NovaSeq™ X & NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템

보다 지속 가능한 방식으로 뛰어난 처리량과 혁신적인 경제성 실현

뛰어난 처리량과 정확도

큰 규모의 연구, 야심 찬 프로젝트, 데이터 집약적인 시퀀싱 방법에 적합한 뛰어난 처리량과 정확도

총 비용 절감

Chemistry와 인포매틱스 (informatics)의 혁신적 발전, 간단한 작동, 간소화된 워크플로우로 총 소유 비용 절감

지속 가능성을 고려한 혁신

동결 건조 시약으로 포장 크기, 중량, 플라스틱 사용량, 폐기물 양을 현저히 줄여 환경에 미치는 영향 최소화

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)과 드물게 발생하는 유전적 사건을 파악할 수 있는 딥 시퀀싱(deep sequencing)이 필요합니다. 또한 더 포괄적인 관점을 확보하기 위해서는 다양한 시퀀싱 방법과 멀티오믹스(multiomics) 연구가 필요합니다. NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템(NovaSeq X 시리즈)에 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.

그림 1: NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템
새로운 과학적 통찰을 제시할 대용량 유전체 분석 접근성을 강화하는 Illumina의 지속적인 기술 혁신이 집약된 시스템

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 52B 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).*

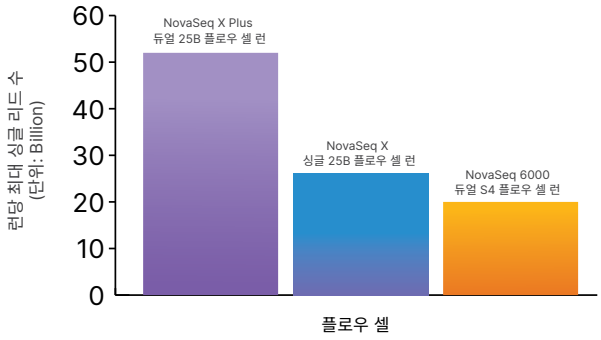

그림 2: 시퀀싱 데이터 아웃풋을 크게 높이는 NovaSeq X Plus 시스템
NovaSeq X Plus 시스템(듀얼 25B 플로우 셀 런), NovaSeq X 시스템(싱글 25B 플로우 셀 런), NovaSeq 6000 시스템(듀얼 S4 플로우 셀 런)의 런당 최대 생성 리드 수(단위: billion)를 비교한 그래프[1]

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

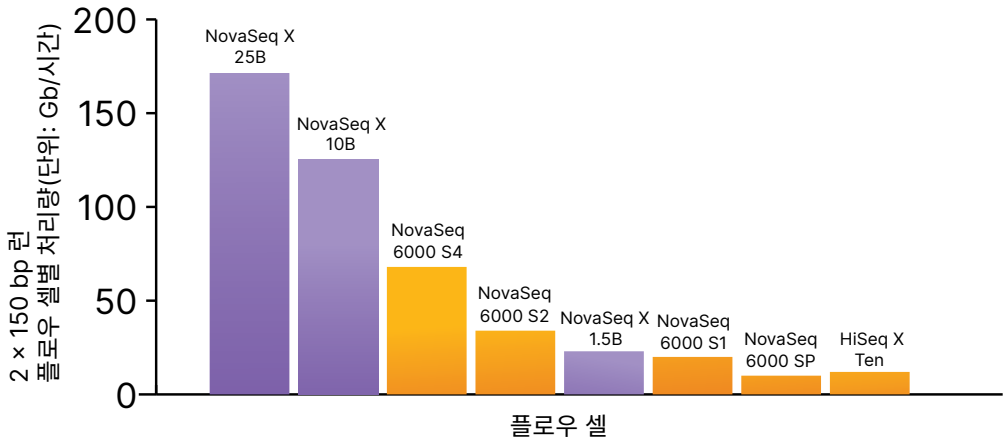

그림 3: Illumina 시퀀싱 시스템 중 가장 높은 처리량을 제공하는 NovaSeq X 시리즈
NovaSeq X Series 1.5B, 10B 및 25B Flow Cell, NovaSeq 6000 SP, S1, S2 및 S4 Flow Cell[1], HiSeq X Ten[2]의 시간당 데이터 아웃풋을 비교한 그래프

세 종류의 플로우 셀이 지원되므로 연구자는 처리량을 높여 듀얼 플로우 셀 런당 30× 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) 생성
- 고해상도 이미징을 위해 높은 개구수(numerical aperture), 맞춤형 고속 카메라, 파란색-초록색 광학 시스템을 통해 처리량과 데이터 품질 크게 향상
- 진보된 베이스 콜링(base calling) 알고리즘과 통합형 DRAGEN™ Secondary Analysis(온보드 및 클라우드 모두 지원)를 지원하여 수상 경력이 입증하는 정확성과 속도 확보[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 이미 그 성능이 입증된 SBS chemistry[5]를 기반으로 하는 XLEAP-SBS chemistry는 현격히 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 정확도(fidelity)로 결합할 수 있도록 설계되었습니다. 이렇듯 XLEAP-SBS chemistry는 다양한 기술 혁신을 통해 표준 SBS chemistry보다 최대 2배 빠른 사이클 속도와 최대 3배 높은 정확도를 제공합니다.[6]

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.[7] 또 XLEAP-SBS chemistry는 페어드 엔드 시퀀싱에도 적용이 가능하여 유전체 재배열(genomic rearrangement), 반복 시퀀스 요소(repetitive sequence element), gene fusion(유전자 융합), 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.[8]

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

표 1: NovaSeq 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	2.6 Tb
2 × 100 bp	330 Gb	2 Tb	5.3 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	5.3 Tb
2 × 100 bp	660 Gb	4 Tb	10.6 Tb
2 × 150 bp	1 Tb	6 Tb	16 Tb
플로우 셀당 필터 통과 리드 수[a]			
싱글 리드	1.6B 개	10B 개	26B 개
페어드 엔드 리드	3.2B 개	20B 개	52B 개
기기 런 타임[a,c]			
2 × 50 bp	약 17시간	약 18시간	약 25시간
2 × 100 bp	약 20시간	약 22시간	약 38시간
2 × 150 bp	약 23시간	약 25시간	약 48시간
Q-Score[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 인간 레퍼런스 DNA(CorieII, 카탈로그 번호: NA12878)를 이용해 만든 TruSeq™ DNA 라이브러리를 기준으로 하여 공식적으로 권장되는 클러스터(cluster) 밀도에서 얻은 수치를 근거로 한 사양. 실제 성능은 사용된 라이브러리의 종류와 품질, 삽입 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 타임(Run time)은 자동 온보드 클러스터 생성(cluster generation), 시퀀싱, 자동 포스트런 워시(post-run wash), 베이스 콜링 작업 시간을 포함함
d. Q-Score(quality score, 품질 점수)는 베이스 콜링에서 오류가 발생할 확률을 예측한 값을 의미함. 1회의 런 전반에 걸친 Q30 이상의 염기 백분율의 평균

연구 규모에 맞는 의미 있는 통찰력

NovaSeq X 시리즈는 매우 광범위한 애플리케이션과 획기적인 성능을 바탕으로 대용량 시퀀싱의 한계를 새롭게 정의하여 유전체학 연구를 한 단계 더 발전시킵니다. 중요한 샘플을 시퀀싱할 때 런 타임이 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 뎁스(depth)를 높임으로써 최대 해상도를 확보하여 저빈도(low-frequency) 신호 및 변이를 검출할 수 있습니다.

혁신적인 경제성 및 생산성 향상

NovaSeq X 시리즈는 최적의 총 소유 비용(total cost of ownership)으로 대용량 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).

표 2: 주요 애플리케이션의 예상 샘플 처리량[a]

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

a. 상기 샘플 처리량은 모두 추정치를 나타냄. 인간 유전체 샘플 처리량의 경우 30× 커버리지 달성을 위해 샘플당 > 120 Gb의 데이터 생성을 가정하여 계산한 수치임. 엑솜 샘플 처리량은 100× 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 프렙 키트에 따라 상이할 수 있음. 성능 메트릭스는 변경될 수 있음

b. 듀얼 플로우 셀 런은 NovaSeq X Plus 시스템에만 해당함

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

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

최상의 사용자 경험

NovaSeq X 시리즈 워크플로우의 각 단계는 연구 프로젝트의 완수에 요구되는 시간과 인력을 크게 줄일 수 있도록 최적화되어 있습니다(그림 5). NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템은 다음과 같이 세심한 인체공학적 설계와 사용성의 혁신을 적용하였습니다.

- 특대 사이즈 4K 해상도 터치스크린을 통해 한 눈에 런 진행 상황을 확인하고 기기에서 상세한 시퀀싱 성능 메트릭스를 볼 수 있음
- 간편하게 로딩만 하면 되는 시약 카트리지에 달린 창을 통해 육안으로 시약이 완전히 해동되었는지 확인 가능
- 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 있음
- 라이브러리 사용량이 4배 적어† 소중한 샘플의 울트라 딥 시퀀싱(ultra-deep sequencing)과 다루기 힘든 샘플의 새로운 활용 가능
- 자동 온보드 클러스터 생성 및 자동 포스트런 워시 기능으로 시퀀싱 워크플로우 간소화
- 유연한 런 계획 옵션을 통해 주요 애플리케이션에 대해 버튼 조작이 필요 없는 2차 분석 설정 가능(그림 6)
- 가볍고 취급이 쉬운 시약/버퍼 카트리지 및 폐기물 수거 용기 제공
- 서랍식으로 꺼낼 수 있는 키보드와 로딩 과정 중 소모품 서랍의 색상 변경을 통해 사용자에게 시각적인 도움을 주는 기능 지원

illumina.com/TourNovaSeqX에서 NovaSeq X 시리즈를 직접 확인해 보세요.

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

† NovaSeq 6000 시스템 온보드 워크플로우와 비교 시

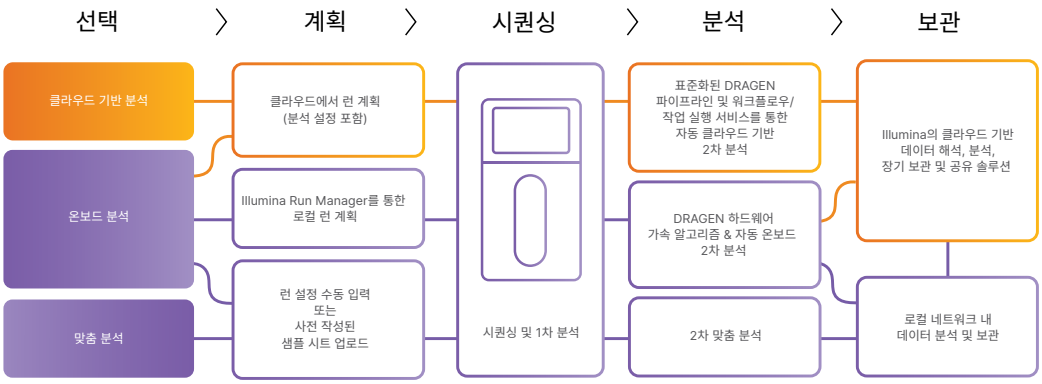

그림 6: 유연한 인포매틱스 제품군
사용자가 로컬(보라색) 또는 클라우드 기반(주황색) 런 설정, 런 관리 및 데이터 분석 시 옵션을 선택해 원하는 대로 시퀀싱을 수행할 수 있도록 해 주는 NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시스템

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(fastq.gz) 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 아키텍처를 적용한 DRAGEN Secondary Analysis는 multigenome(graph) mapper 및 머신 러닝(machine learning)을 활용하여 체계적으로 정확도를 높입니다.[3,4] 연구자는 NovaSeq X 시리즈에 통합된 DRAGEN 플랫폼(온보드 및 클라우드 모두 지원)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
- 메틸화 시퀀싱 연구용 DRAGEN Methylation 파이프라인

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

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 혁신은 다음과 같이 지속 가능성과 사용자 경험을 개선해 줄 수 있습니다.

- 드라이아이스나 아이스팩이 필요 없는 상온 배송으로 폐기물의 발생을 줄이고 패키지 개봉에 드는 시간을 절약함
- 수령 즉시 또는 해동 후 사용이 가능한 소모품으로 수작업 시간을 크게 단축하고 워크플로우를 간소화함
- 카트리지 볼륨을 50% 이상 줄여 랩에서 냉동고 및 저장 공간을 최적화할 수 있음‡
- 총 키트 중량을 약 4.5 kg까지 줄여 손쉬운 취급이 가능함
- 간편하게 분해 후 재활용이 가능한 부품을 사용하여 폐기가 간단하며 포장 폐기물이 약 90% 감소함
- 재활용 가능한 플라스틱과 96% 사탕수수로 만든 바이오폴리머(biopolymer) 기반의 버퍼 카트리지를 사용하여 플라스틱 사용량을 50% 이상 절감함‡

‡ NovaSeq 6000 Reagent Kit와 비교 시

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

연구용 애플리케이션	라이브러리 준비	시퀀싱	데이터 분석
WGS	Illumina DNA PCR-Free Prep	NovaSeq X Series 1.5B, 10B 또는 25B Flow Cell, 300사이클 키트	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
WES	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment	NovaSeq X Series 1.5B, 10B 또는 25B Flow Cell, 200사이클 키트	DRAGEN Enrichment
전사체 시퀀싱	Illumina Stranded Total RNA Prep Illumina Stranded mRNA Prep Illumina RNA Prep with Enrichment	NovaSeq X Series 1.5B, 10B 또는 25B Flow Cell, 200사이클 키트	DRAGEN RNA
메틸화 시퀀싱	Illumina DNA Prep	NovaSeq X Series 1.5B, 10B 또는 25B Flow Cell, 200사이클 키트	DRAGEN Methylation Pipeline

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

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 플랫폼을 합친 것보다 5배 더 많은 수치입니다.[9] Illumina는 수십 년간 쌓아 온 전문성을 토대로 혁신을 이루고 새로운 NGS 역량 및 애플리케이션을 개발하기 위해 끊임없이 노력하고 있습니다. 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. Illumina는 성숙한 글로벌 제조 인프라를 바탕으로 우수한 제품 일관성, 공급 및 품질을 제공합니다.

요약

NovaSeq X 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템은 WGS, 단일세포 시퀀싱 및 멀티오믹스 연구와 같은 데이터 집약적인 애플리케이션을 지원하는 놀라운 시퀀싱 역량을 선사합니다. 유전체학 연구자들은 XLEAP-SBS chemistry와 온보드 DRAGEN Secondary Analysis 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 및 NovaSeq X Plus 시퀀싱 시스템

DRAGEN Secondary Analysis

제품 목록

시퀀싱 시스템	카탈로그 번호
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	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 (100 cycles)	20125967
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (200 cycles)	20125968
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

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/시간, 평균 발열량 7507 BTU/시간 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 × 깊이 × 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	*1차 분석 데이터* 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 *1차 & 2차 분석 데이터:* 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

참고 문헌

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketingliterature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf. Published 2017. Updated 2022. Accessed June 1, 2022.
2. Illumina. HiSeq Sequencing Systems specification sheet. illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/products/datasheets/datasheet_hiseq_systems.pdf. Published 2011. Accessed November 06, 2024.
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/dragenwins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. Published November 9, 2020. Accessed November 06, 2024.
4. Illumina. DRAGEN secondary analysis data sheet. illumina.com/ content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketingliterature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bioit-data-sheet-m-gl-00680.pdf. Published 2018. Updated 2025. Accessed February 17, 2025.
5. Goodwin S, McPherson JD, McCombie WR. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nat Rev Gene*t. 2016;17(6):333-351. doi:10.1038/nrg.2016.49
6. Illumina. Presentation at JP Morgan Healthcare Conference. January 2022; San Diego, CA.
7. 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
8. 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
9. Data calculations on file. Illumina, Inc. 2022.

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

© 2025 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 v6.0 KOR