

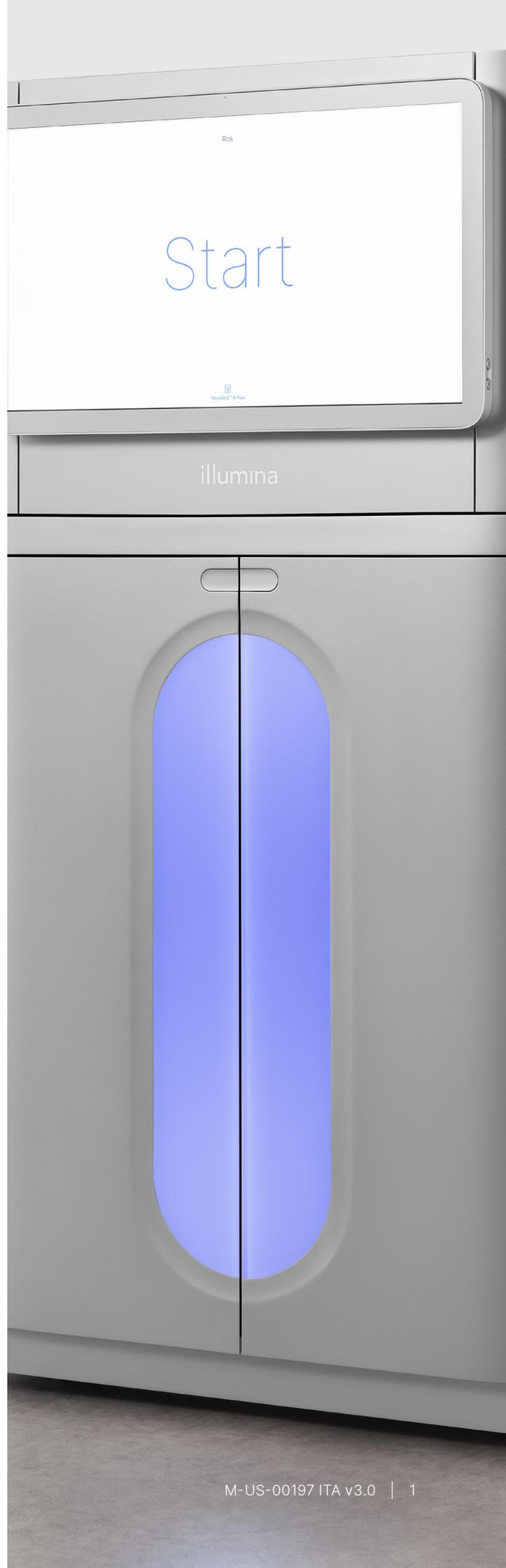
NovaSeq™ X Sequencing System e NovaSeq X Plus Sequencing System

Straordinaria processività
ed economia trasformativa,
sempre più sostenibile

- Eccellente processività e accuratezza per eseguire studi sempre più ampi, progetti più ambiziosi e metodologie con volumi di dati maggiori
- Riduzione del costo totale di proprietà con innovazioni all'avanguardia nella chimica e nell'informatica, semplicità operativa e flussi di lavoro ottimizzati
- Impatto ambientale ridotto al minimo grazie a reagenti liofilizzati che consentono di ridurre significativamente la dimensione, il peso, la quantità di plastica e i rifiuti della confezione

illumina®

Solo a uso di ricerca. Non usare in procedimenti diagnostici.



Introduzione

Gli scienziati visionari nel campo della genomica stanno sfruttando al massimo le possibilità del sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing). La possibilità di rispondere alle domande biologiche più complesse richiede una potenza statistica maggiore mediante studi più grandi, sequenziamento più profondo per identificare eventi genetici rari, metodi di sequenziamento più ampi e multiomica per una panoramica più completa. Grazie ai progressi tecnologici integrati nel NovaSeq X Sequencing System e nel NovaSeq X Plus Sequencing System è possibile ottenere processività e produttività elevate per sequenziare fino a decine di migliaia di genomi all'anno. Queste economie trasformatrici del sequenziamento consentiranno agli scienziati nel campo della genomica di realizzare progetti impossibili da eseguire in passato (Figura 1).

Con la NovaSeq X Series, Illumina continua a dettare lo standard per accuratezza e fruibilità. Miglioramenti rivoluzionari nella chimica, nell'ottica e nei software forniscono velocità, qualità dei dati e sostenibilità straordinari. Gli utenti hanno a disposizione processività e scalabilità eccellenti senza dover sacrificare flussi di lavoro flessibili, ottimizzati e di facile utilizzo.

Innovazione per genomica su larga scala ed accuratezza eccellente

Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus System offrono la processività e l'accuratezza necessarie per eseguire applicazioni con volumi di dati sempre maggiori e fornire un'ampia gamma di informazioni significative. Le prestazioni della NovaSeq X Series riducono fino al 60% i costi per gigabase (Gb) rispetto al NovaSeq 6000 System.¹ Il NovaSeq X Plus System è al momento il nostro sistema di sequenziamento più efficace in grado di fornire output fino a 16 terabasi (Tb) per corse con doppia cella a flusso (o fino a 52 miliardi di letture unidirezionali). Il NovaSeq X System dispone di una configurazione a singola cella a flusso con un output da 165 Gb a 8 Tb per corsa o fino a 26 miliardi di letture unidirezionali (Figura 2, Figura 3, Tabella 1).*

* Per assicurare la futura scalabilità, i clienti che acquistano il NovaSeq X System possono aggiornare il sistema al NovaSeq X Plus System per utilizzare doppie celle a flusso e andare di pari passo con nuove esigenze della ricerca.



Figura 1: NovaSeq X Sequencing System e NovaSeq X Plus Sequencing System. Le innovazioni di Illumina continuano ad ampliare l'accesso alla genomica a elevata processività e consentiranno di generare nuove informazioni scientifiche.

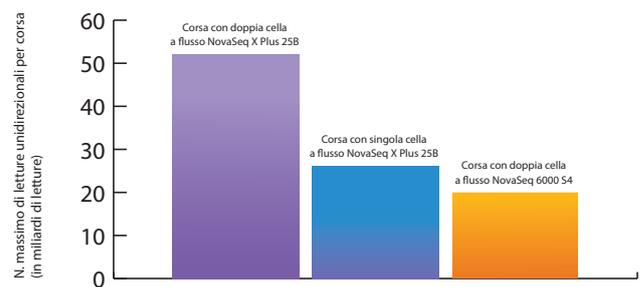


Figura 2: output di sequenziamento massimizzato con il NovaSeq X Plus System. Confronto dell'output massimo per singola corsa in miliardi di letture per il NovaSeq X Plus System (corsa con doppia cella a flusso 25B), il NovaSeq X System (corsa con singola cella a flusso 25B) e il NovaSeq 6000 System (corsa con doppia cella a flusso S4).¹

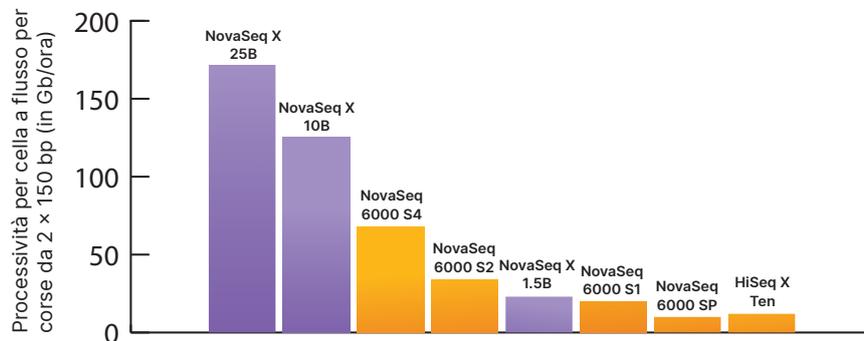


Figura 3: la NovaSeq X Series offre la massima processività di sequenziamento. Confronto degli output per singola cella a flusso per ora per le celle a flusso della NovaSeq X Series 1.5B, 10B, 25B, le celle a flusso NovaSeq 6000 SP, S1, S2, S4¹ e HiSeq X Ten.² Dal primo genoma da \$ 1.000 a oggi, Illumina continua a trasformare l'economia del sequenziamento a elevata processività.

Tre tipi di cella a flusso supportano la processività scalabile di più di 128 genomi umani a 30× di copertura, fino a 1.500 esomi oppure più di 1.000 trascrittomi per corsa con doppia cella a flusso (Tabella 2). Le numerose innovazioni tecnologiche hanno reso possibile questo nuovo livello di sequenziamento.

- Le celle a flusso preconfigurate (patterned) con densità ultra elevata sono dotate di decine di miliardi di nanopozzetti in posizioni fisse che consentono di ottenere fino a 26 miliardi di letture unidirezionali (52 miliardi di letture paired-end) per cella a flusso.
- Alta apertura numerica, videocamera a elevata velocità personalizzata e ottica blu-verde per imaging a risoluzione ultra elevata consentono di ottenere il massimo dalla processività e dalla qualità dei dati.
- Gli algoritmi avanzati per l'identificazione delle basi e l'analisi secondaria DRAGEN™ integrata (disponibile nel sistema o su cloud) assicurano accuratezza e velocità all'avanguardia.^{3,4}

La NovaSeq X Series è basata sulla chimica XLEAP-SBS™ di Illumina che è, ad oggi, la nostra tecnologia di sequenziamento mediante sintesi (SBS, Sequencing By Synthesis) più veloce e più efficace in grado di fornire la qualità più elevata. Basata sulla comprovata e più ampiamente adottata chimica SBS, la chimica XLEAP-SBS fornisce prestazioni significativamente migliorate. I nucleotidi di XLEAP-SBS utilizzano coloranti, leganti e blocchi innovativi che sono più resistenti al calore, 50× più stabili in soluzione e 500× più stabili quando liofilizzati. Una riduzione di 50× in idrolisi e una scissione di blocco di 3× più veloce aumentano significativamente l'accuratezza e riducono al contempo la determinazione delle fasi e la predeterminazione delle fasi. La nuova polimerasi di XLEAP-SBS è stata progettata per incorporare più velocemente i nucleotidi e offrire una maggiore affidabilità come mai prima d'ora. Tutte queste innovazioni forniscono cicli di

2× più veloci e una maggiore accuratezza di 3× rispetto alla chimica SBS standard.⁵

Accuratezza comprovata

La chimica XLEAP-SBS utilizza nucleotidi di terminatori reversibili per l'effettivo sequenziamento base per base che riduce considerevolmente gli errori e le mancate identificazioni associate a stringhe di nucleotidi ripetuti (omopolimeri).⁶ La chimica XLEAP-SBS è inoltre compatibile con il sequenziamento paired-end e facilita il rilevamento di riarrangiamenti genomici, elementi della sequenza ripetitiva e trascritti nuovi. Le sequenze allineate come coppie di letture consentono l'allineamento più accurato delle letture e la possibilità di rilevare varianti di inserzioni-delezioni (indel) che sono più difficili con i dati ottenuti da letture unidirezionali.⁷

Ampio numero di informazioni significative

Grazie a una serie di applicazioni e prestazioni rivoluzionarie e senza confronti, la NovaSeq X Series ridefinisce i limiti del sequenziamento a elevata processività per consentire alla ricerca genomica di progredire. Le corse sono più veloci con risposte più rapide per campioni critici. La maggiore processività consente di completare i progetti in modo più efficace. Gli scienziati possono aumentare la potenza statistica mediante un'ampia gamma di progettazione di studi e coorti di campioni più grandi. I laboratori possono studiare più campioni in diverse condizioni o punti temporali per rivelare le proprietà dinamiche delle cellule e dei sistemi biologici. Studi di singola cellula, spaziali, proteomica e altri studi di multiomica possono ampliare gli obiettivi e includere più cellule, risoluzione più elevata e più modalità. Gli utenti possono massimizzare il numero di letture e incrementare la profondità del sequenziamento per ottenere una maggiore risoluzione e rilevare i segnali e le varianti a bassa frequenza.

Tabella 1: parametri delle prestazioni della NovaSeq X Series^a

Tipo di cella a flusso	1.5B	10B	25B
Output per corsa con doppia cella a flusso^a			
2 × 50 bp	Circa 165 Gb	1 Tb	–
2 × 100 bp	330 Gb	2 Tb	–
2 × 150 bp	500 Gb	3 Tb	8 Tb
Output per corsa con doppia cella a flusso^{a,b}			
2 × 50 bp	Circa 330 Gb	2 Tb	–
2 × 100 bp	660 Gb	4 Tb	–
2 × 150 bp	1 Tb	6 Tb	16 Tb
Letture che attraversano il filtro per corsa^a			
Letture unidirezionali	1,6 miliardi	10 miliardi	26 miliardi
Letture paired-end	3,2 miliardi	20 miliardi	52 miliardi
Durata della corsa per lo strumento^{a,c}			
2 × 50 bp	Circa 15 ore	Circa 18 ore	–
2 × 100 bp	Circa 18 ore	Circa 22 ore	–
2 × 150 bp	Circa 21 ore	Circa 25 ore	Circa 48 ore
Punteggi qualitativi^{a,d}			
2 × 50 bp	≥90% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 100 bp	≥85% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 150 bp	≥85% delle basi con punteggio superiore a Q30		

a. Le specifiche si basano su una libreria di campioni di controllo PhiX di Illumina o su una libreria di DNA TruSeq generata con NA12878 alle densità cluster supportate. Le prestazioni possono variare in base al tipo e alla qualità della libreria, alla dimensione dell'inserito, alla concentrazione di caricamento e ad altri fattori sperimentali. Metriche delle prestazioni soggette a modifica.

b. Le corse con doppia cella a flusso si applicano solo al NovaSeq X Plus System.

c. Le durate includono generazione di cluster integrata e automatizzata, sequenziamento, lavaggio post-corsa automatizzato e identificazione delle basi.

d. Un punteggio qualitativo (Q-score) è una previsione delle probabilità di errore nell'identificazione delle basi. La percentuale di basi con punteggio ≥Q30 rappresenta la media dell'intera corsa.

Economia trasformativa e maggiore produttività

La NovaSeq X Series rappresenta la soluzione per il sequenziamento a elevata processività con il migliore costo totale di proprietà. Oltre alla significativa riduzione dei costi per Gb, la NovaSeq X Series è economicamente vantaggiosa per l'intera durata del flusso di lavoro, poiché assicura, tra le altre cose, semplicità operativa, analisi integrata dei dati, miglioramenti alla sostenibilità e assistenza all'avanguardia (Figura 4).

Esperienza utente all'avanguardia

Ogni aspetto del flusso di lavoro della NovaSeq X Series è ottimizzato per ridurre al minimo la durata e gli interventi manuali richiesti per completare i progetti. Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus System offrono un'attenta progettazione ergonomica e innovazioni pratiche, quali:

- Touch screen extra-large con risoluzione 4K che consente di visualizzare immediatamente e in modo chiaro l'avanzamento della corsa o di leggere metriche dettagliate sulle prestazioni del sequenziamento sullo strumento (Figura 5);
- Cartucce di reagenti "carica e vai" che dispongono di "finestrelle" che consentono di verificare visivamente lo scongelamento dei reagenti;
- Corsie della cella a flusso selezionabili singolarmente con caricamento automatizzato e integrato di corsie indipendenti per separare facilmente i progetti e i campioni fino a un massimo di otto corsie;
- Requisiti di input della libreria inferiori di 4× che[†] consentono il sequenziamento ultra profondo di campioni preziosi e nuove applicazioni per tipi di campione difficili;
- Generazione di cluster integrata e automatizzata e lavaggio post-corsa automatizzato per ottimizzare il flusso di lavoro di sequenziamento;
- Opzioni di pianificazione della corsa per configurare l'analisi secondaria, per applicazioni chiave, senza interventi manuali (Figura 6);
- Reagenti, cartucce di tampone e contenitori per gli scarti alleggeriti e facili da manipolare;
- Altri dettagli come tastiera retrattile e indicatori luminosi sui cassettei dei materiali di consumo consentono il caricamento guidato.

 Un tour virtuale è disponibile alla pagina web illumina.com/TourNovaSeqX.

[†] Rispetto al flusso di lavoro integrato del NovaSeq 6000 System.

Tabella 2: processività dei campioni stimata per le principali applicazioni^a

Tipo di cella a flusso	Per corsa con singola cella a flusso			Per corsa con doppia cella a flusso ^b		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Genomi umani	Circa 4	Circa 24	Circa 64	Circa 8	Circa 48	Circa 128
Esomi	Circa 41	Circa 250	Circa 750	Circa 82	Circa 500	Circa 1.500
Trascrittomi	Circa 30	Circa 200	Circa 520	Circa 60	Circa 400	Circa 1.040

a. Tutte le processività dei campioni sono stimate. Le stime dei genomi umani presumono più di 120 Gb di dati per campione per ottenere 30x di copertura. Le stime degli esomi presumono circa 8 Gb per campione per ottenere 100x di copertura. Le stime dei trascrittomi presumono almeno 50 milioni di letture. La processività può variare in base al kit di preparazione delle librerie in uso. Metriche delle prestazioni soggette a modifica.

b. Le corse con doppia cella a flusso si applicano solo al NovaSeq X Plus System.

Informatica completa e ottimizzata

I chip DRAGEN integrati velocizzano i calcoli e forniscono algoritmi integrati di compressione senza perdita di dati. DRAGEN ORA (Original Read Archive) può automatizzare la compressione dei file FASTQ fino a 5x velocizzando il trasferimento dei dati e semplificando la gestione dei dati. Un ingombro di dati inferiore riduce anche i costi di archiviazione e di consumo di energia.

Grazie a una struttura di calcolo parallela, DRAGEN Multigenome (rappresentazione grafica) utilizza l'apprendimento automatico scalabile per aumentare sistematicamente l'accuratezza.^{3,4} La piattaforma DRAGEN è integrata nella NovaSeq X Series e può eseguire più pipeline di analisi secondaria in parallelo, integrate o su cloud. Con una cella a flusso in una singola corsa è possibile eseguire contemporaneamente fino a quattro applicazioni. Le pipeline automatizzate per l'analisi secondaria includono:

- DRAGEN Germline per il sequenziamento dell'intero genoma;
- DRAGEN Somatic per il sequenziamento dell'intero genoma;
- DRAGEN Enrichment per il sequenziamento dell'intero esoma;
- DRAGEN RNA per il sequenziamento dell'intero trascrittoma;
- DRAGEN Methylation per il sequenziamento per metilazione.

Queste applicazioni chiave sono supportate da flussi di lavoro completi a partire dalla libreria fino all'analisi (Tabella 3).



Figura 4: flusso di lavoro di sequenziamento a elevata processività intuitivo e ottimizzato. Il NovaSeq X Sequencing System e il NovaSeq X Plus Sequencing System forniscono un flusso di lavoro completo che include l'impostazione intuitiva della corsa, un ampio ecosistema di kit di preparazione delle librerie compatibili e l'analisi secondaria integrata, il tutto supportato dal monitoraggio proattivo delle prestazioni dello strumento.



Figura 5: funzionamento semplificato. Molte funzionalità del NovaSeq X System e del NovaSeq X Plus System sono state progettate per semplificare il flusso di lavoro di sequenziamento, inclusi interfaccia touch screen a elevata risoluzione e cartucce contenenti reagenti pronti all'uso con funzionamento "carica e vai".

Innovazioni all'avanguardia per la sostenibilità

Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus System sono stati appositamente progettati per ridurre l'impatto ambientale. L'efficacia e la stabilità migliorate dei reagenti di XLEAP-SBS ne consentono la spedizione e la conservazione in formato liofilizzato. Questa innovazione fondamentale fornisce significativi vantaggi in termini di sostenibilità ed esperienza dell'utente:

- Kit di reagenti spediti a temperatura ambiente (senza ghiaccio secco e senza ghiaccio) per ridurre gli scarti e i tempi di disimballaggio;
- Possibilità di utilizzare i materiali di consumo in una corsa di sequenziamento immediatamente alla ricezione degli stessi (o dopo lo scongelamento, se precedentemente conservati) riducendo al minimo gli interventi manuali per ottimizzare il funzionamento;
- Volume della cartuccia[†] ridotto di più del 50% per ottimizzare lo spazio di congelamento e lo spazio di conservazione;
- Peso per kit ridotto di circa il 90%[†] per semplificare la manipolazione (solo circa 4,5 kg in totale, spedito in una scatola);
- Facile smaltimento dei materiali di consumo grazie a componenti riciclabili che possono essere smontati senza l'utilizzo di strumenti speciali e circa il 90% in meno di rifiuti di imballaggio;[‡]
- Oltre il 50%[‡] di plastica in meno, grazie all'utilizzo di plastica e cartucce di tampone riciclabili, realizzate in biopolimeri di origine vegetale (canna da zucchero al 96%).

[‡] Rispetto ai kit di reagenti NovaSeq 6000.



Figura 6: suite informatica flessibile. Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus System dispongono di opzioni per l'impostazione della corsa, la gestione della corsa e l'analisi dei dati [in sede (viola) e su cloud (arancione)] per consentire agli utenti di eseguire il sequenziamento nel modo che desiderano.

Tabella 3: esempio di flusso di lavoro dalla libreria all'analisi per applicazioni di sequenziamento a elevati volumi sulla NovaSeq X Series

Applicazione	Preparazione delle librerie	Sequenziamento	Analisi dei dati
Sequenziamento dell'intero genoma	Illumina DNA PCR-Free Prep	Cella a flusso NovaSeq X 1.5B, 10B o 25B, kit da 300 cicli	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
Sequenziamento dell'intero esoma	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment	Cella a flusso NovaSeq X 1.5B o 10B kit da 200 cicli	DRAGEN Enrichment
Sequenziamento del trascrittoma	Illumina Stranded Total RNA Prep Illumina Stranded mRNA Prep Illumina RNA Prep with Enrichment	Cella a flusso NovaSeq X 1.5B o 10B kit da 200 cicli	DRAGEN RNA

Tecnologia affidabile, partner affidabile

Come fornitore preferito di piattaforme NGS, Illumina ha spedito più di 20.000 sistemi di sequenziamento in tutto il mondo. La tecnologia NGS di Illumina è citata in più di 300.000 pubblicazioni riviste da esperti: 5x di più rispetto a tutte le altre tecnologie NGS combinate assieme.⁸ Grazie alla sua esperienza decennale, Illumina si dedica senza sosta all'innovazione e alla creazione di funzionalità e applicazioni NGS per gli anni a venire (Figura 3). La NovaSeq X Series dimostra la nostra duratura leadership nel campo delle tecnologie genomiche.

Impegno dedicato al successo dei clienti

Per fornire affidabilità nell'investimento, supportare le prestazioni durante i picchi di lavoro e ridurre al minimo le interruzioni, Illumina dispone di un team di supporto all'avanguardia costituito da scienziati esperti nella preparazione delle librerie, nel sequenziamento e nell'analisi. L'assistenza tecnica è disponibile telefonicamente cinque giorni a settimana oppure online 24/7 in tutto il mondo e in diverse lingue, con tempi di risposta rapidi nei pressi delle principali aree metropolitane. Grazie alla collaudata infrastruttura di produzione globale, Illumina fornisce eccellente coerenza, fornitura e qualità di prodotto.

Riepilogo

Il NovaSeq X Sequencing System e il NovaSeq X Plus Sequencing System forniscono un sequenziamento straordinariamente efficace per supportare le applicazioni con elevati volumi di dati, ad esempio sequenziamento dell'intero genoma, sequenziamento di singola cellula e multiomica. Diverse innovazioni tecniche, incluse la chimica XLEAP-SBS e l'analisi DRAGEN integrata, consentono di massimizzare la processività e l'accuratezza per gli scienziati che operano nel campo genomico. Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus System rendono possibile l'economia trasformativa e daranno inizio a una nuova era di conoscenza genomica volta a migliorare la salute umana.

Maggiori informazioni

NovaSeq X Sequencing System e NovaSeq X Plus Sequencing System, illumina.com/NovaSeqX.

Analisi secondaria DRAGEN, illumina.com/DRAGEN

Specifiche dello strumento della NovaSeq X Series

Parametro	Specifica
Configurazione dello strumento	Computer e monitor touch screen 4K Configurazione dell'installazione e accessori Software di raccolta e analisi dei dati
Computer di controllo dello strumento	Unità base: scheda iEi personalizzata con CPU AMD V1605b Memoria: 2 × 16 GB DDR4 SODIMM Disco rigido: nessuno Disco a stato solido: 480 GB M.2 Sistema operativo: Oracle 8
Compute Engine dello strumento	Unità base: scheda iEi personalizzata con doppia CPU AMD 7552 Memoria: 8 × 64 GB + 8 × 128 GB DDR4 RDIMM Disco rigido: nessuno Disco a stato solido: 480 GB M.2 + 5 × 12,8 TB U.2 Sistema operativo: Oracle 8
Ambiente operativo	Temperatura: 15 °C-30 °C, variazione di <2 °C all'ora Umidità: 20%-65% relativa, senza condensa Altitudine: sotto i 2.000 metri Ventilazione: dissipazione termica massima per strumento 9.200 BTU/ora e dissipazione termica media 7.507 BTU/ora Per uso esclusivo in interni
Laser	Prodotto laser di Classe 1 532 nm (potenza massima 4,5 Watt), 457 nm (potenza massima 6 Watt)
RFID	Frequenza di funzionamento 13,56 MHz, potenza in uscita 200 mW
Dimensioni	L × P × A: 86,4 cm × 93,3 cm × 158,8 cm Peso a secco (escluso UPS): circa 532 kg Peso a secco (incluso UPS): circa 569 kg Peso imballato: 722 kg Peso bancali degli accessori: 238 kg
Requisiti di alimentazione	200-240 V c.a. 50/60 Hz, 15 A, monofase Illumina fornisce un gruppo di continuità (UPS) specifico per il paese I requisiti di amperaggio minimo possono dipendere dalla tensione locale
Connessione di rete	Connessione da 10 GBE dedicata [(10GBASE-T) utilizzando RJ-45 dallo strumento] tra lo strumento e il sistema di gestione dei dati; connessione diretta o mediante rete
Larghezza di banda per la connessione di rete	<i>Per i dati dell'analisi primaria:</i> 800 Mbit/s/strumento per i caricamenti sulla rete locale 800 Mbit/s/strumento per i caricamenti di BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/strumento per i caricamenti dei dati operativi dello strumento <i>Per i dati dell'analisi primaria e secondaria:</i> 3,2 Gbit/s/strumento per i caricamenti sulla rete locale 3,2 Gbit/s/strumento per i caricamenti di BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/strumento per i caricamenti dei dati operativi dello strumento

Informazioni per gli ordini

Sistema	N. di catalogo
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	20084804
Kit di reagenti per il sequenziamento	N. di catalogo
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (100 cycles)	20104703
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (200 cycles)	20104704
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (300 cycles)	20104705
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (100 cycles)	20085596
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (200 cycles)	20085595
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles)	20085594
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

Bibliografia

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf. Pubblicato nel 2017. Aggiornato nel 2022. Consultato il 1° giugno 2022.
2. Illumina. HiSeq X Ten Series of Sequencing Systems specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf. Pubblicato nel 2014. Aggiornato nel 2016. Consultato il 13 giugno 2022.
3. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN Wins at PrecisionFDA Truth Challenge V2 Showcase Accuracy Gains from Alt-aware Mapping and Graph Reference Genomes. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. Consultato il 1° giugno 2022.
4. Illumina. DRAGEN Bio-IT Platform data sheet. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf. Pubblicato nel 2018. Aggiornato nel 2022. Consultato il 1° giugno 2022.
5. Illumina. [Presentation at JP Morgan Healthcare Conference; January 2022; San Diego, CA.](#)
6. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. [Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry.](#) *Nature*. 2008;456(7218):53-59. doi:10.1038/nature07517.
7. Nakazato T, Ohta T, Bono H. [Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive.](#) *PLoS One*. 2013;8(10):e77910. doi:10.1371/journal.pone.0077910.
8. Calcoli dei dati in archivio, Illumina, Inc. 2022.



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
 M-US-00197 ITA v3.0