

NextSeq™ 1000 & NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 솔루션

효율적인 엑솜 분석 및
정확한 변이 검출을 지원하는
통합 워크플로우

- 코딩 영역에 대한 매우 균일한 커버리지를 제공하는 간소화된 라이브러리 준비 및 엑솜 인리치먼트 옵션
- 뛰어난 품질의 데이터를 생성하는 연구 규모에 맞게 유연한 조정이 가능한 벤치탑 시퀀싱 시스템
- 수상을 통해 흔한 변이 및 희귀 체세포 변이 검출 성능이 입증된 온보드 데이터 분석 파이프라인

소개

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱(exome sequencing) 솔루션은 유전체(genome)의 단백질 코딩 영역(protein-coding region) 연구를 지원하기 위해 DNA 라이브러리 준비부터 데이터 분석까지의 전 단계를 아우르는 간소한 워크플로우를 지원합니다. 이 솔루션에는 뛰어난 데이터 품질을 제공하기 위해 업계를 선도하는 Illumina의 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) 기술, sequencing by synthesis(SBS) chemistry를 최적화한 새로운 XLEAP-SBS™ chemistry가 적용되었습니다. 이처럼 정확도가 높은 엑솜 커버리지는 집단유전학(population genetics) 연구, 유전 질환 연구, 암 연구 등 광범위한 연구 분야에서 진 코딩 변이(true coding variant)의 확인에 유용합니다. 이 통합 워크플로우는 간소화된 라이브러리 준비와 엑솜 인리치먼트(enrichment) 단계, 버튼만 누르면 되는 간편한 시퀀싱 단계 그리고 빠르고 정확한 데이터 분석 단계로 구성되어 있습니다(그림 1). NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 솔루션은 최소한의 수작업 시간만을 요구하는 매우 유연하고 효율적인 엑솜 연구 방법입니다.

간단하고 효율적인 워크플로우

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 솔루션은 간소화된 통합 워크플로우를 제공하여 연구자가 생산성을 최대한 높일 수 있도록 해 줍니다. 이 워크플로우는 Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment*와 같은 라이브러리 프랩

* 키트에는 Illumina DNA Prep with Enrichment와 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel이 포함되어 있음.



그림 2: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템 — XLEAP-SBS chemistry를 활용해 간소해진 시퀀싱 워크플로우를 제공하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

키트를 사용하는 라이브러리 준비 및 엑솜 인리치먼트 단계로 시작됩니다. 그다음은 준비된 라이브러리를 플로우 셀에 로딩한 후 NextSeq 1000 또는 NextSeq 2000 시스템에서 시퀀싱하는 단계입니다(그림 2). NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 연구자가 필요에 따라 엑솜 연구의 규모를 조정할 수 있도록 다양한 시퀀싱 플로우 셀 구성을 제공하고 있습니다. 마지막으로 정렬(alignment) 및 변이 검출(variant calling)을 포함하는 데이터 분석 단계는 간편하게 기기에서나, BaseSpace™ Sequence Hub 또는 Illumina Connected Analytics를 통해 클라우드 환경에서 DRAGEN™ Enrichment 파이프라인으로 진행합니다.

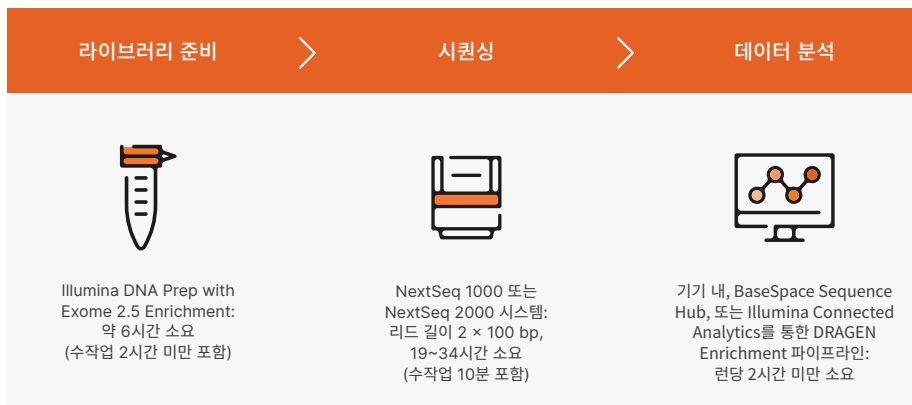


그림 1: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 워크플로우 — 매우 정확한 엑솜 시퀀싱 데이터를 제공하는 간소화된 통합 NGS 워크플로우의 한 구성 요소인 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템. 단계별 소요 시간은 실험 및 assay 종류에 따라 상이함.

간소화된 라이브러리 준비 및 엑솜 인리치먼트 옵션

Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 Illumina의 비드 결합 트랜스포좀(bead-linked transposome, BLT) chemistry를 사용한 신속한 라이브러리 준비 단계와 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel을 사용한 엑솜 인리치먼트 단계를 하나의 단계로 통합한 키트입니다. 10 ng만 사용해도 포괄적인 엑솜 커버리지를 제공하는 Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 랩의 소중한 DNA 샘플을 절약하면서도 분석 시 높은 커버리지 균일성(coverage uniformity)과 인리치먼트 비율을 확보해 줍니다. 또한 저빈도 변이를 높은 민감도로 검출하므로 랩에서 진 코딩 변이와 희귀 체세포(somatic) 변이를 식별할 수 있습니다.

온비드 태그멘테이션(On-bead tagmentation) 기술이 적용되어 있어 DNA 절편화(fragmentation)를 위한 물리적 절단(shearing) 과정이 필요하지 않으므로 2시간 미만의 짧은 수작업 시간을 포함해 약 6시간이 소요되는 간소한 워크플로우를 제공합니다. 한편 연구자는 Illumina DNA Prep with Enrichment와 다른 엑솜 패널을 함께 사용해도 이러한 간소한 워크플로우와 우수한 데이터 품질을 경험할 수 있습니다. 이 경우 Agilent, Twist Bioscience, Integrated DNA Technologies(IDT) 등 다양한 업체의 패널 콘텐츠를 선택해 볼 수 있습니다(표 1).

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 엑솜 시퀀싱 워크플로우를 간소화할 수 있는 역량과 유연성을 갖추고 있습니다. 또 위시가 필요하지 않아 시스템 로딩 및 시작에 10분이 채 걸리지 않습니다. NextSeq 2000 시스템에서 P4 시약을 사용하고 100 bp 길이의 페어드 엔드 리드(paired-end read)를 선택하면 약 45개의 샘플을 약 34시간 안에 시퀀싱할 수 있습니다.[†]

또한 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 Illumina 및 타사의 다양한 라이브러리 프랩 키트와 호환 가능하며 유연한 애플리케이션 간 전환을 지원합니다. 연구자는 엑솜 시퀀싱, 벌크 시퀀싱(bulk sequencing), 단일세포 RNA 시퀀싱(single-cell RNA sequencing, scRNA-Seq) 등 프로젝트 간 손쉽게 전환할 수 있으므로 엑솜 시퀀싱과 전사체(transcriptome) 시퀀싱을 수행하여 식별된 변이가 전사물(transcript)의 발현에 영향을 주는지 등을 확인해 볼 수 있습니다.

[†] 처리량은 엑솜 패널의 크기와 사용하는 라이브러리 프랩 키트 등 여러 요인에 따라 상이할 수 있음.

표 1: 엑솜 패널 사양

패널 특징 ^a	Illumina Exome 2.5 Panel ^b	Agilent	Twist	IDT
패널 크기	37.5 Mb	36 Mb	33 Mb	39 Mb
프로브 크기	120 bp	N/A	120 bp	120 bp
프로브 종류	dsDNA	RNA	dsDNA	ssDNA
인리치먼트 (Hyb) 시간	1.5시간	16시간	1.5시간	1.5~16시간
엑솜 패널 설계에 사용되는 데이터베이스 ^c				
RefSeq ¹	99.1%	99.88%	99.08%	99.45%
GENCODE ²	98.02%	97.29%	96.01%	96.82%
CCDS ³	99.90%	99.91%	99.76%	99.67%
UCSC Known Genes ⁴	99.89%	98.72%	97.63%	98.13%
ClinVar ⁵	98.60%	73.41%	72.56%	72.90%

a. 패널 크기 = 타겟 영역의 전체 시퀀싱 길이; 프로브 크기 = 인리치먼트 하이브리드화(hybridization, Hyb) 프로브의 길이, 프로브 종류 = 프로브 올리고뉴클레오티드(oligonucleotide)는 RNA, DNA, 단일 가닥(single stranded, ss) 또는 이중 가닥(double stranded, ds)일 수 있음.
 b. Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel
 c. 각 엑솜 패널이 커버하는 데이터베이스의 %를 의미함.

Illumina는 여러 시퀀싱 애플리케이션을 통해 발견된 변이를 검증할 수 있는 다양한 맞춤형 Illumina 표적 재시퀀싱(targeted resequencing) 솔루션도 제공하고 있습니다.

'진 코딩 변이' 검출 지원

진 코딩 변이란 코딩 영역 내 공통 시퀀스(consensus sequence)와는 다른 정확한 베이스 콜(base call)을 의미합니다. 진 코딩 변이는 위양성(false positive; 변이가 검출되었지만 실제로는 존재하지 않는 경우)이나 위음성(false negative; 변이가 실제로는 존재하지만 검출되지 않은 경우)이 아닙니다. 시스템의 위양성 콜 비율이 높으면 광범위한 후속 검증이 필요하기 때문에 더 많은 비용과 실험 시간이 들게 됩니다. 반면 시스템의 위양성 콜 비율이 높으면 대체로 매우 반복적인 영역이나 동종중합체 스트레치(homopolymer stretch)가 포함되어 있는 영역에서는 중요한 정보를 검출하지 못할 수 있습니다. 진 코딩 변이의 검출은 높은 품질의 라이브러리 준비 및 인리치먼트 옵션과 높은 시퀀싱 및 2차 분석 정확도가 뒷받침되어야 합니다.

XLEAP-SBS chemistry를 통한 새로운 발견

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에는 현재까지 가장 빠르고 우수한 품질의 강력한 Illumina 시퀀싱 chemistry인 XLEAP-SBS chemistry가 적용되었습니다. XLEAP-SBS chemistry가 적용된 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 Illumina의 벤치탑 시퀀싱 시스템 중 리드당 가장 적은 비용이 들고 가장 많은 수의 리드를 생성합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 2 × 100 bp에서 90% 이상의 염기(base)가 Q30을 넘는 정확도를 보이며[‡](표 2), 분석이 매우 까다로운 영역(예: GC가 풍부한 영역 또는 동종중합체)에서도 높은 정확도를 확보해 주어 높은 비율로 진 코딩 변이를 검출할 수 있습니다. 낮은 위양성률과 낮은 위음성률은 후속 검증에 소요되는 시간과 비용을 크게 줄여줍니다. 이처럼 뛰어난 데이터 품질을 제공하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 포괄적인 엑솜 시퀀싱 연구에 적합합니다.

입증된 Illumina의 NGS 기술을 활용하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 연구자가 다양한 시스템을 통해 생성된 데이터를 비교하거나 통합할 수 있도록 해 줍니다. 예를 들어, 연구자는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 생성한 엑솜 시퀀싱 데이터를 표적 패널을 사용해 진행한 후속 연구와 통합하거나, NovaSeq™ X 시리즈를 이용한 대규모 엑솜 시퀀싱 연구를 통해 얻은 데이터와 통합해 볼 수 있습니다(표 3).

‡ Q30 = 베이스 콜 1,000개 중 오류가 1회 발생함(즉 99.9%의 정확도).

DRAGEN Secondary Analysis를 통한 분석의 간소화

랩에서는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 내장된 Illumina의 DRAGEN Secondary Analysis가 제공하는 정확하고 포괄적이며 효율적인 데이터 분석 파이프라인을 통해 엑솜 시퀀싱 데이터를 분석할 수 있습니다.[§] 이미 precisionFDA Truth Challenge V2 수상을 통해 성능이 입증된 DRAGEN 인포매틱스(informatics) 솔루션[¶]은 최적화된 하드웨어 가속 알고리즘(hardware accelerated algorithm)을 채택해 사용자가 데이터를 분석하는 과정에서 발생할 수 있는 병목 현상을 해결해 주고 외부 인포매틱스 전문가에 대한 의존성을 낮출 수 있도록 도와줍니다.

DRAGEN Enrichment 파이프라인은 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에서 생성된 데이터를 분석해 시퀀싱 런(run)이 끝나고 2시간 이내에 정확하게 변이를 검출합니다(그림 3). DRAGEN Enrichment 파이프라인은 업계를 선도하는 매핑(mapping) 및 작은 변이 검출(small variant calling)

§ DRAGEN 하드웨어는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 내장되어 있음. DRAGEN 라이선스는 기기에 포함되어 있으므로 별도 구매가 필요하지 않음.

¶ DRAGEN Secondary Analysis는 2020년 precisionFDA Truth Challenge V2에서 Illumina 시퀀싱 데이터 Difficult-to-Map Regions 부문과 All Benchmark Regions 부문의 Best Performance 상을 수상함.^{7,8}

표 2: 엑솜 시퀀싱 연구 시 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 성능 파라미터

	싱글 엔드 리드 수 ^a	리드 길이	데이터 아웃풋 ^a	런 타임 ^b	데이터 품질 ^c
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS 시약	100M 개	2 × 150 bp	30 Gb	17시간	Q30 이상 염기 ≥ 90%
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS 시약	400M 개	2 × 100 bp	80 Gb	19시간	
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS 시약 ^d	1.2B 개	2 × 100 bp	240 Gb	31시간	
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS 시약 ^d	1.8B 개	2 × 100 bp	360 Gb	34시간	

a. 데이터 아웃풋은 공식적으로 권장되는 클러스터 밀도(cluster density)에서 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 한 개의 플로우 셀로 얻은 수치를 근거로 함.
 b. 런 타임에는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 수행한 클러스터 생성, 시퀀싱, 베이스 콜링(base calling) 시간이 포함됨.
 c. Q-Score(Quality score, 품질 점수)는 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 얻은 수치를 근거로 함. 성능은 라이브러리의 종류와 품질, 삽입 크기, 로딩 농도, 기타 실험 요인에 따라 상이할 수 있음. 전체 런에 걸쳐 > Q30인 염기의 백분율의 평균을 산출한 값.
 d. P3 및 P4는 NextSeq 2000 시스템에서만 사용이 가능함.

정확도를 제공하며, Germline Mode와 Somatic Mode를 지원합니다.⁶⁻⁸ 온보드 DRAGEN Enrichment 앱을 통해 런 계획 단계에서 분석을 설정할 수 있어, 샘플 처리 단계부터 데이터 분석 결과 보고 단계까지 전체 워크플로우가 간소화됩니다. BaseSpace Sequence Hub 및 Illumina Connected Analytics를 통해 실행되는 DRAGEN Enrichment 앱은 초보자와 숙련된 사용자 모두에게 적합한 직관적인 인터페이스를 통해 진보된 분석 결과 시각화 및 표 정렬 기능을 제공합니다.

DRAGEN Enrichment 파이프라인이 생성하는 데이터는 BaseSpace Sequence Hub 및 Illumina Connected Analytics의 다양한 후속 분석 도구에 바로 업로드해 사용할 수 있습니다. DRAGEN 분석 이외에도 두 클라우드 솔루션은 다양한 데이터 시각화, 분석 및 공유 도구를 제공하며 지속적으로 새로운 소프트웨어를 추가하고 있습니다.

Illumina의 포괄적인 기술 지원

Illumina는 라이브러리 준비, 시퀀싱, 분석에 전문성을 갖춘 숙련된 과학자들로 구성된 세계적인 수준의 지원팀을 운영하고 있습니다. Illumina의 전담 지원팀은 NGS와 전 세계 Illumina의 고객이 실행하는 애플리케이션스 대한 이해력이 높고 뛰어난 자격을 갖춘 필드 서비스 엔지니어(field service engineer, FSE), 테크니컬 애플리케이션스 사이언티스트(technical applications scientist, TAS), 필드 애플리케이션스 사이언티스트(field applications scientist, FAS), 시스템 서포트 엔지니어, 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문가 및 IT 네트워크 전문가로 이루어져 있습니다. 기술 지원의 경우 전 세계적으로 전화 서비스는 주 5일, 온라인 서비스는 연중무휴 다국어로 제공되고 있습니다.

Illumina는 우수한 서비스와 지원을 제공하여 사용자가 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템을 최대한 효율적으로 이용하고, 신입 직원을 교육하며, 최신 기술과 모범 사례를 배울 수 있도록 돕습니다.

표 3: Illumina 시퀀싱 시스템의 엑솜 시퀀싱 처리량

시퀀싱 시스템	시퀀싱 시약	런당 엑솜 수 ^a
NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템	P1 (300 cycles)	약 2개
	P2 (200 cycles)	10개
	P3 ^b (200 cycles)	30개
	P4 ^b (200 cycles)	45개
NovaSeq X 시리즈 ^c	1.5B (200 cycles)	약 41개
	10B (200 cycles)	약 250개
	25B (300 cycles)	약 750개 ^d

- a. 100x 커버리지 달성을 위해 샘플당 약 8 Gb의 데이터가 생성되는 것으로 가정해 얻은 수치이며, 처리량은 엑솜 패널의 크기와 사용하는 라이브러리 프랩 키트 등 여러 요인에 따라 상이할 수 있음.
- b. P3 및 P4는 NextSeq 2000 시스템에서만 사용이 가능함.
- c. NovaSeq X Plus 시스템은 싱글 플로우 셀 런(single flow cell run) 및 듀얼 플로우 셀 런(dual flow cell run)을 모두 지원함. NovaSeq X 시스템은 싱글 플로우 셀 런만 지원함.
- d. 최대 384개의 고유한 듀얼 인덱스(unique dual index, UDI)의 사용이 가능함. NovaSeq X 시리즈는 개별 레인(lane) 로딩을 지원하므로 더 많은 샘플의 멀티플렉싱(multiplexing)이 가능함.

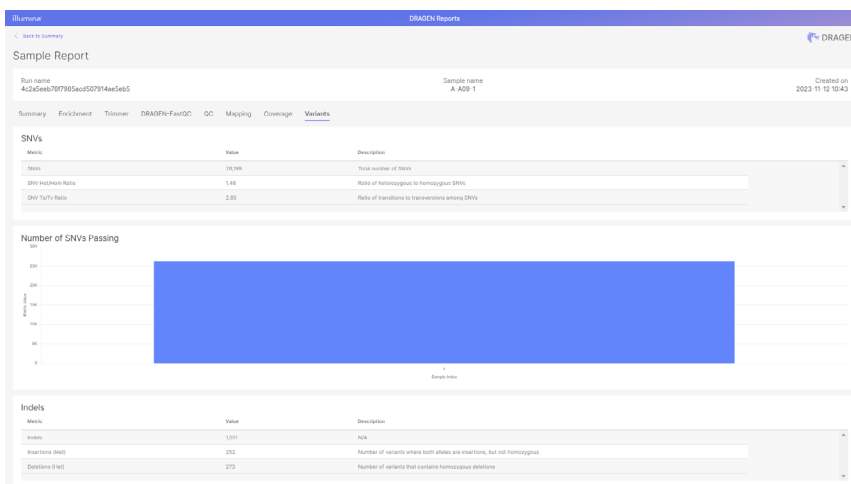


그림 3: DRAGEN Enrichment 파이프라인 — NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템 내에서나 BaseSpace Sequence Hub 또는 Illumina Connected Analytics를 통해 클라우드 환경에서 사용할 수 있는 DRAGEN Enrichment 파이프라인은 스크린샷 예시와 같이 업계를 선도하는 매핑 및 작은 변이 검출 정확도를 보여 줌.

요약

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 솔루션은 코딩 영역의 변이 식별에 사용할 수 있는 연구 규모에 맞게 조정 가능한 통합 워크플로우를 제공합니다. 또한 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 엑솜 시퀀싱 솔루션은 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템의 역량, 속도 및 유연성과 매우 강력한 XLEAP-SBS chemistry, 높은 품질의 라이브러리 준비 및 인리치먼트 옵션, 빠르고 사용이 용이한 분석 소프트웨어를 하나로 결합했습니다.

상세 정보

[엑솜 시퀀싱](#)

[Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment](#)

[NextSeq 1000 & NextSeq 2000 시퀀싱 시스템](#)

[DRAGEN Secondary Analysis](#)

[BaseSpace Sequence Hub 데모 데이터](#)

참고 문헌

1. NIH National Library of Medicine. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database. ncbi.nlm.nih.gov/refseq. Updated July 18, 2023. Accessed August 25, 2023.
2. The GENCODE Project. GENCODE: Encyclopedia of genes and gene variants. gencodegenes.org/. Accessed August 25, 2023.
3. NCBI website. Consensus coding sequences (CCDS) Database. ncbi.nlm.nih.gov/projects/CCDS/CcidsBrowse.cgi. Updated November 9, 2022. Accessed August 25, 2023.
4. University of California, Santa Cruz Genome Browser. UCSC Known Genes. genome.ucsc.edu/. Updated August 18, 2023. Accessed August 25, 2023.
5. NIH National Library of Medicine. ClinVar Database. ncbi.nlm.nih.gov/clinvar. Updated August 28, 2023. Accessed August 28, 2023.
6. Illumina. [Accuracy improvements in germline small variant calling with the DRAGEN Platform](#). Accessed August 25, 2023.
7. PrecisionFDA website. Truth Challenge V2: Calling variants from short and long reads in difficult-to-map regions. precision.fda.gov/challenges/10. Accessed August 25, 2023.
8. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN Wins at Precision-FDA Truth Challenge V2 Showcase Accuracy Gains from Alt-aware Mapping and Graph Reference Genomes. illumina.com/science/genomics-research/dragen-wins-precisionfda-challenge-showcase-accuracy-gains.html. Accessed August 25, 2023.

제품 목록

제품명	카탈로그 번호
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a,b}	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a,b}	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^{a,b}	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a,b}	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^{a,b}	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a,b}	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^{a,b}	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^{a,b}	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^{a,b}	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^{a,b}	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993

제품명	카탈로그 번호
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment, (S) Tagmentation Set B (96 samples, 12-plex) ^c	20077595
Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment, (S) Tagmentation Set D (96 samples, 12-plex) ^c	20077596
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (16 samples)	20025523
Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (96 samples)	20025524
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091660

a. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 사용되는 XLEAP-SBS Reagent Kit는 표준 SBS Reagent Kit와 동일한 온도로 배송 및 보관됨.
b. 키트에는 Illumina DNA Prep with Enrichment와 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel이 포함되어 있음.
c. 키트에는 Illumina DNA Prep with Enrichment와 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel이 포함되어 있음.



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

© 2024 Illumina, Inc. All rights reserved.
 모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
 특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
 M-GL-00479 v4.0 KOR