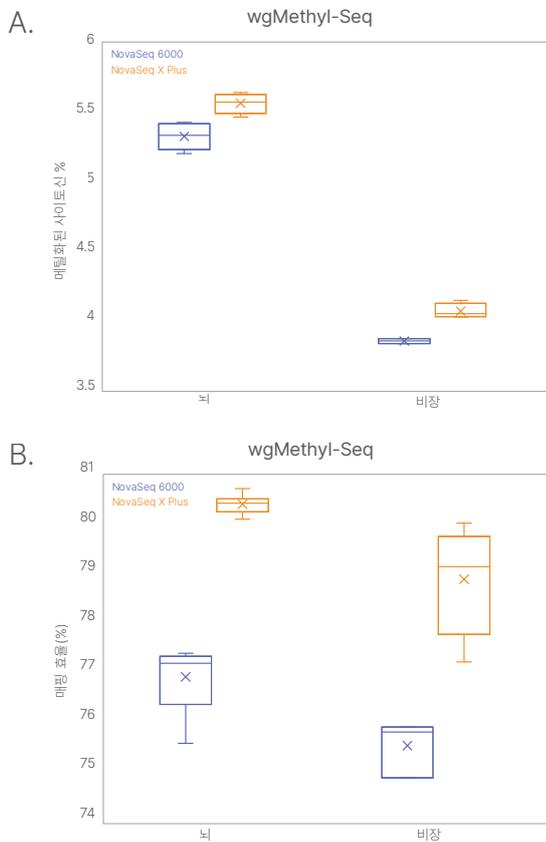


그림 3: WGMS — (A) 메틸화된 사이토신 %, (B) 매핑 효율을 보여주는 NovaSeq X Plus 시스템 및 NovaSeq 6000 시스템의 Zymo-Seq WGBS 결과

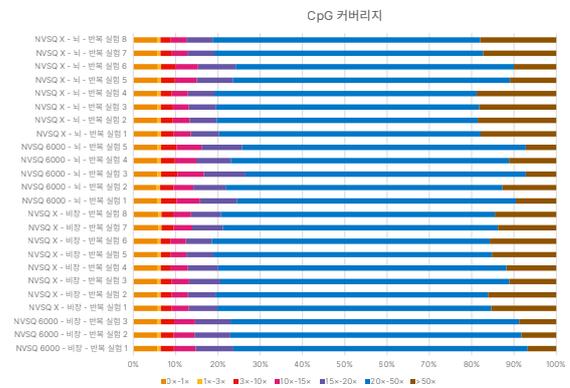


그림 4: WGMS의 유전체 커버리지 — CpG 커버리지 분포를 보여주는 NovaSeq X Plus 시스템 및 NovaSeq 6000 시스템의 Zymo-Seq WGBS 결과

표 8: 메틸화 시퀀싱의 시퀀싱 런 매트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Q30 이상 Read 1 염기	89.01%	91.95%
Q30 이상 Read 2 염기	86.75%	93.09%
Read 1 오류율	0.30%	0.14%
Read 2 오류율	0.59%	0.25%
평균 샘플 수	10	16

싱글 플로우 셀 런의 매트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

단일세포 멀티오믹스 분석

유전자 발현 측정을 위한 scRNA-Seq과 크로마틴 접근성 측정을 위한 scATAC-Seq을 포함해 단일세포 멀티오믹스 분석의 성능 메트릭스를 평가했습니다. NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템은 발표된 사양보다 더 우수한 데이터 품질을 제공했습니다(표 9, 표 10). scRNA-Seq 유전자 발현의 t-SNE 플롯(그림 5)과 scATAC-Seq 크로마틴 접근성의 t-SNE 플롯(그림 6)은 NovaSeq X Plus 시스템과 NovaSeq 6000 시스템의 상관관계가 높음을 보여줍니다.

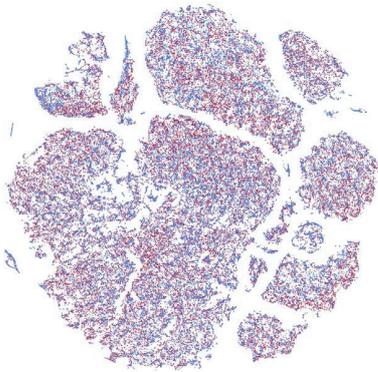


그림 5: 단일세포 멀티오믹스 분석의 유전자 발현 — NovaSeq X Plus 시스템(파란색)과 NovaSeq 6000 시스템(빨간색)으로 시퀀싱한 scRNA-Seq 라이브러리의 t-SNE 플롯

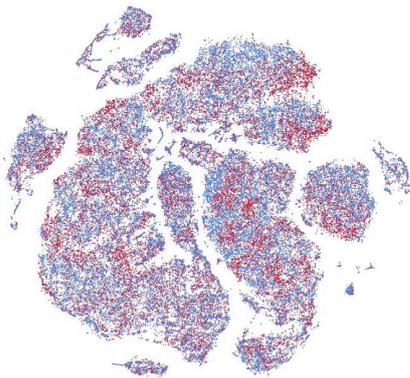


그림 6: 단일세포 멀티오믹스 분석의 크로마틴 접근성 — NovaSeq X Plus 시스템(파란색)과 NovaSeq 6000 시스템(빨간색)으로 시퀀싱한 scATAC-Seq 라이브러리의 t-SNE 플롯

표 9: 단일세포 멀티오믹스 scRNA-Seq의 시퀀싱 런 메트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정		
Read 1	28 bp	28 bp
Index 1	10 bp	10 bp
Index 2	10 bp	10 bp
Read 2	90 bp	90 bp
Q30 이상 Read 1 염기	97.11%	97.35%
Q30 이상 Read 2 염기	95.01%	95.93%
Read 1 오류율	0.04%	0.04%
Read 2 오류율	0.17%	0.15%
평균 샘플 수	10	80
검출 유전자 수	25,975	25,743
세포별 UMI 수의 중앙값	2790	2571
샘플별 추정 세포 수	3880	3882

싱글 플로우 셀 런의 메트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

표 10: 단일세포 멀티오믹스 scATAC-Seq의 시퀀싱 런 메트릭스

메트릭스	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
런 설정		
Read 1	50 bp	50 bp
Index 1	8 bp	8 bp
Index 2	24 bp	24 bp
Read 2	49 bp	49 bp
Q30 이상 Read 1 염기	93.35%	95.58%
Q30 이상 Read 2 염기	92.21%	94.24%
Read 1 오류율	0.08%	0.09%
Read 2 오류율	0.28%	0.16%
평균 샘플 수	10	80
샘플별 추정 세포 수	3880	3882

싱글 플로우 셀 런의 메트릭스는 다양한 수의 레인이 사용된 여러 개의 플로우 셀에 대한 평균값을 나타냄. 모든 런의 수율은 발표된 사양에 부합했음. 레인별 수율은 NovaSeq 6000 S4 플로우 셀과 NovaSeq X 10B 플로우 셀이 동일하지 않음.

요약

NovaSeq X 시스템과 NovaSeq X Plus 시스템은 대용량 시퀀싱의 경제성을 향상시켜 줄 혁신적인 chemistry, 광학 시스템, 인포매틱스(informatics) 소프트웨어 그리고 운영 간편성을 제공합니다. NovaSeq X 시리즈는 연구자가 Illumina에 기대하는 고품질의 데이터와 우수한 처리량을 지원합니다. XLEAP-SBS chemistry는 데이터 품질의 저하 없이 시퀀싱 런 타임과 데이터 아웃풋을 크게 향상시켜 줍니다. WGS, WES, WTS, 메틸화 시퀀싱, 단일세포 멀티오믹스 분석 등 일반적으로 NovaSeq 6000 시스템으로 수행되는 주요 시퀀싱 방법을 통해 생산한 데이터를 NovaSeq X Plus 시스템으로 생성한 데이터와 직접 비교한 결과, NovaSeq X 시리즈의 성능은 NovaSeq 6000 시스템의 성능과 비슷하거나 이를 능가하였을 뿐만 아니라 보다 데이터 집약적인 연구를 지원할 수 있는 것으로 나타났습니다.

상세 정보

NovaSeq X 시스템과 NovaSeq X Plus 시스템에 대한 자세한 정보는 illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq-x-plus.html에서 확인하실 수 있습니다.

이 문서에 참조된 데이터 세트는 basespace.illumina.com/datacentral에서 확인하실 수 있습니다.

참고 문헌

1. National Institute of Standards and Technology. Genome in a Bottle. nist.gov/programs-projects/genome-bottle. Accessed July 27, 2023.
2. Genome Reference Consortium. Human Genome Overview. NCBI website. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Accessed July 27, 2023.
3. Illumina. Best practices for read trimming for Illumina Stranded mRNA and Total RNA workflows. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembly-assets/marketing-literature/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010.pdf. Published 2020. Accessed August 1, 2023.
4. Wehrkamp-Richter S. Illumina. BaseSpace™ Sequence Hub now supports whole genome bisulfite sequencing (WGBS) data with Zymo-Seq Library Kit running on NovaSeq X Series. developer.illumina.com/news-updates/whole-genome-bisulfite-sequencing-zymo-seq-data-now-available-on-novaseqtm-x-series. Published June 6, 2023. Accessed August 1, 2023.



무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-US-00201 v1.0 KOR