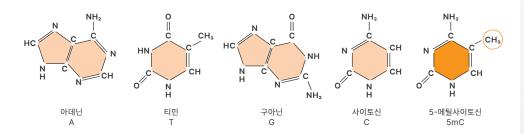
One assay. Dual insights.

뛰어난 정확도, 간편성 및 확장성을 기반으로 종합적인 유전자 발현 데이터를 얻어보세요. Illumina 5-base solution은 기존의 DNA 메틸화 분석과는 근본적으로 다른 접근 방식을 제시합니다. 새로운 chemistry, 최적화된 알고리즘 그리고 간소화된 워크플로우로 단 하나의 리드아웃을 가지고 유전체와 후성유전체를 동시에 연구할 수 있습니다.

하나의 assay로 유전자 변이 데이터와 메틸화 데이터 제공

DNA는 본질적으로 멀티오믹스 정보를 제공하며, 그중에서 변형된 염기는 후성유전적 정보를 담고 있습니다. Illumina 5-base solution은 5-메틸사이토신(5mC)과 변형되지 않은 A, T, G 및 C 염기를 검출하여 멀티오믹스 통찰력을 제시합니다.



바로 5mC을 T로 전환하는 새로운 chemistry

가장 일반적인 DNA 메틸화 검출 방법은 바이설파이트나 효소를 기반으로 메틸화되지 않은 C를 T로 전환하는 것입니다. 이러한 방법은 뉴클레오티드 다양성을 낮추어 리드의 정렬을 어렵게 할 수 있습니다. 또한 바이설파이트 처리는 DNA를 손상시킬 수 있어 데이터 갭을 초래할 수 있습니다. Illumina 5-base chemistry는 간단하게 단 한 단계를 통해 5mC을 바로 T로 전환하며, DNA 손상 없이 라이브러리 복잡성을 유지해 줍니다.



다른 메틸화 검출 방법 대비 Illumina 5-base solution의 장점

지표	바이설파이트	기존 효소 기반	Illumina 5-base
DNA 손상 확률	높음 X	중간 X	낮음 ✔
뉴클레오티드 다양성	낮음 X	낮음 X	높음 ✓
워크플로우 복잡성	높음 X	높음 X	낮음 ✔
메틸화 검출 정확도	높음 ✓	높음 ✓	높음 ✔
변이 검출 정확도	낮음 X	낮음 X	높음 ✔
			노은 효율성



간소한 멀티오믹스 워크플로우

- 단 한 단계를 통해 간편하게
 5mC을 T로 전환
- 하루 안에 손쉽게 라이브러리 준비 가능*
 - * 전장 유전체 시퀀싱 워크플로우에 해당



모든 리드의 효과적인 활용

- 높은 커버리지 균일성을 갖춘 결합된 메틸롬 및 유전체 정보 제공
- 높은 매핑 효율성으로 최대 시퀀싱 아웃풋 확보



간편해진 데이터 해석 절차

- Illumina Connected
 Multiomics를 통한 편리하고
 명확한 시각화 및 분석 기능
- DRAGEN™ Secondary Analysis를 통한 정확도 높은 유전체 및 후성유전체 동시 주석 기능



라이브러리 준비부터 데이터 분석까지, 간소한 Illumina 워크플로우



^{† 2026}년 상반기 키트 출시 예정

동일한 리드에서 정확도 높은 유전체 및 메틸롬 데이터 확보

1101 12112 12 122 1111



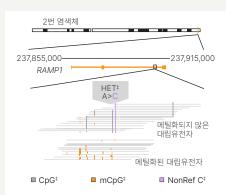
정확도 높은 메틸화 검출

유전자 변이 검출



유전체 전체에 걸친 생식세포 SNV‡검출 정확도

동시 검출



동일한 리드에서 두 가지 정보 확보

‡WGS = whole-genome sequencing(전장 유전체 시퀀싱); SNV = single nucleotide variant(단일 멈기서열 번이); HET = heterozygous(이형접합); CpG = cytosine-guanine dinucleotide(사이토신 -구아닌 디뉴클레오티드); mCpG = methylate cytosine-quanine dinucleotide(메달화된 사이토신 -구아닌 디뉴클레오티드); MonRef C = non-reference cytosine(비레퍼런스 사이토신)

멀티오믹스 분석을 더 쉽게

Illumina 5-base solution은 연구자가 간편하게 멀티오믹스 통찰력을 얻고 유전자 조절 메커니즘을 이해할 수 있게 해 줍니다. 이러한 풍부한 맥락 정보는 암 및 유전 질환 바이오마커의 발견에 활용되어 질병 연구와 치료제 개발 노력의 가속화에 기여할 수 있습니다.

Illumina 5-base solution에 대해 더 알아보기: illumina.com/5-base



