

Hochpräzises Next-Generation Sequencing mit der NovaSeq™ X Series

XLEAP-SBS™-Chemie für
herausragende Datenqualität
bei Hochdurchsatzanwendungen
in der Genomik

- Genomsequenzierung
- Exomsequenzierung
- Transkriptom-Sequenzierung
- Genommethylierungssequenzierung
- Einzelzell-Multiomiksequenzierung

illumina®

Einleitung

Dank ihrer fortschrittlichen Technologie ermöglichen das NovaSeq X System und das NovaSeq X Plus System einen höheren Durchsatz sowie eine höhere Produktivität, die die Hochdurchsatz-Sequenzierung wesentlich günstiger machen. Fortschrittliche Chemie, ultrahochoflösende Optik, integrierte Sekundäranalyse und einfache Bedienung machen die Geräte der NovaSeq X Series zu unseren leistungsstärksten und kostengünstigsten Sequenziersystemen.

Die NovaSeq X Series nutzt XLEAP-SBS-Chemie – eine schnellere, hochwertigere und robustere Weiterentwicklung der bewährten SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) von Illumina. XLEAP-SBS-Reagenzien sind auf Leistung und Geschwindigkeit optimiert, wodurch sie einen maximalen Durchsatz ermöglichen, ohne dass Anwender Abstriche bei der gewohnten hohen Datenqualität hinnehmen müssen.

In diesem Anwendungshinweis wird dargestellt, dass die NovaSeq X Series eine Datenqualität liefert, die bei wichtigen Methoden wie Genomsequenzierung, Exomsequenzierung, Transkriptom-Sequenzierung, Methylierungssequenzierung und Einzelzellmultiomik der Datenqualität des NovaSeq 6000 System entspricht bzw. diese übertrifft.

Methoden

Genomsequenzierung

Die Genombibliotheken wurden aus genomischer DNA (gDNA) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) mit dem TruSeq™ PCR-Free Prep Kit (Illumina, Katalog-Nr. 20015963) vorbereitet.

Die Sequenzierung wurde auf dem NovaSeq X Plus System mit dem NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (Illumina, Katalog-Nr. 20085594) unter Verwendung der Laufkonfiguration mit 2 × 151 bp (42 Proben über mehrere Läufe) durchgeführt. Zum Vergleich wurden dieselben Bibliotheken auch auf dem NovaSeq 6000 System mit dem NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (Illumina, Katalog-Nr. 20028312) unter Verwendung einer Laufkonfiguration mit 2 × 151 bp (24 Proben in einem Lauf) sequenziert.

Die Sekundärdatenanalyse wurde mit dem DRAGEN™ Germline Pipeline v4.1-Workflow in der Cloud durchgeführt. Bei den Sequenzierungsdaten erfolgte ein Downsampling auf 30-fache Coverage, damit die Leistung des NovaSeq X Plus System und des NovaSeq 6000 System beim Varianten-Calling verglichen werden konnte.

Exomsequenzierung

Die Exombibliotheken wurden aus genomischer DNA (gDNA) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) unter Verwendung von Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (Illumina, Katalog-Nr. 2002554) vorbereitet, um die vom Twist Comprehensive Exome Panel (Twist Bioscience, Katalog-Nr. 102033) untersuchten Regionen zu erfassen.

Die Sequenzierung wurde auf dem NovaSeq X Plus System mit dem NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) unter Verwendung der Laufkonfiguration mit 2 × 101 bp (753 Proben über mehrere Läufe) durchgeführt. Zum Vergleich wurden dieselben Bibliotheken auch auf dem NovaSeq 6000 System mit dem NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) unter Verwendung einer Laufkonfiguration mit 2 × 101 bp (48 Proben in einer einzelnen Lane) sequenziert.

Die Sekundärdatenanalyse wurde mit dem DRAGEN Enrichment Pipeline v4.0.3-Workflow in der Cloud durchgeführt. Die Genauigkeit des Varianten-Callings wurde anhand von Vergleichsdaten (Genome In A Bottle (GIAB) v3.3.2) und des hg19-alt-aware-Referenzgenoms ermittelt.^{1,2} Bei den Sequenzierungsdaten erfolgte ein Downsampling auf 30 Mio. Read-Paare pro Probe, sodass die Leistung des NovaSeq X Plus System und des NovaSeq 6000 System beim Varianten-Calling verglichen werden konnte.

Transkriptom-Sequenzierung

Die gesamten RNA- und Messenger-RNA (mRNA)-Bibliotheken wurden aus Leukämiezelllinien-RNA vorbereitet: HL-60 (Thermo Fisher Scientific, Katalog-Nr. AM7836), K562 (BioChain, Katalog-Nr. R1255820-50) sowie Brustkrebszelllinien-RNA: MCF7 (BioChain, Katalog-Nr. R1255830-50) mit Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus (Illumina, Katalog-Nr. 20040529) und Illumina Stranded mRNA Prep (Illumina, Katalog-Nr. 20040534).

Die Sequenzierung wurde auf dem NovaSeq X Plus System mit dem NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) unter Verwendung einer Laufkonfiguration mit 2×75 bp und eines anwendungsspezifischen Dunkelzyklus-Rezepts durchgeführt, um einen Überhang der ersten T-Base aus der Bibliotheksvorbereitung zu vermeiden.³ Die Sequenzierung wurde über mehrere Läufe durchgeführt und umfasste 573 Proben für die Gesamt-RNA-Seq und 2.304 Proben für die mRNA-Seq. Zum Vergleich wurden dieselben Bibliotheken auch auf dem NovaSeq 6000 System mit dem NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles) (Illumina, Katalog-Nr. 20028315) unter Verwendung einer Laufkonfiguration mit 2×76 bp sequenziert. Sowohl bei der Gesamt-RNA-Seq als auch bei der mRNA-Seq wurden 96 Proben in einer einzigen Lane analysiert.

Die Sekundärdatenanalyse wurde mit dem DRAGEN RNA Pipeline v4.1-Workflow in der Cloud durchgeführt. Bei den Sequenzierungsdaten erfolgte zum Vergleich der Genexpressionsdaten ein Downsampling auf 10 Mio. Reads. Die Daten wurden mit Genome Reference Consortium Human GRCh38 (h38 assembly) abgeglichen.²

Genommethylierungssequenzierung

Die Methylierungsbibliotheken wurden aus Replikaten eines entsprechenden Satzes an Gehirn- und Milz-Humanproben (Zymo Research, Katalog-Nr. D5018) (acht Replikate für das NovaSeq X Plus System und fünf Replikate für das NovaSeq 6000 System) mit dem Zymo-Seq WGBS Library Kit (Zymo Research, Katalog-Nr. D5465) in Kombination mit dem Illumina DNA Prep Library Prep Kit (Illumina, Katalog-Nr. 20060059) vorbereitet.⁴ Die unmethylierte *E. coli*-Kontrollprobe erhielt ein Spike-in von 0,25 % zur Bestimmung der Effizienz der Zytosin-Umwandlung, die auf über 99,5 % geschätzt wurde.

Die Sequenzierung wurde auf dem NovaSeq X Plus System mit dem NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) unter Verwendung der Laufkonfiguration mit 2×151 bp (16 Proben in einem Lauf) durchgeführt. Zum Vergleich wurden Bibliotheken auch auf dem NovaSeq 6000 System mit dem NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) unter Verwendung einer Laufkonfiguration mit 2×151 bp (10 Proben in einem Lauf) sequenziert.

Die Methylierungsanalyse wurde mit dem DRAGEN Methylation Pipeline-Workflow in der Cloud durchgeführt. Bei den Sequenzierungsdaten erfolgte zur nachgeschalteten Analyse ein Downsampling auf 500 Mio. Reads pro Probe.

Einzelzell-Multiomik

Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression gibt Werte für die Genexpression sowie die epigenetischen Signaturen auf Ebene einzelner Zellen gemeinsam aus. Proben für die Einzelzell-RNA-Sequenzierung (scRNA-Seq, single-cell RNA Sequencing) und den Einzelzell-Assay für transposasezugängliches Chromatin (scATAC-Seq) wurden gemeinsam aus kryokonservierten humanen peripheren mononukleären Blutzellen (PBMCs, Peripheral Blood Mononuclear Cells) eines gesunden männlichen Spenders (< 35 Jahre) von AllCells vorbereitet. Die Zellkerne wurden isoliert, wie in 10x Genomics Demonstrated Protocol-Nuclei Isolation for Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Sequencing (CG000365 Rev A) erläutert. Gepaarte scRNA-Seq- und scATAC-Seq-Bibliotheken wurden aus den isolierten Zellkernen generiert, wie im Benutzerhandbuch zu Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression (CG000338 Rev B) erläutert.

Die Sequenzierung wurde auf dem NovaSeq X Plus System mit dem NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (80 Replikate pro Lauf) durchgeführt. Zum Vergleich wurden dieselben Bibliotheken auch auf dem NovaSeq 6000 System mit dem NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (10 Replikate in einem Lauf) sequenziert. Die Laufkonfigurationen erfolgten gemäß den Parametern von 10x Genomics: Read 1 mit 28 Zyklen, i7- und i5-Index-Reads mit 10 Zyklen und Read 2 mit 90 Zyklen für Multiomik-scRNA-Seq-Bibliotheken; Read 1 mit 50 Zyklen, i7-Index-Read mit 8 Zyklen, i5-Index-Read mit 24 Zyklen und Read 2 mit 49 Zyklen für Multiomik-scATAC-Seq-Bibliotheken.

Die Datenanalyse wurde mit der Cell Ranger ARC Analysis Pipeline v2.0 (10x Genomics) durchgeführt, um die Anzahl der Transkripte und Chromatin-Zugänglichkeitspeaks in Einzelzellen zu bestimmen.

Ergebnisse

Das NovaSeq X Plus System ermöglicht gegenüber dem NovaSeq 6000 System erhebliche Durchsatzsteigerungen. Die NovaSeq X 10B-Fließzelle und die NovaSeq 6000 S4-Fließzelle können beide bis zu 3 Tb Sequenzdaten (2 × 150 bp) pro Fließzelle ausgeben. Die NovaSeq X Series benötigt jedoch nur etwa die Hälfte der Laufzeit des NovaSeq 6000 System (Tabelle 1).

Tabelle 1: Vergleichbare Sequenzierungsausgabe bei signifikant kürzeren Laufzeiten

Metrik	NovaSeq 6000 S4-Fließzelle	NovaSeq X Plus 10B-Fließzelle
Ausgabe pro Lauf (2 × 100 bp)	1,6–4 Tb	ca. 2–4 Tb
Laufzeit (2 × 100 bp)	ca. 36 h	ca. 22 h
Ausgabe pro Lauf (2 × 150 bp)	2,4–6 Tb	ca. 3–6 Tb
Laufzeit (2 × 150 bp)	ca. 44 h	ca. 24 h

Genomsequenzierung

Die Analysemetriken für die Genomsequenzierung (WGS, Whole-Genome Sequencing) wurden ausgewertet, einschließlich Präzision und Recall für Einzelnukleotid-Varianten (SNVs, Single-Nucleotide Variants) und Insertionen-Deletionen (Indels). Sowohl das NovaSeq X Plus System als auch das NovaSeq 6000 System lieferten eine hohe Datenqualität und ein hochgenaues Varianten-Calling (Tabelle 2, Tabelle 3). Diese Daten zeigen, dass die WGS-Ergebnisse der NovaSeq X Series der Leistung des NovaSeq 6000 System entsprechen bzw. diese übertreffen.

Tabelle 2: Sequenzierungslaufmetriken für WGS

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Basen Read 1 ≥ Q30	92,17 %	95,89 %
Basen Read 2 ≥ Q30	89,60 %	94,30 %
Fehlerrate Read 1	0,25 %	0,15 %
Fehlerrate Read 2	0,24 %	0,23 %

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprechen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

Tabelle 3: Sekundäranalysemetriken für WGS

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Build-Tiefe	30×	30×
Autosomen-Coverage	31×	31×
Gesamt-SNPs	3.041.268	3.041.454
Het-Hom-Verhältnis	1,59	1,60
Ti-Tv-Verhältnis	1,99	1,98
SNP-Präzision	99,95 %	99,95 %
SNP-Recall	99,95 %	99,96 %
Indel-Präzision	99,64 %	99,60 %
Indel-Recall	99,61 %	99,57 %
Nicht übereinstimmende Basen Read 1	0,48 %	0,36 %
Nicht übereinstimmende Basen Read 2	0,61 %	0,43 %
Probenanzahl (gemittelt)	24	42

Exomsequenzierung

Die Primär- und Sekundäranalysemetriken für die Exomsequenzierung (WES, Whole-Exome Sequencing) wurden ausgewertet, darunter Qualitäts-Scores, Fehlerrate, Autosomen-Callfähigkeit, alignierte Reads (%), Coverage-Einheitlichkeit sowie Präzision und Recall für SNVs und Indels. Sowohl das NovaSeq X Plus System als auch das NovaSeq 6000 System lieferten eine hohe Datenqualität und ein hochgenaues Varianten-Calling (Tabelle 4, Tabelle 5). Diese Daten zeigen, dass die WES-Ergebnisse der NovaSeq X Series der Leistung des NovaSeq 6000 System entsprechen.

Tabelle 4: Sequenzierungslaufmetriken für WES^a

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration	2 × 101 bp	2 × 101 bp
Basen Read 1 ≥ Q30	92,06 %	96,63 %
Basen Read 2 ≥ Q30	90,96 %	96,24 %
Fehlerrate Read 1	n. z. ^b	0,10 %
Fehlerrate Read 2	n. z. ^b	0,21 %

a. Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprachen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

b. Bei diesen NovaSeq 6000-Läufen wurde keine PhiX-Kontrolle durchgeführt, daher werden keine Fehlerraten angegeben.

Tabelle 5: Sekundäranalysemetriken für WES

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Callfähigkeit bei Autosomen	97,49 %	97,53 %
Alignierte Reads	99,28 %	99,11 %
Coverage-Einheitlichkeit	97,17 %	97,29 %
SNP-Präzision	99,77 %	99,77 %
SNP-Recall	98,20 %	98,30 %
Indel-Präzision	97,57 %	97,36 %
Indel-Recall	88,53 %	89,05 %
Probenanzahl (gemittelt)	48	753

Transkriptom-Sequenzierung

Sowohl das NovaSeq X Plus System als auch das NovaSeq 6000 System übertrafen die veröffentlichten Spezifikationen für die Datenqualität der Gesamt-RNA-Seq (Tabelle 6) und der mRNA-Seq (Tabelle 7). Bei der Quantifizierung der Transkripte ergab sich eine herausragende Übereinstimmung zwischen den beiden Plattformen ($R^2 > 0,99$) für die Gesamt-RNA-Seq (Abbildung 1) und die mRNA-Seq (Abbildung 2). Diese Daten belegen, dass die NovaSeq X Series bei der Transkriptom-Sequenzierung eine Datenqualität liefert, die derjenigen des NovaSeq 6000 System entspricht bzw. diese übertrifft.

Tabelle 6: Sequenzierungslaufmetriken für die Gesamt-RNA-Seq

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Basen Read 1 ≥ Q30	91,83 %	96,82 %
Basen Read 2 ≥ Q30	90,52 %	96,37 %
Fehlerrate Read 1	0,44 %	0,07 %
Fehlerrate Read 2	1,17 %	0,15 %
Probenanzahl (gemittelt)	96	573

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprachen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

Tabelle 7: Sequenzierungslaufmetriken für die mRNA-Seq

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Basen Read 1 ≥ Q30	91,47 %	96,03 %
Basen Read 2 ≥ Q30	89,92 %	95,65 %
Fehlerrate Read 1	0,74 %	0,09 %
Fehlerrate Read 2	1,32 %	0,16 %
Probenanzahl (gemittelt)	96	2.304

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprachen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

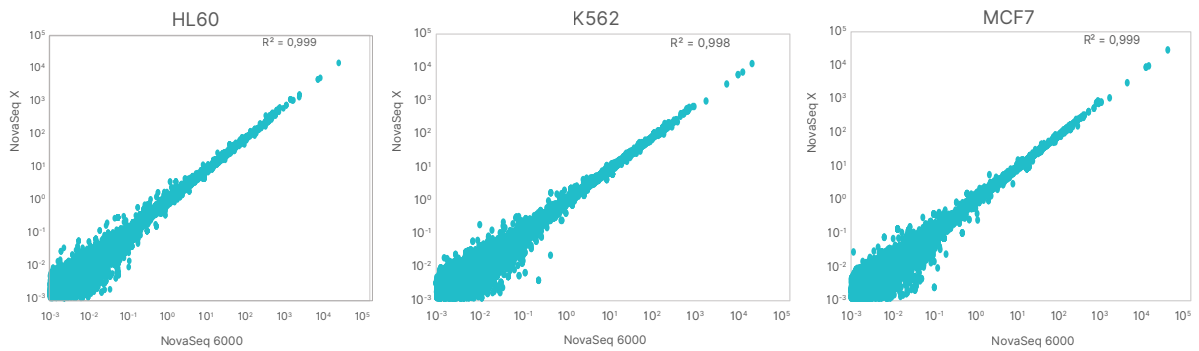


Abbildung 1: Transkriptom-Gesamt-RNA-Seq-Korrelationen: Transkripte pro Million (TPM) für Krebszelllinien: HL-60, K562 und MCF7.

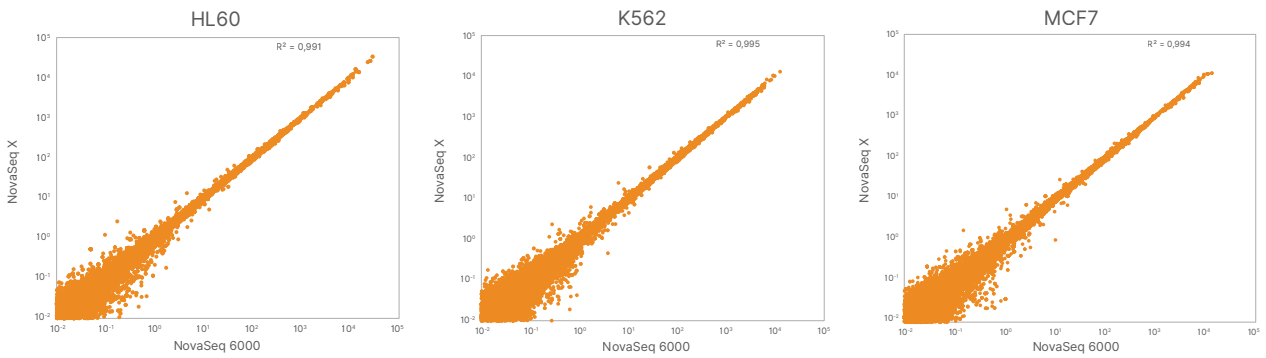


Abbildung 2: Transkriptom-mRNA-Seq-Korrelationen: Transkripte pro Million (TPM) für Krebszelllinien: HL-60, K562 und MCF7.

Methylierungssequenzierung

Die Genom-Methylierungsmetriken wurden zum Vergleich der Leistung der NovaSeq X Series und des NovaSeq 6000 System ausgewertet. Sowohl das NovaSeq X Plus System als auch das NovaSeq 6000 System lieferten bei der Quantifizierung von methylierten Cytosinen in Prozent Werte, die den Angaben in der Produktdokumentation entsprechen (Abbildung 3A). Für das NovaSeq X Plus System ergab sich bei zugeordneten Bibliotheken eine höhere Mapping-Effizienz (Abbildung 3B). Die Verteilungsplots für die Genom-Coverage zeigen vergleichbare Ergebnisse mit einem Anstieg der CpGs mit hoher Coverage (> 50x) für das NovaSeq X Plus System und das NovaSeq 6000 System (Abbildung 4).

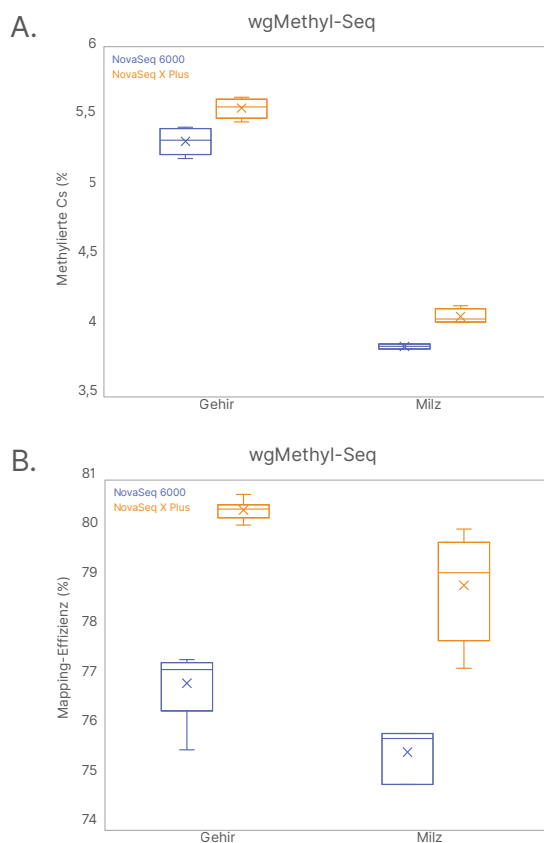


Abbildung 3: Genommethylierungssequenzierung: Zymo-Seq WGBS-Ergebnisse für das NovaSeq X Plus System und das NovaSeq 6000 System mit (A) methylierten Cytosinen in Prozent und (B) der Mapping-Effizienz.

Durch die Bisulfit- oder Enzym-Umwandlung werden nicht methylierte Cytosine während der Bibliotheksvorbereitung zu Uracil. Hieraus ergeben sich unausgewogene Bibliotheken, die sich mit herkömmlichen Verfahren nur schwer sequenzieren ließen und in der Regel einen hohen Prozentsatz (> 5 %) PhiX zur Erhöhung der Basenvielfalt erforderten. Bei der NovaSeq X Series war ein geringer Anteil (1 %) PhiX für qualitativ hochwertige Läufe ausreichend (Tabelle 8).

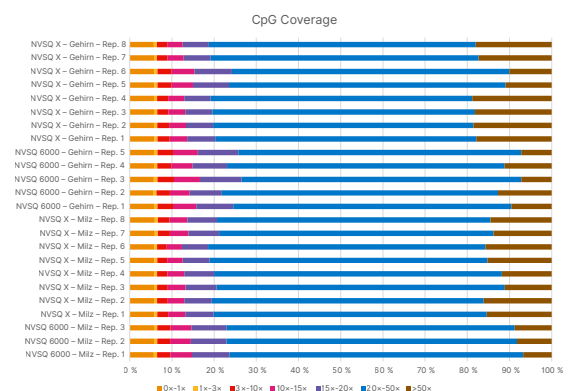


Abbildung 4: Genom-Coverage für die Genommethylierungssequenzierung: Zymo-Seq WGBS-Ergebnisse für das NovaSeq X Plus System und das NovaSeq 6000 System mit der CpG-Coverage-Verteilung.

Tabelle 8: Sequenzierungslaufmetriken für die Methylierungssequenzierung

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Basen Read 1 ≥ Q30	89,01 %	91,95 %
Basen Read 2 ≥ Q30	86,75 %	93,09 %
Fehlerrate Read 1	0,30 %	0,14 %
Fehlerrate Read 2	0,59 %	0,25 %
Probenanzahl (gemittelt)	10	16

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprechen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

Einzelzell-Multiomik

Die Leistungsmetriken für den Einzelzell-Multiomik-Assay wurden ausgewertet, darunter die scRNA-Seq zur Bestimmung der Genexpression und die scATAC-Seq zur Bestimmung der Chromatin-Zugänglichkeit. Das NovaSeq X Plus System und das NovaSeq 6000 System übertrafen die veröffentlichten Spezifikationen für die Datenqualität (Tabelle 9, Tabelle 10). Die t-SNE-Plots für die scRNA-Seq-Genexpression (Abbildung 5) und die scATAC-Seq-Chromatin-Zugänglichkeit (Abbildung 6) zeigten eine herausragende Korrelation zwischen dem NovaSeq X Plus System und dem NovaSeq 6000 System.

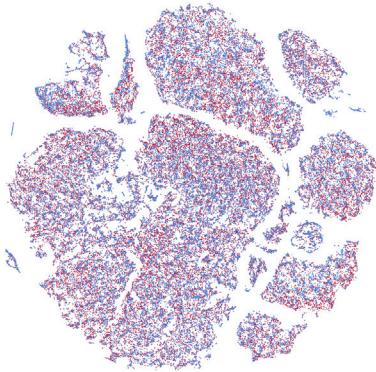


Abbildung 5: Einzelzell-Multiomik, Genexpression: t-SNE-Plots für scRNA-Seq-Bibliotheken, die auf dem NovaSeq X Plus System (blau) und dem NovaSeq 6000 System (rot) sequenziert wurden.

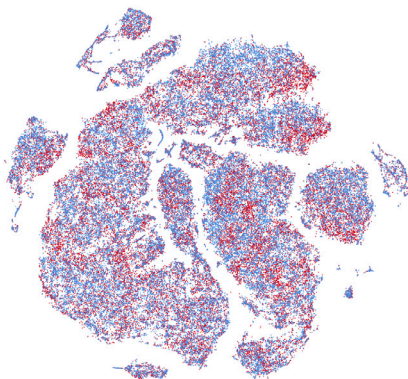


Abbildung 6: Einzelzell-Multiomik, Chromatin-Zugänglichkeit: t-SNE-Plots für scATAC-Seq-Bibliotheken, die auf dem NovaSeq X Plus System (blau) und dem NovaSeq 6000 System (rot) sequenziert wurden.

Tabelle 9: Sequenzierungslaufmetriken für die scRNA-Seq (Einzelzell-Multiomik)

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration		
Read 1	28 bp	28 bp
Index 1	10 bp	10 bp
Index 2	10 bp	10 bp
Read 2	90 bp	90 bp
Basen Read 1 \geq Q30	97,11 %	97,35 %
Basen Read 2 \geq Q30	95,01 %	95,93 %
Fehlerrate Read 1	0,04 %	0,04 %
Fehlerrate Read 2	0,17 %	0,15 %
Probenanzahl (gemittelt)	10	80
Anzahl nachgewiesener Gene	25.975	25.743
UMI-Anzahl pro Zelle (Median)	2.790	2.571
Anzahl der Zellen pro Probe (geschätzt)	3.880	3.882

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit einer unterschiedlichen Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprechen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

Tabelle 10: Sequenzierungslaufmetriken für die scATAC-Seq (Einzelzell-Multiomik)

Metrik	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Laufkonfiguration		
Read 1	50 bp	50 bp
Index 1	8 bp	8 bp
Index 2	24 bp	24 bp
Read 2	49 bp	49 bp
Basen Read 1 \geq Q30	93,35 %	95,58 %
Basen Read 2 \geq Q30	92,21 %	94,24 %
Fehlerrate Read 1	0,08 %	0,09 %
Fehlerrate Read 2	0,28 %	0,16 %
Probenanzahl (gemittelt)	10	80
Anzahl der Zellen pro Probe (geschätzt)	3.880	3.882

Metriken aus Läufen mit einer einzelnen Fließzelle, gemittelt über mehrere Fließzellen mit unterschiedlicher Anzahl von Lanes. Alle Läufe entsprechen den veröffentlichten Ergebnisspezifikationen. NovaSeq 6000 S4-Fließzellen und NovaSeq X 10B-Fließzellen liefern ein unterschiedliches Ergebnis pro Lane.

Zusammenfassung

Das NovaSeq X Sequencing System und das NovaSeq X Plus Sequencing System machen mit ihrer bahnbrechenden Chemie, Optik und Informatiklösung sowie der einfachen Bedienung die Hochdurchsatzsequenzierung deutlich kostengünstiger. Die NovaSeq X Series zeichnet sich durch einen überragenden Durchsatz aus und bietet zugleich die hohe Datenqualität, die Anwender von Illumina gewohnt sind. Die XLEAP-SBS-Chemie ermöglicht signifikant kürzere Sequenzierlaufzeiten sowie deutliche Verbesserungen bei der Ausgabe ohne Abstriche bei der Datenqualität. Daten zu wichtigen Methoden, für die häufig das NovaSeq 6000 System zum Einsatz kommt, darunter Genomsequenzierung, Exomsequenzierung, Transkriptom-Sequenzierung, Methylierungssequenzierung und Einzelzell-Multiomik, wurden direkt mit auf dem NovaSeq X Plus System generierten Daten verglichen. Die Ergebnisse zeigen, dass die NovaSeq X Series eine Leistung bietet, die der des NovaSeq 6000 System entspricht bzw. diese übertrifft und die zudem für Anwendungen mit größeren Datenvolumen geeignet ist.

Weitere Informationen

NovaSeq X Sequencing System und NovaSeq X Plus Sequencing System: [illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq-x-plus.html](https://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq-x-plus.html)

In diesem Hinweis herangezogene Datenquellen: basespace.illumina.com/datacentral

Quellen

1. National Institute of Standards and Technology. Genome in a Bottle. [nist.gov/programs-projects/genome-bottle](https://www.nist.gov/programs-projects/genome-bottle). Aufgerufen am 27. Juli 2023.
2. Genome Reference Consortium. Human Genome Overview. NCBI-Website. [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar). Aufgerufen am 27. Juli 2023.
3. Illumina. Best practices for read trimming for Illumina Stranded mRNA and Total RNA workflows. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010.pdf). Veröffentlicht 2020. Aufgerufen am 1. August 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. Veröffentlicht am 6. Juni 2023. Aufgerufen am 1. August 2023.



+1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-US-00201 DEU v1.0