

Un séquençage nouvelle génération de haute précision avec la série NovaSeq^{MC} X

La chimie XLEAP-SBS^{MC}
offre une qualité de
données exceptionnelle
pour les applications
génomiques à débit élevé

- Séquençage du génome entier
- Séquençage de l'exome entier
- Séquençage du transcriptome entier
- Séquençage de la méthylation du génome entier
- Séquençage multiomique unicellulaire

illumina^{MD}

Introduction

Les avancées technologiques intégrées aux systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus permettent d'obtenir des gains de productivité et un débit plus élevé qui transforment l'économie du séquençage à l'échelle de production. La chimie avancée, l'optique à ultra haute résolution, l'analyse secondaire intégrée et la simplicité opérationnelle font des systèmes de la série NovaSeq X les systèmes de séquençage les plus puissants et les plus rentables à ce jour.

La série NovaSeq X est optimisée par la chimie XLEAP-SBS, une avancée plus rapide, plus fidèle et plus fiable vers le séquençage par synthèse (SBS, Sequencing by Synthesis) éprouvé d'Illumina. Les réactifs XLEAP-SBS offrent une performance et une vitesse optimisées afin de maximiser le débit sans sacrifier le haut niveau de qualité des données attendu par les utilisateurs.

Cette note d'application démontre que la série NovaSeq X offre un niveau de qualité de données qui atteint ou dépasse celui du système NovaSeq 6000 en ce qui concerne les principales méthodes, notamment le séquençage du génome entier, le séquençage de l'exome entier, le séquençage du transcriptome entier, le séquençage de méthylation et la multiomique unicellulaire.

Méthodes

Séquençage du génome entier

Des bibliothèques de génomes entiers ont été préparées à partir de l'ADN génomique (ADNg) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) à l'aide de TruSeq^{MC} PCR-Free Prep Kit (Illumina, référence n° 20015963).

Le séquençage a été effectué sur le NovaSeq X Plus System avec NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (Illumina, référence n° 20085594) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 151 pb (42 échantillons au cours de plusieurs analyses). À titre de comparaison, les mêmes bibliothèques ont également été séquencées sur le NovaSeq 6000 System avec NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (Illumina, référence n° 20028312) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 151 pb (24 échantillons au cours d'une seule analyse).

L'analyse secondaire des données a été effectuée à l'aide du flux de travail infonuagique DRAGEN^{MC} Germline Pipeline v4.1. Les données de séquençage ont été sous-échantillonnées à un niveau de couverture de 30× pour comparer les performances d'appel de variants entre les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000.

Séquençage des exomes

Des bibliothèques d'exomes ont été préparées à partir de l'ADN génomique (ADNg) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) à l'aide d'Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (Illumina, référence n° 2002554) pour capturer les régions génomiques ciblées par Twist Comprehensive Exome Panel (Twist Bioscience, référence n° 102033).

Le séquençage a été effectué sur le NovaSeq X Plus System avec NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 101 pb (753 échantillons au cours de plusieurs analyses). À titre de comparaison, les mêmes bibliothèques ont également été séquencées sur le NovaSeq 6000 System avec NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 101 pb (48 échantillons dans une seule ligne).

L'analyse secondaire des données a été effectuée à l'aide du flux de travail infonuagique DRAGEN Enrichment Pipeline v4.0.3 La précision de l'appel des variants a été évaluée par rapport à l'ensemble représentatif de la réalité du projet Genome In A Bottle (GIAB) v3.3.2 et au génome de référence sensible à la valeur du champ ALT hg19^{1,2}. Les données de séquençage ont été sous-échantillonnées à 30 millions de paires de lectures par échantillon pour comparer les performances d'appel de variants entre les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000.

Séquençage du transcriptome entier

Des bibliothèques d'ARN total et d'ARN messager (ARNm) ont été préparées à partir d'ARN de lignée cellulaire leucémique : HL-60 (Thermo Fisher Scientific, référence n° AM7836) et K562 (BioChain, référence n° R1255820-50), et à partir d'ARN de lignée cellulaire du cancer du sein : MCF7 (BioChain, référence n° R1255830-50) à l'aide d'Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus (Illumina, référence n° 20040529) et d'Illumina Stranded mRNA Prep (Illumina, référence n° 20040534).

Le séquençage a été effectué sur le NovaSeq X Plus System avec NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 75 pb et une formule personnalisée avec cycles obscurs pour éviter le débordement de la première base T de la préparation de bibliothèques³. Le séquençage comprenait 573 échantillons pour le séquençage d'ARN total et 2 304 échantillons pour le séquençage d'ARNm, sur plusieurs analyses. À titre de comparaison, les mêmes bibliothèques ont également été séquencées sur le NovaSeq 6000 System avec NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles) (Illumina, référence n° 20028315)

en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 76 pb. Pour le séquençage de l'ARN total (RNA-Seq) et le séquençage de l'ARNm (mRNA-Seq), 96 échantillons (pour chaque type de séquençage) ont été analysés dans une seule ligne.

L'analyse secondaire des données a été effectuée à l'aide du flux de travail infonuagique DRAGEN RNA Pipeline v4.1. Les données de séquençage ont été sous-échantillonnées à 10 millions de lectures pour tous les échantillons afin de comparer les données d'expression génique. Les données ont été comparées au génome humain GRCh38 du Genome Reference Consortium (assemblage h38)².

Séquençage de la méthylation du génome entier

Des bibliothèques de méthylation ont été préparées à partir de réplicats d'un ensemble d'échantillons correspondants de cerveau humain et de rate (Zymo Research, référence n° D5018) (huit réplicats de chaque pour le NovaSeq X Plus System et cinq réplicats de chaque pour le NovaSeq 6000 System) à l'aide de Zymo-Seq WGBS Library Kit (Zymo Research, référence n° D5465), en association avec Illumina DNA Prep library prep kit (Illumina, référence n° 20060059)⁴. L'échantillon de contrôle d'*E. coli* non méthylé a été enrichi à 0,25 % pour atteindre l'efficacité de conversion de la cytosine, qui a été estimée à plus de 99,5 %.

Le séquençage a été effectué sur le NovaSeq X Plus System avec NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 151 pb (16 échantillons au cours d'une seule analyse). À titre de comparaison, les bibliothèques ont été séquencées sur le NovaSeq 6000 System avec NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) en utilisant une configuration d'analyse de 2 × 151 pb (10 échantillons au cours d'une seule analyse).

L'analyse de méthylation a été effectuée à l'aide du flux de travail infonuagique DRAGEN Methylation Pipeline. Les données de séquençage ont été sous-échantillonnées à 500 millions de lectures par échantillon pour l'analyse en aval.

Multiomique unicellulaire

Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression fournit des lectures conjointes de l'expression génique et des signatures épigénétiques à la résolution unicellulaire. Des échantillons pour le séquençage d'ARN unicellulaire (scRNA-Seq) et le test unicellulaire de la chromatine accessible à la transposase (scATAC-Seq) ont été préparés conjointement à partir de cellules mononuclées de sang périphérique humain cryoconservées (PBMC, Peripheral Blood Mononuclear Cell) d'un donneur de sexe masculin en bonne santé (âgé de moins de 35 ans) obtenues à partir d'AllCells. Les noyaux ont été isolés comme décrit dans l'article « 10x Genomics Demonstrated Protocol-Nuclei Isolation for Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Sequencing » (10x Genomics a démontré son protocole d'isolement des noyaux pour le test unicellulaire de la chromatine accessible à la transposase multiomique et le séquençage par expression génique) (CG000365 Rév. A). Des bibliothèques scRNA-Seq et scATAC-Seq appariées ont été générées à partir des noyaux isolés, comme décrit dans le Guide de l'utilisateur de Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression (CG000338 Rév. B).

Le séquençage a été effectué sur le NovaSeq X Plus System avec NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (80 réplicats au cours d'une seule analyse). À titre de comparaison, les mêmes bibliothèques ont également été séquencées sur le NovaSeq 6000 System avec NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (10 réplicats au cours d'une seule analyse). Les configurations de l'analyse ont été effectuées selon les paramètres fournis par 10x Genomics : lecture 1 de 28 cycles, lectures d'index i7 et i5 de 10 cycles et lecture 2 de 90 cycles pour les bibliothèques scRNA-Seq multiomiques; lecture 1 de 50 cycles, lecture d'index i7 de 8 cycles, lecture d'index i5 de 24 cycles et lecture 2 de 49 cycles pour les bibliothèques scATAC-Seq multiomiques.

L'analyse des données a été effectuée à l'aide de Cell Ranger ARC Analysis Pipeline v2.0 (10x Genomics) pour quantifier les transcrits et les pics d'accessibilité de la chromatine dans des cellules uniques.

Résultats

Le NovaSeq X Plus System permet des gains significatifs en matière de débit par rapport au NovaSeq 6000 System. La Flow Cell 10B pour NovaSeq X et la Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 peuvent toutes deux générer jusqu'à 3 Tb de données de séquençage de 2 × 150 pb par Flow Cell. Cependant, la durée d'analyse de la série NovaSeq X est presque la moitié de celle du NovaSeq 6000 System ([tableau 1](#)).

Tableau 1 : Débit de séquençage comparable, durées d'analyse considérablement plus courtes

Indicateur	Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000	Flow Cell 10B pour NovaSeq X Plus
Débit de 2 × 100 pb par analyse	1,6 à 4 Tb	~ 2 à 4 Tb
Durée d'analyse pour 2 × 100 pb	~ 36 h	~ 22 h
Débit de 2 × 150 pb par analyse	2,4 à 6 Tb	~ 3 à 6 Tb
Durée d'analyse pour 2 × 150 pb	~ 44 h	~ 24 h

Séquençage du génome entier

Les indicateurs d'analyse du séquençage du génome entier (WGS, Whole-Genome Sequencing) ont été évalués, notamment la précision et le rappel pour les variants mononucléotidiques (SNV, Single Nucleotide Variant) et les insertions-délétions (indels). Les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000 ont fourni des données de haute qualité et un appel des variants très précis ([tableau 2](#), [tableau 3](#)). Ces données démontrent que les résultats du WGS sur les systèmes de la série NovaSeq X atteignent ou dépassent les performances du NovaSeq 6000 System.

Tableau 2 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le WGS

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse	2 × 151 pb	2 × 151 pb
Base de la lecture 1 ≥ Q30	92,17 %	95,89 %
Base de la lecture 2 ≥ Q30	89,60 %	94,30 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,25 %	0,15 %
Taux d'erreur de la lecture 2	0,24 %	0,23 %

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

Tableau 3 : Indicateurs d'analyse secondaire pour le WGS

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Profondeur de l'assemblage	30×	30×
Couverture de l'autosome	31×	31×
Nbre total de SNP	3 041 268	3 041 454
Rapport Het:Hom	1,59	1,60
Rapport Ti:Tv	1,99	1,98
Précision SNP	99,95 %	99,95 %
Rappel SNP	99,95 %	99,96 %
Précision des indels	99,64 %	99,60 %
Rappel des indels	99,61 %	99,57 %
Bases mésappariées de la lecture 1	0,48 %	0,36 %
Bases mésappariées de la lecture 2	0,61 %	0,43 %
Nbre moyen d'échantillons	24	42

Séquençage de l'exome entier

Les indicateurs d'analyse primaire et secondaire du séquençage de l'exome entier (WES, Whole-Exome Sequencing) ont été évalués, notamment les scores de qualité, le taux d'erreur, l'appelabilité de l'autosome, le pourcentage de lectures alignées, l'uniformité de la couverture, la précision et le rappel pour les SNV et les indels. Les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000 ont fourni des données de haute qualité et un appel des variants très précis (tableau 4, tableau 5). Ces données démontrent que les résultats du WES sur les systèmes de la série NovaSeq X sont équivalents aux performances du NovaSeq 6000 System.

Tableau 4 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le WES^a

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse	2 × 101 pb	2 × 101 pb
Base de la lecture 1 ≥ Q30	92,06 %	96,63 %
Base de la lecture 2 ≥ Q30	90,96 %	96,24 %
Taux d'erreur de la lecture 1	S. o. ^b	0,10 %
Taux d'erreur de la lecture 2	S. o. ^b	0,21 %

- a. La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.
- b. Le contrôle PhiX n'a pas été utilisé pour les analyses avec NovaSeq 6000, aucun taux d'erreur n'est donc indiqué.

Tableau 5 : Indicateurs d'analyse secondaire pour le WES

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Appelabilité de l'autosome	97,49 %	97,53 %
Lectures alignées	99,28 %	99,11 %
Uniformité de la couverture	97,17 %	97,29 %
Précision SNP	99,77 %	99,77 %
Rappel SNP	98,20 %	98,30 %
Précision des indels	97,57 %	97,36 %
Rappel des indels	88,53 %	89,05 %
Nbre moyen d'échantillons	48	753

Séquençage du transcriptome entier

Les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000 ont tous deux dépassé les spécifications publiées en matière de qualité des données pour le séquençage de l'ARN total (tableau 6) et le séquençage de l'ARNm (tableau 7). La quantification des transcrits a montré une excellente concordance entre les deux plateformes ($R^2 > 0,99$) pour le séquençage de l'ARN total (figure 1) et le séquençage de l'ARNm (figure 2). Ces données démontrent que le séquençage du transcriptome entier sur la série NovaSeq X produit un niveau de qualité des données qui atteint ou dépasse les performances du NovaSeq 6000 System.

Tableau 6 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le séquençage de l'ARN total

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse	2 × 76 pb	2 × 75 pb
Base de la lecture 1 ≥ Q30	91,83 %	96,82 %
Base de la lecture 2 ≥ Q30	90,52 %	96,37 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,44 %	0,07 %
Taux d'erreur de la lecture 2	1,17 %	0,15 %
Nbre moyen d'échantillons	96	573

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

Tableau 7 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le séquençage de l'ARNm

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse	2 × 76 pb	2 × 75 pb
Base de la lecture 1 ≥ Q30	91,47 %	96,03 %
Base de la lecture 2 ≥ Q30	89,92 %	95,65 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,74 %	0,09 %
Taux d'erreur de la lecture 2	1,32 %	0,16 %
Nbre moyen d'échantillons	96	2 304

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

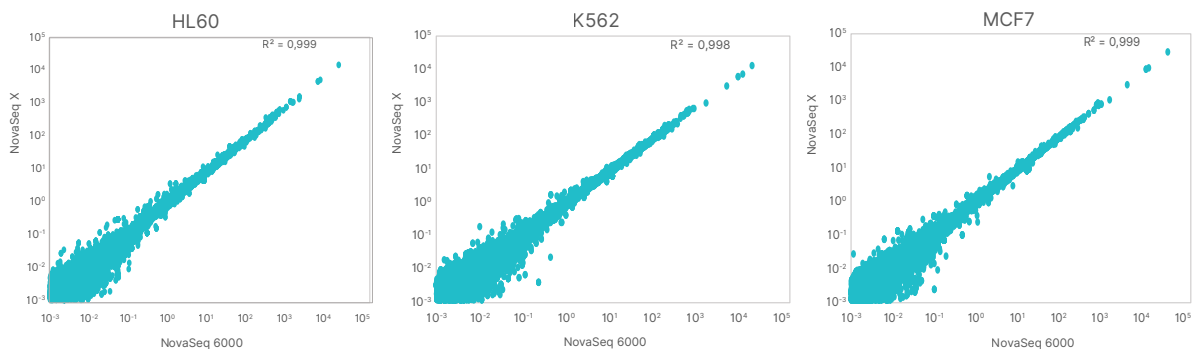


Figure 1 : Corrélations du séquençage de l'ARN total du transcriptome entier – Transcrits par million (TPM) pour les lignées de cellules cancéreuses : HL-60, K562 et MCF7.

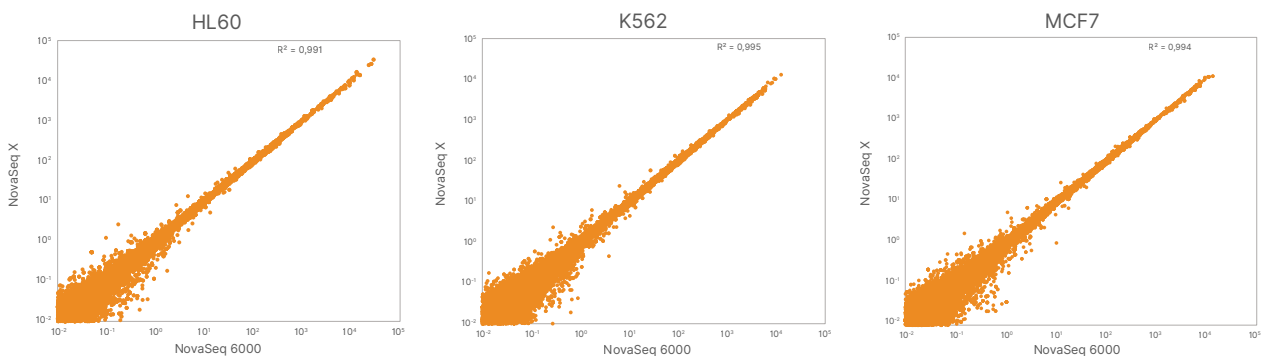


Figure 2 : Corrélations du séquençage de l'ARNm du transcriptome entier – Transcrits par million (TPM) pour les lignées de cellules cancéreuses : HL-60, K562 et MCF7.

Séquençage de méthylation

Les indicateurs de méthylation du génome entier ont été évalués pour comparer les performances de la série NovaSeq X et du NovaSeq 6000 System. Le NovaSeq X Plus System et le NovaSeq 6000 System ont tous deux démontré des chiffres pour quantifier le pourcentage de cytosines méthylées conformément aux attentes basées sur la documentation du produit (figure 3A). Une efficacité de cartographie plus élevée a été détectée sur le NovaSeq X Plus System pour les librairies appariées (figure 3B). Les graphiques de distribution de la couverture du génome entier montrent des résultats comparables avec une augmentation des CpG à couverture élevée (> 50x) entre le NovaSeq X Plus System et le NovaSeq 6000 System (figure 4).

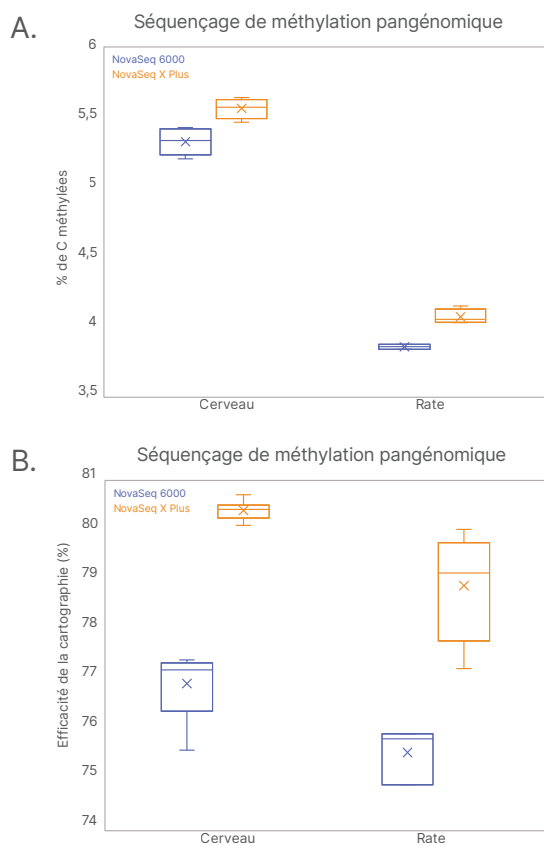


Figure 3 : Séquençage de méthylation du génome entier – Résultats Zymo-Seq WGBS pour le NovaSeq X Plus System et le NovaSeq 6000 System montrant : (A) le pourcentage de cytosines méthylées et (B) l'efficacité de la cartographie.

La conversion au bisulfite ou enzymatique transforme les cytosines non méthylées en uracile lors de la préparation des librairies. Il en résulte des librairies déséquilibrées qui étaient habituellement difficiles à séquencer et qui nécessitaient généralement un pourcentage élevé (> 5 %) de PhiX pour améliorer la diversité des bases. Sur la série NovaSeq X, un faible pourcentage (1 %) de PhiX était suffisant pour obtenir des analyses de haute qualité (tableau 8).

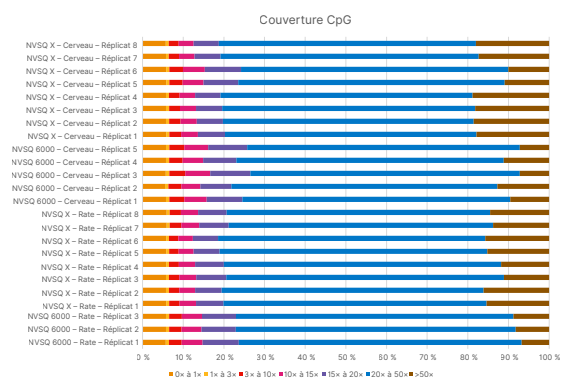


Figure 4 : Couverture du génome pour le séquençage de méthylation du génome entier – Résultats du test Zymo-Seq WGBS pour le NovaSeq X Plus System et le NovaSeq 6000 System montrant la distribution de la couverture CpG.

Tableau 8 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le séquençage de méthylation

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse	2 × 151 pb	2 × 151 pb
Base de la lecture 1 ≥ Q30	89,01 %	91,95 %
Base de la lecture 2 ≥ Q30	86,75 %	93,09 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,30 %	0,14 %
Taux d'erreur de la lecture 2	0,59 %	0,25 %
Nbre moyen d'échantillons	10	16

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

Multiomique unicellulaire

Les indicateurs de performance du test multiomique unicellulaire, notamment le scRNA-Seq pour mesurer l'expression génique et le scATAC-Seq pour mesurer l'accessibilité de la chromatine, ont été évalués. Les systèmes NovaSeq X Plus et NovaSeq 6000 ont dépassé les spécifications publiées en matière de qualité des données (tableau 9, tableau 10). Les représentations graphiques de l'algorithme t-SNE pour l'expression génique du scRNA-Seq (figure 5) et de l'accessibilité de la chromatine du scATAC-Seq (figure 6) montrent une excellente corrélation entre le NovaSeq X Plus System et le NovaSeq 6000 System.

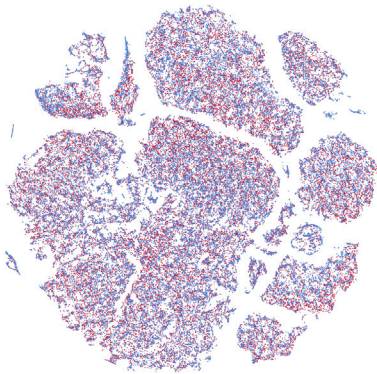


Figure 5 : Expression génique multiomique unicellulaire – Représentation graphique de l'algorithme t-SNE pour les bibliothèques scRNA-Seq séquençées sur le NovaSeq X Plus System (bleu) et le NovaSeq 6000 System (rouge).

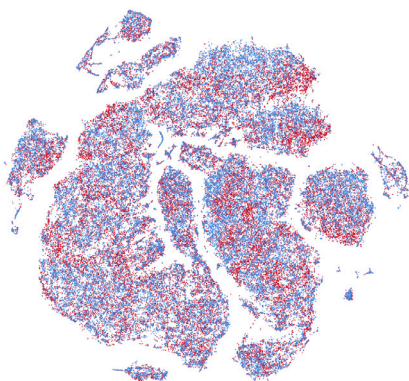


Figure 6 : Accessibilité de la chromatine multiomique unicellulaire – Représentation graphique de l'algorithme t-SNE pour les bibliothèques scATAC-Seq séquençées sur le NovaSeq X Plus System (bleu) et le NovaSeq 6000 System (rouge).

Tableau 9 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour le séquençage d'ARN unicellulaire multiomique

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse		
Lecture 1	28 pb	28 pb
Index 1	10 pb	10 pb
Index 2	10 pb	10 pb
Lecture 2	90 pb	90 pb
Base de la lecture 1 \geq Q30	97,11 %	97,35 %
Base de la lecture 2 \geq Q30	95,01 %	95,93 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,04 %	0,04 %
Taux d'erreur de la lecture 2	0,17 %	0,15 %
Nbre moyen d'échantillons	10	80
Nbre de gènes détectés	25 975	25 743
Nbre médian d'IMU par cellule	2 790	2 571
Nbre estimé de cellules par échantillon	3 880	3 882

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

Tableau 10 : Indicateurs d'analyse de séquençage pour l'ATAC-Seq multiomique unicellulaire

Indicateur	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuration de l'analyse		
Lecture 1	50 pb	50 pb
Index 1	8 pb	8 pb
Index 2	24 pb	24 pb
Lecture 2	49 pb	49 pb
Base de la lecture 1 \geq Q30	93,35 %	95,58 %
Base de la lecture 2 \geq Q30	92,21 %	94,24 %
Taux d'erreur de la lecture 1	0,08 %	0,09 %
Taux d'erreur de la lecture 2	0,28 %	0,16 %
Nbre moyen d'échantillons	10	80
Nbre estimé de cellules par échantillon	3 880	3 882

La moyenne des indicateurs des analyses à Flow Cell unique est calculée sur plusieurs Flow Cell avec un nombre variable de lignes. Toutes les analyses répondent aux spécifications publiées en matière de rendement. Le rendement par ligne n'est pas équivalent entre les Flow Cell S4 pour NovaSeq 6000 et les Flow Cell 10B pour NovaSeq X.

Résumé

Les systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus offrent une chimie, une optique, une informatique et une simplicité opérationnelles révolutionnaires pour transformer l'économie du séquençage à débit élevé. La série NovaSeq X propose un débit extraordinaire tout en fournissant le haut niveau de qualité des données que les utilisateurs attendent d'Illumina. La chimie XLEAP-SBS permet d'améliorer considérablement les durées d'analyse et le débit de séquençage sans sacrifier la qualité des données. Les données des principales méthodes couramment utilisées sur le NovaSeq 6000 System, notamment le séquençage du génome entier, le séquençage de l'exome entier, le séquençage du transcriptome entier, le séquençage de méthylation et la multiomique unicellulaire, ont été directement comparées aux données générées à l'aide du NovaSeq X Plus System. Les résultats montrent que les performances de la série NovaSeq X sont égales ou supérieures aux performances du NovaSeq 6000 System. Ils montrent également que la série NovaSeq X est capable de prendre en charge des applications exigeant un plus grand volume de données.

En savoir plus

Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus, illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq-x-plus.html

Ensembles de données indiqués dans cette note, basespace.illumina.com/datacentral

Références

1. National Institute of Standards and Technology. Genome in a Bottle. nist.gov/programs-projects/genome-bottle. Consulté le 27 juillet 2023.
2. Genome Reference Consortium. Human Genome Overview. NCBI website. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Consulté le 27 juillet 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. Publié en 2020. Consulté le 1er août 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. Publié le 6 juin 2023. Consulté le 1er août 2023.



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 |
Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
M-US-00201 FRA v1.0