

Analisi secondaria DRAGEN™

Identificazione di varianti accurata,
esaustiva ed efficiente per i dati
del sequenziamento di nuova
generazione



Analisi di interi genomi,
esomi, metilomi, trascrittomi
e proteomi con un'unica
soluzione



Risultati eccezionalmente
accurati grazie all'analisi
efficiente dei dati, con riduzione
dei tempi e dei costi di
archiviazione delle informazioni



Facile integrazione con i sistemi
di sequenziamento Illumina per
un flusso di lavoro ottimizzato
dal sequenziamento ai risultati

Introduzione

Per progredire nei campi della ricerca biomedica e della medicina di precisione, è fondamentale sfruttare al massimo le potenzialità del genoma attraverso il sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing). Per utilizzare al meglio le informazioni genetiche raccolte durante l'NGS, i ricercatori necessitano di strumenti di analisi dei dati in grado di tradurre in modo accurato ed efficiente i dati di sequenziamento non elaborati in risultati significativi. Inoltre, per sfruttare i vantaggi dell'NGS, le organizzazioni devono poter utilizzare soluzioni semplici, adatte a ogni tipo di utente e implementabili con vincoli finanziari e tecnici minimi.

L'analisi secondaria DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) Illumina è stata sviluppata per superare le principali difficoltà associate all'analisi dei dati NGS in un'ampia varietà di metodologie, inclusi il sequenziamento dell'intero genoma, il sequenziamento dell'esoma, l'analisi del trascrittoma, i saggi del metiloma e molti altri. Il software per analisi secondaria DRAGEN è una suite di applicazioni per l'elaborazione dei dati di NGS che consente di ottenere informazioni approfondite attraverso l'analisi terziaria. Gli strumenti disponibili compongono una soluzione altamente accurata, completa ed efficiente che consente ai laboratori di qualsiasi dimensione e disciplina di ottenere di più dai propri dati genomici.

Risultati accurati

L'analisi secondaria DRAGEN genera risultati straordinariamente accurati. La Precision FDA Truth Challenge V2 (PrecisionFDA V2) del 2020 ha premiato l'analisi secondaria DRAGEN v3.7 come la più accurata in tutte le regioni di riferimento e nelle regioni difficili da mappare con i dati di sequenziamento Illumina.^{1,2} Le versioni successive continuano a definire nuovi standard di accuratezza, con progressi in aree quali apprendimento automatico (ML, Machine Learning) e tecnologia multigenomica di DRAGEN.* La versione più recente, ossia l'analisi secondaria DRAGEN v4.4, offre un'accuratezza senza precedenti nell'identificazione di varianti piccole, con un punteggio F1 pari al 99,90% (misura combinata di precisione e richiamo) in tutte le regioni di riferimento (Figura 1). Ciò è reso possibile dalla mappatura multigenomica di nuova generazione di DRAGEN, basata su 128 campioni con 256 aplotipi da dati di riferimento del pangenoma costruiti internamente, che cattura una maggiore diversità genetica. L'accuratezza superiore si ottiene anche grazie all'identificatore integrato di varianti a mosaico, che può essere abilitato per rilevare varianti a mosaico con basse frequenze alleliche (fino al 3%).

* In passato, il termine "riferimento (grafico) multigenomico" si utilizzava per indicare sia il metodo di mappatura sia la raccolta dei campioni di riferimento. Ora, invece, per descrivere meglio gli aggiornamenti delle versioni dell'analisi secondaria DRAGEN, si utilizzano termini separati. Il termine "mappatura multigenomica" si riferisce al metodo di mappatura, mentre il termine "riferimento del pangenoma" si riferisce alla raccolta dei campioni di riferimento.

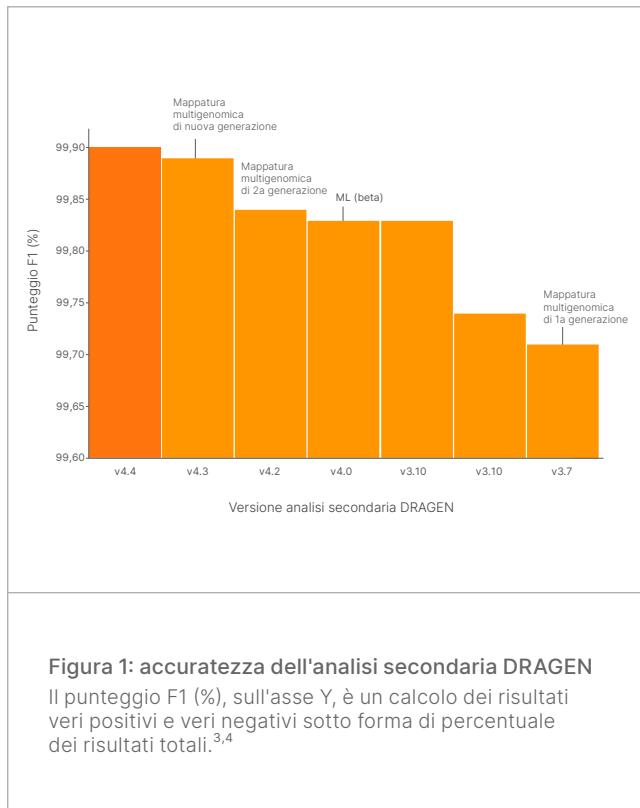


Figura 1: accuratezza dell'analisi secondaria DRAGEN
Il punteggio F1 (%), sull'asse Y, è un calcolo dei risultati veri positivi e veri negativi sotto forma di percentuale dei risultati totali.^{3,4}

L'analisi secondaria DRAGEN v4.4 utilizza la mappatura multigenomica con i dati di riferimento del pangenoma per il rilevamento delle varianti strutturali (SV, Structural Variant), identificandole in maniera più accurata. Inoltre, l'analisi secondaria DRAGEN v4.4 introduce riferimenti del pangenoma personalizzati per meglio rappresentare popolazioni specifiche e ridurre le distorsioni ancestrali.

Analisi esaustiva

Con una copertura completa del genoma e un'ampia gamma di applicazioni supportate, l'analisi secondaria DRAGEN soddisfa le esigenze variegate dei laboratori che svolgono analisi di NGS. Le pipeline di DRAGEN supportano diversi tipi di esperimenti, inclusi sequenziamento dell'intero genoma (WGS, Whole-Genome Sequencing), sequenziamento dell'intero esoma, pannelli di arricchimento, RNA-Seq di singole cellule, ATAC-Seq di singole cellule, RNA-Seq in massa e analisi di metilazione (Tabella 1). Per replicare parzialmente le funzionalità offerte dal software DRAGEN, ci vorrebbero oltre 30 strumenti open source.^{3,4} Inoltre, i ricercatori del Baylor College of Medicine hanno pubblicato uno studio che dimostra che l'analisi secondaria DRAGEN ha superato in termini di velocità e accuratezza gli attuali strumenti all'avanguardia per l'analisi del genoma e il rilevamento di tutti i tipi di varianti.⁵

Tabella 1: l'analisi secondaria DRAGEN supporta una gamma estesa di applicazioni di analisi secondaria^a

| Applicazione | Server in laboratorio | Sistemi di sequenziamento Illumina integrati | | | Piattaforme cloud Illumina | |
|----------------------------------------|----------------------------|----------------------------------------------|-------------------------------------------|-------------------|----------------------------|------------------------------|
| | Server DRAGEN | NovaSeq X Series | NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System | MiSeq i100 Series | BaseSpace Sequence Hub | Illumina Connected Analytics |
| Conversione BCL | ✓ | ✓ | ✓ | ✓ | ✓ | ✓ |
| DRAGEN ORA Compression | ✓ | ✓ | ✓ | ✓ | | Disponibile a breve |
| Intero genoma | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico | | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico |
| Arricchimento (incluso l'esoma) | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico | | Linea germinale + Somatico | Linea germinale + Somatico |
| DRAGEN Amplicon | ✓ | | Solo DNA | | ✓ | ✓ |
| RNA | ✓ | ✓ | ✓ | | ✓ | ✓ |
| RNA di singole cellule | ✓ | | ✓ | | ✓ | ✓ |
| NanoString GeoMx NGS | | | ✓ | | ✓ | |
| Metilazione | ✓ | ✓ | | | ✓ | ✓ |
| Quantificazione delle proteine | ✓ | | | | ✓ | ✓ |
| Metagenomica | ✓ ^b | | | | ✓ | |
| COVID, IMAP, IMAP-FLU | | | | | ✓ | |
| Portafoglio TruSight™ Oncology 500 | ✓ | | | | ✓ ^c | ✓ |
| Imputazione | ✓ | | | | ✓ | ✓ |
| PGx Star Allele Caller | ✓ | ✓ | ✓ | | ✓ | ✓ |
| Illumina Complete Long Reads | | | | | ✓ | ✓ |
| RPIP, RVEK, UPIP, VSP | ✓ | | | | | Beta |
| Intero genoma piccolo | | | | ✓ | ✓ | |
| Heme WGS ^d | ✓ | | | | | ✓ |
| Tumore WGS solido normale ^d | ✓ | | | | | ✓ |

a. La versione principale del software DRAGEN varia da una piattaforma all'altra; per ulteriori informazioni, consultare il rappresentante locale.

b. Applicazioni di metagenomica abilitate dal classificatore Kmer; altri strumenti presto disponibili.

c. È richiesto l'abbonamento a Illumina Connected Analytics.

d. Disponibile tramite lo strumento di gestione delle applicazioni di DRAGEN.

IMAP, Illumina Microbial Amplicon Prep; RPIP, Respiratory Pathogen ID/AMR Panel; RVEK, Respiratory Virus Enrichment Kit; UPIP, Urinary Pathogen ID/AMR Panel; VSP, Viral Surveillance Panel.

Per l'analisi della linea germinale, l'analisi secondaria DRAGEN include una suite di identificatori di varianti, come ExpansionHunter, e identificatori mirati per i geni, come *SMN*, *GBA*, *CYP2B6*, *CYP2D6* e *HLA*. Con l'analisi secondaria DRAGEN v4.3 è stato introdotto il rilevamento congiunto multiregione (MRJD, Multiregion Joint Detection), un nuovo identificatore specializzato che consente la copertura di geni complessi in regioni di duplicazione segmentale, come *PMS2*, *SMN1*, *SMN2*, *STRC*, *NEB*, *TTN* e *IKBKG*. Questi strumenti permettono di analizzare un'ampia gamma di variazioni genetiche, comprese variazioni a singolo nucleotide, inserzioni e delezioni (indel), espansioni di ripetizioni e variazioni strutturali in regioni genomiche estese. La mappatura multigenomica di DRAGEN con riferimento del pangenoma migliora inoltre la qualità della mappatura, rendendo più accurata l'identificazione di varianti, e la risoluzione di aree del genoma difficili da valutare a causa della complessità della sequenza. Ciò consente di aumentare la copertura di geni potenzialmente rilevanti dal punto di vista medico e di identificare varianti a singolo nucleotide, indel piccole, variazioni del numero di copie e varianti strutturali in regioni difficili da mappare.

Analisi efficiente

Il software DRAGEN mette a disposizione dei laboratori la velocità di analisi dei dati necessaria per elaborare i set di dati di NGS con la massima efficienza. L'accelerazione hardware dell'analisi secondaria DRAGEN e l'architettura degli array di porte logiche programmabili sul campo (FPGA, Field-Programmable Gate Array) contribuiscono ad accorciare i tempi di risposta.

L'efficienza degli algoritmi di analisi DRAGEN ha consentito il raggiungimento di due record mondiali di velocità di analisi dei dati genomici.^{6,7} Nella pratica, l'analisi secondaria DRAGEN in laboratorio può elaborare i dati di NGS per un genoma intero, equivalenti a una copertura di 40x, in circa 35 minuti con tutti gli identificatori*, mentre i metodi open source comunemente utilizzati, che identificano un numero limitato di tipi di varianti, impiegano più di 8 ore.⁸

Per semplificare l'archiviazione, la gestione e la condivisione di file di dati di NGS di grandi dimensioni, la tecnologia DRAGEN Original Read Archive (ORA) offre la compressione fino a 5 volte e senza perdita di dati dei file FASTQ nel tradizionale formato fastq.gz. La compressione senza perdita di dati della tecnologia DRAGEN ORA preserva i dettagli dei file FASTQ ed è molto rapida, infatti richiede circa 8 minuti per la compressione di file FASTQ[†] da 50-70 GB, oltre a supportare una gamma estesa di specie comunemente studiate. L'analisi secondaria DRAGEN è caratterizzata da pipeline versatili, in grado anche di gestire file di dati di input e di creare file di output in diversi momenti del processo (Figura 2).

* In base ai dati interni di Illumina relativi ai server DRAGEN v4 e agli standard HG001-HG007, senza nuovi identificatori specializzati, come MRJD, e le ripetizioni in tandem a numero variabile disponibili nell'analisi secondaria DRAGEN v4.3.

† Su un server DRAGEN v3.

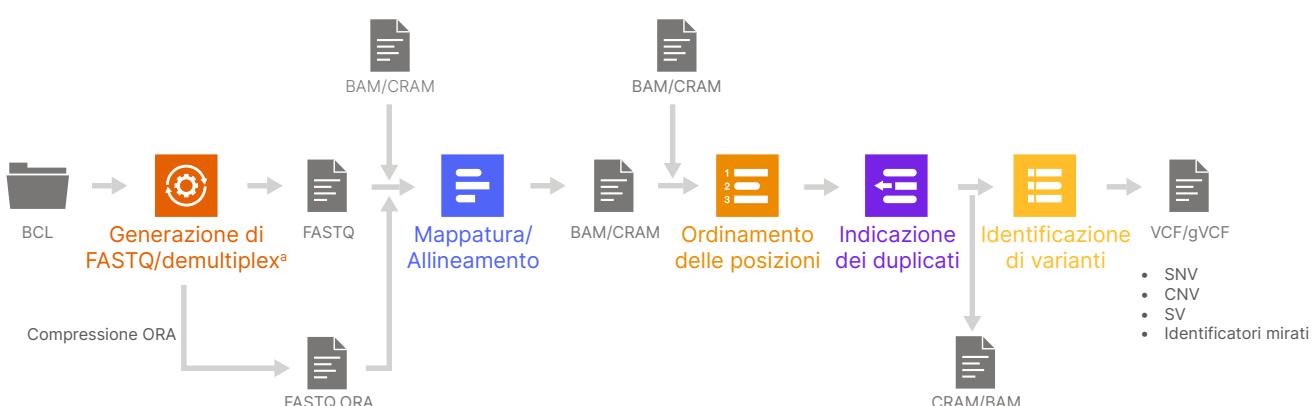


Figura 2: flessibilità delle pipeline di analisi secondaria DRAGEN

Ogni pipeline di DRAGEN contiene una serie specifica di passaggi per l'analisi accurata ed efficiente. Ad esempio, la pipeline rappresentativa della linea germinale dell'intero genoma di DRAGEN è abbastanza flessibile da accettare diversi file di input e generare vari tipi di output; in questo modo, gli utenti possono personalizzare la propria esperienza e generare il formato di file desiderato.

a. La conversione BCL è disponibile anche come strumento indipendente.

FPGA e accelerazione hardware

La tecnologia FPGA è altamente configurabile e consente l'implementazione accelerata da hardware ultra efficiente di algoritmi di analisi genomica, come conversione di file di identificazione delle basi (BCL, Base Call), mappatura, allineamento, ordinamento, marcatura dei duplicati e identificazione di varianti degli aplotipi. La natura flessibile della tecnologia FPGA consente a Illumina di sviluppare una suite estesa di pipeline applicative di DRAGEN, con frequenti aggiornamenti e aggiunte per offrire le migliori prestazioni possibili a livello di accuratezza, completezza ed efficienza.

Riferimenti personalizzati

L'analisi secondaria DRAGEN consente agli utenti di generare riferimenti personalizzati umani, non umani o non standard. I riferimenti creati possono essere utilizzati come input per tutte le applicazioni di DRAGEN che supportano file di riferimento personalizzati. La maggior parte delle pipeline di DRAGEN include il supporto integrato dei gruppi genomici hg19, hg38 (con o senza HLA), GRCh37, CHM13v2 e hs37d5. Il software DRAGEN consente agli utenti di estendere le capacità di creazione di una mappatura multigenomica standard per popolazioni diversificate o specifiche.

Scalabilità

L'analisi secondaria DRAGEN consente ai laboratori di ampliare le procedure operative in base alle esigenze, riducendo al contempo costi e tempi di risposta. Il software DRAGEN permette l'ampliamento delle funzionalità di ricerca in diversi modi:

- Rimanendo al passo con NovaSeq™ X Series.** Il software DRAGEN integrato può eseguire più applicazioni contemporaneamente (quattro applicazioni simultanee con al massimo una conversione BCL e altre tre pipeline a scelta) per ogni cella a flusso in un'unica corsa.
- Aumentando la capacità.** Nei periodi in cui i carichi di lavoro con elevati volumi di campioni sono più ingenti, i laboratori possono utilizzare la funzione aggiuntiva di analisi secondaria DRAGEN basata sul cloud sulle app Illumina Connected Analytics o DRAGEN su BaseSpace™ Sequence Hub ([Figura 3](#)).
- Ampliando le operazioni.** Una sola istanza di DRAGEN consente di eseguire una vasta gamma di pipeline e di elaborare tutti i tipi di campioni supportati. Grazie alla completezza e all'efficienza del software DRAGEN, gli utenti possono adeguare le operazioni ai volumi senza compromettere i tempi di risposta o la qualità dei risultati.
- Agevolando la transizione ai genomi.** Le pipeline preconfigurate di DRAGEN consentono una facile transizione dai pannelli mirati agli esomi e ai genomi.

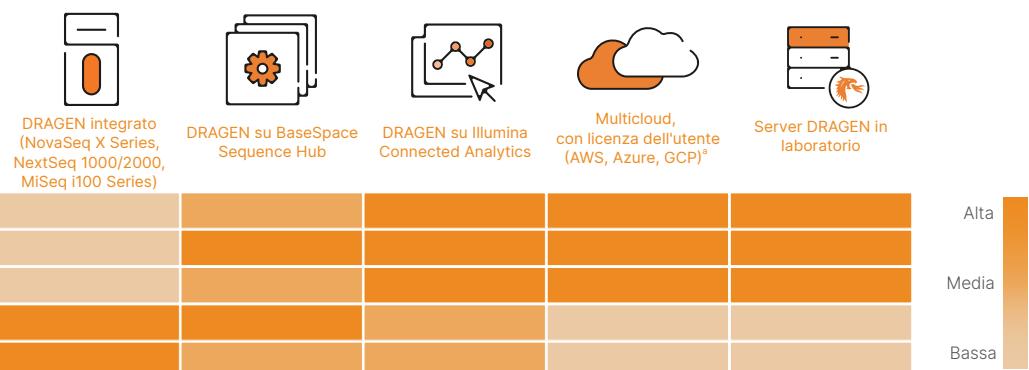


Figura 3: opzioni di accesso alle pipeline di DRAGEN con funzioni pensate per soddisfare le esigenze di ogni laboratorio per l'analisi dei dati di NGS

a. Contattare il rappresentante Illumina per informazioni sull'accesso da Amazon Web Service (AWS), Azure o Google Cloud Platform (GCP, accesso anticipato).

5. **Con iniziative correlate alla genomica della popolazione su larga scala.** L'analisi secondaria DRAGEN offre un flusso di lavoro semplificato per l'analisi di coorti su larga scala, con l'utilizzo congiunto di più pipeline per identificare variazioni genetiche in modo altamente accurato. DRAGEN gVCF Genotyper consente l'aggregazione da migliaia a milioni di file nel formato di identificazione di varianti del genoma (gVCF, genome Variant Call Format) e incorpora nuovi batch senza necessità di rielaborare i batch esistenti. La compressione ORA fa risparmiare sui costi di archiviazione.
6. **Con applicazioni di sequenziamento profondo.** L'analisi secondaria DRAGEN supporta l'analisi altamente efficiente dei dati di sequenziamento a elevata profondità per una copertura media pari a oltre 300× per i genomi e 1.000× per gli esomi. Le capacità di sequenziamento profondo sono preziose nelle applicazioni come la ricerca oncologica e gli studi sulle malattie genetiche rare.

Accessibilità da diverse piattaforme

Alla suite delle pipeline di DRAGEN si accede tramite soluzioni disponibili in laboratorio, integrate sullo strumento o sul cloud, così i laboratori possono scegliere quella che meglio soddisfa le loro esigenze ([Figura 3](#)).

Server DRAGEN in laboratorio

Il server DRAGEN in laboratorio si basa su una soluzione di archiviazione locale per raccogliere e memorizzare i dati di NGS. Le specifiche relative al server DRAGEN v4 sono elencate nella [Tabella 2](#). Una volta che i dati di sequenziamento non elaborati vengono trasferiti dallo strumento di sequenziamento all'archivio locale mediante una connessione di rete locale, il server DRAGEN vi accede per l'esecuzione del flusso di lavoro selezionato. Dopo l'analisi, il software scrive i file di output generati nella posizione di archiviazione locale. Il server DRAGEN in laboratorio:

- supporta la configurazione flessibile delle relative funzioni tramite un'interfaccia a riga di comando;
- sostituisce fino a 30 istanze di calcolo tradizionali;
- elabora i dati NGS per un intero genoma umano con una copertura pari a 40× in circa 35 minuti;
- supporta Illumina Connected Insights-Local, fornendo l'interpretazione delle varianti e la creazione di report per la ricerca clinica oncologica.

Tabella 2: specifiche del server DRAGEN v4

| Componente | Specifiche |
|------------------------|------------------------------------------------------------------|
| CPU | Dual Intel Xeon Gold 6226R 2,9 GHz, 16C/32T |
| Memoria di sistema | 512 GB DDR4 |
| Unità scratch | 2 × NVMe 7,68 TB |
| Unità SO | 2 × SSD 480 GB (RAID 1) |
| Accelerazione hardware | 1 × scheda FPGA |
| Fattore forma | 2U |
| Dimensioni | A 8,8 cm, L 43,8 cm P 76,4 cm |
| Alimentatore | Alimentatore ridondante doppio e sostituibile a caldo da 1.968 W |

DRAGEN incluso in NovaSeq X Series

NovaSeq X Series integra l'analisi secondaria DRAGEN, una soluzione accurata, automatizzata e ottimizzata pensata per gestire gli straordinari volumi di dati generati da NovaSeq X Series. La suite integrata di software DRAGEN offre le funzionalità di analisi secondaria e compressione ORA con le comuni applicazioni di NGS ([Tabella 1](#)). La suite DRAGEN integrata:

- esegue in parallelo diverse pipeline di analisi secondaria;
- include le pipeline di conversione BCL, linea germinale, somatica, arricchimento, RNA e metilazione;
- comprime i dati fino a 5 volte senza perdite, consentendo di risparmiare sui costi di archiviazione.

DRAGEN integrato in NextSeq™ 1000 System e NextSeq 2000 System

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System contano sull'integrazione del software DRAGEN per l'esecuzione accurata dell'analisi secondaria. Un'interfaccia grafica intuitiva consente a utenti esperti e non esperti l'accesso al software, l'esecuzione delle analisi necessarie e il recupero dei risultati in tempi rapidi. Il software DRAGEN integrato offre pipeline selezionate per coprire una serie di applicazioni comuni di NGS ([Tabella 1](#)) e include la pluripremiata analisi ML e la mappatura multigenomica per l'identificazione di varianti di alta qualità. La suite DRAGEN integrata:

- è più accurata di ogni altro sistema di sequenziamento da banco con analisi secondaria DRAGEN integrata;
- consente di accedere a pipeline informatiche di DRAGEN selezionate;
- consente agli utenti di generare risultati in appena due ore;
- utilizza algoritmi della pipeline intuitivi per ridurre la necessità di affidarsi a esperti informatici esterni.

DRAGEN integrato in MiSeq™ i100 Series

MiSeq i100 Series offre un'analisi intuitiva e ultrarapida, che include le pipeline DRAGEN BCL convert, DRAGEN Library QC, DRAGEN small WGS e DRAGEN Microbial Enrichment Plus. La suite DRAGEN integrata:

- fornisce risultati rapidi grazie all'analisi secondaria completa generata in due ore o meno[‡];
- include un flusso di lavoro altamente efficace con singolo punto di interazione per l'output VCF e/o la reportistica e nessun trasferimento di file intermedio;
- vanta un'interfaccia semplice e intuitiva per gli utenti non esperti.

[‡] Quando eseguita in base alle raccomandazioni per il campione.

BaseSpace Sequence Hub

La suite DRAGEN basata sul cloud è disponibile su BaseSpace Sequence Hub e combina l'analisi accurata ed efficiente con un ecosistema sicuro e scalabilità versatile. Il software DRAGEN su BaseSpace Sequence Hub semplifica l'analisi secondaria per i laboratori di tutte le dimensioni e discipline. BaseSpace Sequence Hub è un'estensione diretta degli strumenti di Illumina. I dati codificati vengono trasferiti dallo strumento a BaseSpace Sequence Hub e un set di applicazioni selezionate semplifica l'analisi e la gestione dei dati. BaseSpace Sequence Hub, basato su Amazon Web Services (AWS):

- offre una soluzione semplice e di facile utilizzo per l'analisi DRAGEN;
- utilizza un'interfaccia grafica utente intuitiva che consente a utenti esperti e non esperti di lavorare in modo efficiente;
- offre l'accesso a risorse di calcolo efficaci senza investimento di capitale per l'acquisto di infrastrutture aggiuntive.

Illumina Connected Analytics

Illumina Connected Analytics è una piattaforma di bioinformatica completa e basata sul cloud che consente ai ricercatori di gestire, analizzare e interpretare grandi volumi di dati multiomici in un ambiente sicuro, scalabile e flessibile. Su Illumina Connected Analytics è possibile accedere alla suite di analisi secondaria DRAGEN, sotto forma di pipeline preconfezionate o singoli strumenti da incorporare in pipeline personalizzate.

Riepilogo

L'analisi secondaria DRAGEN è una suite efficace di strumenti software che consente di analizzare i dati di NGS in modo accurato, esaustivo ed efficiente. I laboratori possono scegliere tra le diverse opzioni di distribuzione del software DRAGEN quella più adatta al tipo e alle dimensioni dei loro progetti. Inoltre, gli utenti sono liberi di combinare varie opzioni di distribuzione per soddisfare al meglio le proprie esigenze a livello di prestazioni e flusso di lavoro. Di pari passo con i continui progressi della tecnologia di NGS, gli aggiornamenti tempestivi apportati all'analisi secondaria DRAGEN assicurano le migliori prestazioni possibili delle pipeline attuali, mentre nuove pipeline continuano a essere aggiunte man mano che le applicazioni diventano disponibili.

Maggiori informazioni →

[Analisi secondaria DRAGEN](#)

[Pagina di supporto dell'analisi secondaria DRAGEN](#)

[Contatti](#)

Bibliografia

1. US Food and Drug Administration. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. precision.fda.gov/challenges/10/results. Consultato il 31 marzo 2025.
2. Illumina. DRAGEN sets new standard for data accuracy in PrecisionFDA benchmark data. Optimizing variant calling performance with Illumina machine learning and DRAGEN graph. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-shines-again-precisionfda-truth-challenge-v2.html. Pubblicato il 12 gennaio 2022. Consultato il 31 marzo 2025.
3. Illumina. 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. Pubblicato il 9 novembre 2020. Consultato il 31 marzo 2025.
4. Dati interni in archivio. Illumina, Inc., 2025.
5. Behera S, Catreux S, Rossi M, et al. **Comprehensive genome analysis and variant detection at scale using DRAGEN**. *Nat Biotechnol.* doi:10.1038/s41587-024-02382-1
6. BioIT World. Children's Hospital Of Philadelphia, Edico Set World Record For Secondary Analysis Speed. bio-itworld.com/news/2017/10/23/children-s-hospital-of-philadelphia-edicoset-world-record-for-secondary-analysis-speed. Pubblicato il 23 ottobre 2017. Consultato il 31 marzo 2025.
7. Sisson P. Rady Children's Institute sets Guinness world record. The San Diego Union-Tribune. sandiegouniontribune.com/2018/02/12/rady-childrens-institute-sets-guinness-world-record/. Pubblicato il 12 febbraio 2018. Consultato il 31 marzo 2025.
8. Betschart RO, Thiéry A, Aguilera-Garcia D, et al. **Comparison of calling pipelines for whole genome sequencing: an empirical study demonstrating the importance of mapping and alignment**. *Sci Rep.* 2022;12(1):21502. doi:10.1038/s41598-022-26181-3
9. Illumina. Accurate and Efficient Calling of Small and Large Variants from PopGen data sets Using the DRAGEN Bio-IT Platform. illumina.com/science/genomics-research/articles/popgen-variant-calling-with-dragen.html. Pubblicato il 24 maggio 2021. Consultato il 31 marzo 2025.



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

© 2025 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-GL-00680 ITA v12.0