

NovaSeq™ X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템

보다 지속 가능한 방식으로
뛰어난 처리량과
혁신적인 경제성 실현

- 큰 규모의 연구, 야심 찬 프로젝트, 데이터 집약적인 시퀀싱 방법에 적합한 뛰어난 처리량과 정확도
- Chemistry와 인포매틱스(informatics)의 혁신적 발전, 간단한 작동, 간소화된 워크플로우로 총 소유 비용 절감
- 동결 건조 시약으로 포장 크기, 중량, 플라스틱 사용량, 폐기물 양을 현저히 줄여 환경에 미치는 영향 최소화

illumina®

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.



소개

오늘날 유전체학 분야의 선구자들은 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS)의 한계를 확장하고 있습니다. 복잡한 생물학적 질문에 대한 답을 구하기 위해서는 더 큰 규모의 연구를 통해 향상된 검정력(statistical power), 드물게 발생하는 유전적 사건을 파악하기 위한 딥 시퀀싱(deep sequencing) 그리고 더 포괄적인 관점을 확보하기 위한 다양한 시퀀싱 방법과 멀티오믹스(multiomics) 연구가 필요합니다. NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템에 적용된 진보된 기술은 처리량과 생산성을 크게 향상시켜 1년에 최대 수만 개의 유전체를 시퀀싱할 수 있습니다. 유전체학 연구자들은 이렇듯 혁신적으로 향상된 시퀀싱 경제성에 힘입어 기존에는 도전하기 어려웠던 프로젝트를 실행할 수 있게 될 것입니다(그림 1).

Illumina는 지금껏 그래왔듯 NovaSeq X 시리즈로 정확성과 사용성의 새로운 기준을 제시합니다. 획기적인 chemistry, 광학(optics) 시스템 및 소프트웨어 기술을 결합하여 뛰어난 속도, 데이터 품질 그리고 지속 가능성을 확보합니다. 사용자는 변함없이 유연하고 간소한 사용이 쉬운 워크플로우를 통해 매우 높은 처리량 및 확장성을 누릴 수 있게 됩니다.

뛰어난 정확성으로 대규모 유전체학 연구를 이끄는 기술 혁신

NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템은 보다 데이터 집약적인 애플리케이션을 지원하고 연구 규모에 적합한 유의미한 정보를 도출하기 위해 요구되는 처리량과 정확성을 제공합니다. NovaSeq X 시리즈는 NovaSeq 6000 시스템보다 기가베이스(gigabase, Gb)당 비용을 최대 60% 절감해 줍니다.¹ NovaSeq X Plus 시스템은 지금까지 Illumina가 출시한 시퀀싱 시스템 중 가장 높은 성능을 지닌 제품으로, 듀얼 플로우 셀 런(dual flow cell run)당 최대 16 테라베이스(terabase, Tb)의 데이터, 또는 최대 52 billion(B) 개의 싱글 리드(single read)를 생성합니다. 싱글 플로우 셀 구성을 제공하는 NovaSeq X 시스템은 런당 165 Gb~8 Tb의 데이터, 또는 최대 26B 개의 싱글 리드를 생성합니다(그림 2, 그림 3, 표 1).¹

* 향후 연구 규모에 따라 시스템을 확장해야 할 경우, NovaSeq X 시스템 구매 고객은 증가하는 검사실의 요구 사항에 맞춰 듀얼 플로우 셀 런을 지원하는 NovaSeq X Plus 시스템으로 시스템 업그레이드를 받을 수 있습니다.



그림 1: NovaSeq X & NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템 — 새로운 과학적 통찰을 제시할 고처리량 유전체학 연구 접근성을 강화하는 Illumina의 지속적인 기술 혁신이 집약된 시스템

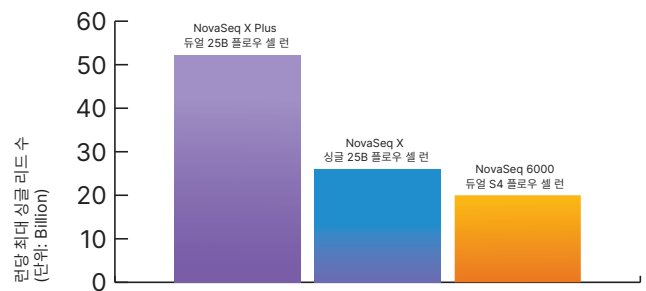


그림 2: 시퀀싱 데이터 아웃풋을 크게 높이는 NovaSeq X Plus 시스템 — NovaSeq X Plus 시스템(듀얼 25B 플로우 셀 런), NovaSeq X 시스템(싱글 25B 플로우 셀 런), NovaSeq 6000(듀얼 S4 플로우 셀 런)의 런당 최대 생성 리드 수(단위: billion)를 비교한 그래프¹

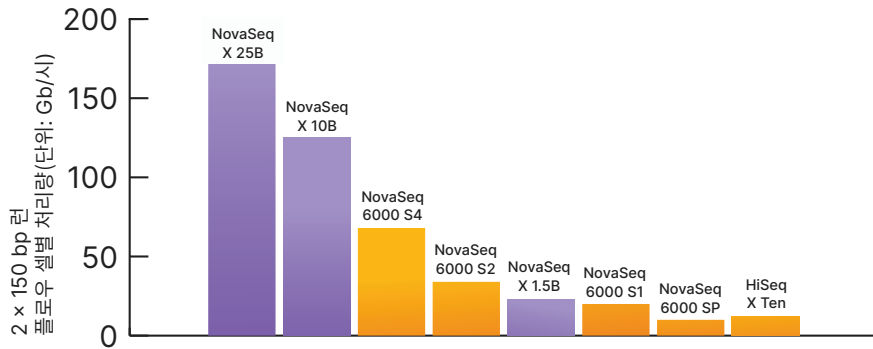


그림 3: Illumina 시퀀싱 시스템 중 가장 높은 처리량을 제공하는 NovaSeq X 시리즈 — NovaSeq X 시리즈 1.5B, 10B 및 25B 플로우 셀, NovaSeq 6000 SP, S1, S2 및 S4 플로우 셀¹, HiSeq X Ten²의 시간당 데이터 아웃풋을 비교한 그래프. 최초로 \$1,000 유전체 시퀀싱을 실현한 순간부터 오늘날에 이르기까지, 한결같이 고처리량 시퀀싱의 경제성을 향상시켜 온 Illumina의 기술력.

세 종류의 플로우 셀이 지원되므로 연구자는 처리량을 높여 듀얼 플로우 셀 런당 30x 커버리지(coverage)로 128개가 넘는 인간 유전체 또는 최대 1,500개의 엑솜(exome)이나 1,000개가 넘는 전사체(transcriptome)를 시퀀싱할 수 있습니다(표 2). 이처럼 새로운 수준의 시퀀싱 처리량은 다음과 같은 다양한 기술 혁신을 통해 실현되었습니다.

- 수백억 개의 나노웰(nanowell)을 고정된 위치에 가지고 있는 패턴화된 초고밀도 플로우 셀이 플로우 셀당 최대 26B 개의 싱글 리드, 또는 52B 개의 페어드 엔드 리드(paired-end read)를 생성합니다.
- 고해상도 이미징을 위해 높은 개구수(numerical aperture), 맞춤형 고속 카메라, 파란색-초록색 광학 시스템을 통해 처리량과 데이터 품질을 크게 향상시킵니다.
- 진보된 베이스 콜링(base calling) 알고리즘과 통합형 DRAGEN™ Secondary Analysis(온보드 또는 클라우드)를 적용하여 수산 경력이 입증하는 정확성과 속도를 확보합니다.^{3,4}

NovaSeq X 시리즈에는 Illumina의 sequencing by synthesis (SBS) chemistry의 품질과 속도를 최대로 높여 이전보다 훨씬 더 강력해진 XLEAP-SBS™ chemistry가 채택되었습니다. 가장 널리 도입되고 사용되어 이미 그 성능이 입증된 SBS chemistry를 기반으로 하는 XLEAP-SBS chemistry는 현저히 향상된 성능을 제공합니다. XLEAP-SBS 뉴클레오티드(nucleotide)는 내열성이 더 뛰어나며 용액 내 안정성이 50배 더 높고 동결 건조 시 안정성은 500배 더 향상된 새로운 염료, 링커(linker) 및 블록(block)을 사용합니다. 가수분해(Hydrolysis)가 50배 감소되고 블록 절단(block cleavage) 속도는 3배 빨라져 페이징(phasing) 및 프리페이징(prephasing)이 줄고 정확성도 크게 향상됩니다. 또한 새로운 XLEAP-SBS 중합효소(polymerase)는 뉴클레오티드를 전보다 훨씬 더 빠르고 높은 충실도(fidelity)로 결합할 수 있도록 설계되었습니다. 이렇듯 다양한 기술 혁신을 통해 표준 SBS chemistry보다 2배 빠른 사이클 속도와 3배 높은 정확도를 제공합니다.⁵

입증된 정확성

XLEAP-SBS chemistry는 중복 뉴클레오티드 문자열(string), 즉 동종중합체(homopolymer)와 연관성이 있는 오류의 수와 누락되는 콜(call)의 수를 크게 줄여주는 염기 단위 시퀀싱(base-by-base sequencing)을 실현하기 위해 가역적 종결자(reversible terminator) 뉴클레오티드를 이용합니다.⁶ 또 XLEAP-SBS chemistry는 페어드 엔드 시퀀싱에도 적용이 가능하여 유전체 재배열(genomic rearrangement), 반복 시퀀스 요소(repetitive sequence element), 유전자 융합(gene fusion), 새로운 전사물(novel transcript)을 더 쉽게 검출할 수 있도록 해 줍니다. 리드 페어(Read pair)로 정렬된 시퀀스를 바탕으로 한층 더 정확한 리드 정렬(alignment)과 싱글 리드 데이터로는 상대적으로 어려운 삽입/결실(insertion/deletion, Indel) 변이의 검출이 가능합니다.⁷

규모에 맞는 의미 있는 통찰력

NovaSeq X 시리즈는 매우 광범위한 애플리케이션과 획기적인 성능을 바탕으로 고처리량 시퀀싱의 한계를 새롭게 정의하여 유전체학 연구를 한 단계 더 발전시킵니다. 중요한 샘플을 시퀀싱할 때 런 타임(run time)이 짧을수록 결과를 빨리 얻을 수 있습니다. 또 처리량이 더 높으면 프로젝트를 더 효율적으로 완수할 수 있습니다. 연구자는 보다 광범위한 연구 설계와 더 큰 샘플 코호트를 선택함으로써 검정력을 높일 수 있습니다. 랩은 다양한 조건이나 시점(time point)을 기준으로 더 많은 샘플을 연구함으로써 세포 및 생물학적 체계의 동적인 속성을 밝혀낼 수 있습니다. 단일세포(Single-cell), 공간(spatial), 단백체학(proteomics) 또는 기타 멀티오믹스 연구를 진행할 경우 더 많은 세포, 더 높은 해상도 혹은 다양한 데이터 표현 형식(modality)을 포함하도록 연구 범위를 확대해 볼 수도 있습니다. 사용자는 리드 수를 크게 증가시키고 시퀀싱 뎀스(depth)를 높임으로써 최대 해상도를 확보하여 저빈도(low-frequency) 신호 및 변이를 검출할 수 있습니다.

표 1: NextSeq X 시리즈 성능 파라미터^a

| 플로우 셀 종류 | 1.5B | 10B | 25B |
|--|-----------------|--------|--------|
| 싱글 플로우 셀 런당 데이터 아웃풋^a | | | |
| 2 × 50 bp | 약 165 Gb | 1 Tb | - |
| 2 × 100 bp | 330 Gb | 2 Tb | - |
| 2 × 150 bp | 500 Gb | 3 Tb | 8 Tb |
| 듀얼 플로우 셀 런당 데이터 아웃풋^{a,b} | | | |
| 2 × 50 bp | 약 330 Gb | 2 Tb | - |
| 2 × 100 bp | 660 Gb | 4 Tb | - |
| 2 × 150 bp | 1 Tb | 6 Tb | 16 Tb |
| 플로우 셀당 필터 통과 리드 수^a | | | |
| 싱글 리드 | 1.6B | 10B | 26B |
| 페어드 엔드 리드 | 3.2B | 20B | 52B |
| 기기 런 타임^{a,c} | | | |
| 2 × 50 bp | 약 15시간 | 약 18시간 | - |
| 2 × 100 bp | 약 18시간 | 약 22시간 | - |
| 2 × 150 bp | 약 21시간 | 약 25시간 | 약 48시간 |
| Q-Score(품질 점수)^{a,d} | | | |
| 2 × 50 bp | Q30 이상 염기 ≥ 90% | | |
| 2 × 100 bp | Q30 이상 염기 ≥ 85% | | |
| 2 × 150 bp | Q30 이상 염기 ≥ 85% | | |

a. Illumina의 PhiX Control 라이브러리 또는 NA12878을 이용해 만든 TruSeq™ DNA 라이브러리로 공식적으로 권장되는 클러스터(cluster) 밀도에서 얻은 수치를 근거로 한 사양. 실제 성능은 사용된 라이브러리의 종류와 품질, insert 크기, 로딩 농도, 기타 실험 요인에 따라 상이할 수 있음. 성능 메트릭스(metrics)는 변경될 수 있음.
 b. 듀얼 플로우 셀 런은 NovaSeq X Plus 시스템에만 해당함.
 c. 런 타임은 자동 온보드 클러스터 생성, 시퀀싱, 자동 포스트런 워시(post-run wash), 베이스 콜링 작업 시간을 포함함.
 d. Q-Score는 베이스 콜링 오류 발생 확률을 예측한 값을 의미함. 1회의 런 전반에 걸친 Q30 이상 염기 백분율의 평균.


혁신적인 경제성 및 생산성 향상

NovaSeq X 시리즈는 최적의 총 소유 비용(total cost of ownership)으로 고처리량 시퀀싱 기기를 이용할 수 있는 기회를 제공합니다. NovaSeq X 시리즈는 Gb당 비용을 크게 절감할 뿐만 아니라 운영의 간소화, 데이터 분석 기능의 통합, 지속 가능성의 강화, 세계적 수준의 고객 지원 서비스 등 워크플로우 전체에 걸쳐 비용 대비 효율성을 제공합니다(그림 4).

최상의 사용자 경험

NovaSeq X 시리즈 워크플로우의 각 단계는 연구 프로젝트의 완수에 요구되는 시간과 인력을 크게 줄일 수 있도록 최적화되어 있습니다. NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템은 다음과 같이 세심한 인체공학적인 설계와 사용성의 혁신을 적용하였습니다.

- 특대 사이즈 4K 해상도 터치스크린을 통해 한 눈에 런 진행 상황을 확인하고 기기에서 상세한 시퀀싱 성능 메트릭스를 볼 수 있습니다(그림 5).
- 간편하게 로딩만 하면 되는 시약 카트리지에 달린 창을 통해 육안으로 시약이 완전히 해동되었는지 확인이 가능합니다.
- 자동 온보드 개별 레인(lane) 로딩 기능을 갖춘 독립적으로 사용이 가능한 플로우 셀 레인이 제공되므로 여러 프로젝트와 샘플을 최대 8개의 레인에 편리하게 나누어 로딩할 수 있습니다.
- 라이브러리 사용량이 4배 적어[†] 소중한 샘플의 울트라 딥 시퀀싱(ultra-deep sequencing)과 다루기 힘든 샘플의 새로운 활용이 가능합니다.
- 자동 온보드 클러스터 생성 및 자동 포스트런 워시 기능으로 시퀀싱 워크플로우가 간소화됩니다.
- 유연한 런 계획 옵션을 통해 주요 애플리케이션에 대해 버튼 조작이 필요 없는 2차 분석을 설정할 수 있습니다(그림 6).
- 가벼워 취급이 쉬운 시약, 버퍼 카트리지 및 폐기물 수거 용기가 제공됩니다.
- 그 밖에도 인출식 키보드와 로딩 과정 중 소모품 서랍의 색상 변경을 통해 사용자에게 시각적인 도움을 주는 기능 등이 지원됩니다.

 지금 [illumina.com/TourNovaSeqX](https://www.illumina.com/TourNovaSeqX)에서 NovaSeq X 시리즈를 확인해 보세요.

[†] NovaSeq 6000 시스템 온보드 워크플로우와 비교 시

표 2: 주요 애플리케이션의 예상 샘플 처리량^a

| 플로우 셀 종류 | 싱글 플로우 셀 런당 처리량 | | | 듀얼 플로우 셀 런당 처리량 ^b | | |
|----------|-----------------|-------|-------|------------------------------|-------|---------|
| | 1.5B | 10B | 25B | 1.5B | 10B | 25B |
| 인간 유전체 | 약 4 | 약 24 | 약 64 | 약 8 | 약 48 | 약 128 |
| 엑솜 | 약 41 | 약 250 | 약 750 | 약 82 | 약 500 | 약 1,500 |
| 전사체 | 약 30 | 약 200 | 약 520 | 약 60 | 약 400 | 약 1,040 |

a. 상기 샘플 처리량은 모두 추정치를 나타냄. 인간 유전체 샘플 처리량의 경우 30x 커버리지 달성을 위해 샘플당 > 120 Gb의 데이터 생성을 가정하여 계산한 수치임. 엑솜 샘플 처리량은 100x 커버리지 달성을 위해 샘플당 약 8 Gb의 데이터 생성을 가정하여 계산한 수치임. 전사체 샘플 처리량은 ≥ 50M 개의 리드 생성을 가정하여 계산한 수치임. 샘플 처리량은 사용하는 라이브러리 프랩 키트에 따라 상이할 수 있음. 성능 매트릭스는 변경될 수 있음.
 b. 듀얼 플로우 셀 런은 NovaSeq X Plus 시스템에만 해당함.

간소화된 포괄적인 인포매틱스 제품군

내장된 DRAGEN 칩은 컴퓨팅 속도를 높여 주고 무손실 데이터 압축(lossless data compression) 알고리즘을 탑재하고 있습니다. DRAGEN Original Read Archive(ORA) 기술이 FASTQ 파일을 최대 5배 자동 압축하여 데이터 전송 속도를 더 높이고 데이터 관리는 더 쉽게 만들어 줍니다. 더 줄어든 데이터 풋프린트는 데이터 스토리지 비용과 전력 소비 비용을 절감해 줍니다.

병렬 컴퓨팅(Parallel compute) 아키텍처를 적용한 DRAGEN Multigenome(그래프) 레퍼런스는 확장 가능한 머신 러닝(machine learning)을 활용해 체계적으로 정확도를 높입니다.^{3,4} 연구자는 NovaSeq X 시리즈에 통합된 DRAGEN 플랫폼(온보드 또는 클라우드)으로 여러 가지 2차 분석 파이프라인을 동시에 실행할 수 있습니다. 1회의 런 수행 시 플로우 셀당 최대 네 가지 앱을

동시에 실행하는 것이 가능합니다. 다음과 같은 자동 2차 분석 파이프라인이 지원됩니다.

- 전장 유전체 시퀀싱(Whole-genome sequencing, WGS) 연구용 DRAGEN Germline 파이프라인
- WGS 연구용 DRAGEN Somatic 파이프라인
- 전장 엑솜 시퀀싱(Whole-exome sequencing, WES) 연구용 DRAGEN Enrichment 파이프라인
- 전장 전사체 시퀀싱(Whole-transcriptome sequencing, WTS) 연구용 DRAGEN RNA 파이프라인
- 메틸레이션 시퀀싱 연구용 DRAGEN Methylation 파이프라인

이러한 주요 애플리케이션에는 라이브러리 준비 단계부터 분석 단계를 아우르는 포괄적인 워크플로우를 활용할 수 있습니다(표 3).



그림 4: 직관적이고 최적화된 대용량 시퀀싱 워크플로우 — 간단한 런 설정, 다양한 호환 가능 라이브러리 프랩 키트 제품, 통합형 2차 분석, 능동적인 기기 성능 모니터링을 포함하는 포괄적인 워크플로우를 제공하는 NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템



그림 5: 간단한 조작 — 고해상도의 터치스크린 인터페이스, 로딩만 하면 시퀀싱이 가능하도록 즉시 사용이 가능한 시약이 들어 있는 카트리지가 등 시퀀싱 워크플로우의 간소화를 목적으로 설계된 NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템의 다양한 기능

지속 가능성을 고려한 획기적인 혁신

NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템은 환경 영향을 줄이는 것을 고려하여 설계되었습니다. XLEAP-SBS 시약은 견고성 및 안정성이 한층 더 향상된 시약으로, 동결 건조된 상태로 운송 및 보관이 가능합니다. 이러한 중요한 혁신은 지속 가능성과 사용자 경험을 크게 개선할 수 있습니다.

- 시약 키트를 드라이아이스나 아이스팩 없이 상온 운송할 수 있어 폐기물 발생이 줄고 패키지 개봉에 드는 시간이 절약됩니다.
- 소모품은 수령 즉시(현장에 냉동 보관하는 경우에는 해동 후) 시퀀싱에 사용이 가능하므로 수작업 시간이 크게 줄고 운영이 간소화됩니다.
- 냉동고 및 저장 공간의 최적화를 위해 카트리지의 볼륨을 50% 이상 줄였습니다.‡
- 손쉬운 취급을 위해 각 키트의 중량을 90%가량 줄였습니다(약 4.5 kg을 박스 1개에 포장해 배송).
- 특별한 도구 없이 분해 후 재활용이 가능한 부품을 소모품에 사용하여 소모품 폐기가 간단해지고 포장 폐기물이 약 90% 감소하였습니다.‡
- 재활용 가능한 플라스틱과 식물 유래 자원인 바이오폴리머(biopolymer; 96% 사탕수수)로 만든 버퍼 카트리지를 사용하여 플라스틱 사용량을 50% 이상 절감했습니다.‡

‡ NovaSeq 6000 Reagent Kit와 비교 시



그림 6: 유연한 인포매틱스 제품군 — 사용자가 로컬(보라색) 또는 클라우드 기반(주황색) 런 설정, 런 관리 및 데이터 분석 시 옵션을 선택해 원하는 대로 시퀀싱을 수행할 수 있도록 해 주는 NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템

표 3: NovaSeq X 시리즈로 고강도 시퀀싱(High-Intensity Sequencing) 수행 시 라이브러리 준비부터 분석까지 실행하는 워크플로우의 예시

| 애플리케이션 | 라이브러리 준비 | 시퀀싱 | 데이터 분석 |
|-----------------|--|---|-----------------------------------|
| 전장 유전체 시퀀싱(WGS) | Illumina DNA PCR-Free Prep | NovaSeq X 1.5B, 10B 또는 25B 플로우 셀, 300사이클 키트 | DRAGEN Germline DRAGEN Somatic |
| 전장 엑솜 시퀀싱(WES) | Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment | NovaSeq X 1.5B 또는 10B 플로우 셀, 200사이클 키트 | DRAGEN Enrichment |
| 전사체 시퀀싱 | Illumina Stranded Total RNA Prep Illumina Stranded mRNA Prep Illumina RNA Prep with Enrichment | NovaSeq X 1.5B 또는 10B 플로우 셀, 200사이클 키트 | DRAGEN RNA |

신뢰할 수 있는 기술, 믿을 수 있는 파트너사

Illumina는 많은 연구자들이 선호하는 NGS 플랫폼 제공 업체로, 지금까지 전 세계적으로 2만 대가 넘는 시퀀싱 시스템을 공급했습니다. Illumina의 NGS 기술은 30만 건 이상의 동료 심사를 거친 연구 논문에 인용되었으며, 이는 다른 모든 NGS 기술을 합친 것보다 5배 더 많은 수치입니다.⁸ Illumina는 수십 년간 쌓아 온 전문성을 토대로 혁신을 이루고 새로운 NGS 역량 및 애플리케이션을 개발하기 위해 끊임없이 노력하고 있습니다(그림 3). NovaSeq X 시리즈는 Illumina가 계속해서 유전체학 기술 분야를 선도하고 있음을 입증합니다.

성공적인 연구를 돕는 기술 지원

Illumina는 고객이 투자에 대한 확신을 가지고 최상의 성능을 목표로 작업 중단을 현격히 줄일 수 있도록 라이브러리 준비, 시퀀싱 및 데이터 분석 관련 전문 지식을 갖춘 숙련된 과학자들로 구성된 세계적 수준의 기술지원팀을 운영하고 있습니다. 전 세계적으로 전화 기술 지원 서비스는 주 5일, 온라인 기술 지원 서비스는 연중무휴 다국어로 제공되고 있으며, 특히 대부분의 대도시 인접 지역의 경우 신속한 응답이 이루어지고 있습니다. 또 Illumina는 성숙한 글로벌 제조 인프라를 바탕으로 우수한 제품 일관성, 공급 및 품질을 제공합니다.

요약

NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템은 전장 유전체 시퀀싱, 단일세포 시퀀싱 및 멀티오믹스 연구와 같은 데이터 집약적인 애플리케이션을 지원하는 놀라운 시퀀싱 역량을 선사합니다. 유전체학 연구자들은 XLEAP-SBS chemistry와 온보드 DRAGEN 분석 등 수많은 기술 혁신으로 이뤄낸 최고 수준의 처리량과 정확성을 기대할 수 있습니다. NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템이 실현하는 획기적인 경제성은 인류의 건강 증진에 기여할 새로운 유전체 지식의 시대를 열어줄 것입니다.

상세 정보

NovaSeq X & NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템 illumina.com/NovaSeqX

DRAGEN Secondary Analysis illumina.com/DRAGEN

NovaSeq X 시리즈 기기 사양

| 파라미터 | 사양 |
|-------------------|---|
| 기기 구성 | 컴퓨터 및 4K 터치스크린 디스플레이 장비 설치 및 부속품 데이터 수집 및 분석 소프트웨어 |
| 기기 제어 컴퓨터 | 베이스 유닛: iEi 맞춤형 보드, AMD V1605b CPU 메모리: 2 × 16 GB DDR4 SODIMM 하드 드라이브: 없음 SSD: 480 GB M.2 OS: Oracle 8 |
| 기기 Compute Engine | 베이스 유닛: iEi 맞춤형 보드, 듀얼 AMD 7552 CPU 메모리: 8 × 64 GB + 8 × 128 GB DDR4 RDIMM 하드 드라이브: 없음 SSD: 480 GB M.2 + 5 × 12.8 TB U.2 OS: Oracle 8 |
| 운영 환경 | 온도: 15~30°C, 시간당 2°C 미만의 온도 변화 습도: 비응축 상대 습도 20~65% 고도: 2000 m 미만 환기: 기기 최대 발열량 9200 BTU/시, 평균 발열량 7507 BTU/시 실내 전용 |
| 레이저 | 1등급 레이저 제품(CLASS 1 Laser Product) 532 nm(최대 전력 4.5 W), 457 nm(최대 전력 6 W) |
| RFID | 작동 주파수 13.56 MHz, 전력 200 mW |
| 규격 | 너비 x 깊이 x 높이: 86.4 cm × 93.3 cm × 158.8 cm 기기 건 중량(dry weight; UPS 제외): 531 kg 기기 건 중량(UPS 포함): 568 kg 패키지 중량: 722 kg 부속품 팰릿(pallet) 중량: 238 kg |
| 전력 요구 사항 | AC 200~240 V 50/60 Hz, 15 A, 단상 교류 전원 지역에 적합한 무정전 전원 공급 장치(uninterruptible power supply, UPS) Illumina 제공 요구되는 최소 전류 세기는 지역의 전압에 따라 다름 |
| 네트워크 연결 | 기기와 데이터 관리 시스템 간 직접 혹은 네트워크를 통한 10 GbE 전용 연결 (10GBASE-T; 기기의 RJ-45 커넥터 이용) |
| 네트워크 연결 대역폭 | <i>1차 분석 데이터</i> 로컬 네트워크 업로드: 기기당 800 Mbps(Mbit/초) BaseSpace Sequence Hub & Illumina Connected Analytics 업로드: 기기당 800 Mbps 기기 운영 데이터 업로드: 기기당 15 Mbps <i>1차 & 2차 분석 데이터</i> 로컬 네트워크 업로드: 기기당 3.2 Gbps(Gbit/초) BaseSpace Sequence Hub & Illumina Connected Analytics 업로드: 기기당 3.2 Gbps 기기 운영 데이터 업로드: 기기당 15 Mbps |

제품 목록

| 시스템 | 카탈로그 번호 |
|--|----------|
| NovaSeq X 시퀀싱 시스템 | 20084803 |
| NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템 | 20084804 |
| 시퀀싱 시약 키트 | 카탈로그 번호 |
| 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 |

참고 문헌

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](https://www.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). Published 2017. Updated 2022. Accessed June 1, 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](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf). Published 2014. Updated 2016. Accessed June 13, 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](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html). Accessed June 1, 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](https://www.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). Published 2018. Updated 2022. Accessed June 1, 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. Data calculations on file, Illumina, Inc. 2022.



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-00197 v3.0 KOR