

Sequenziamento di nuova generazione ad alta precisione con NovaSeq™ X Series

La chimica XLEAP-SBS™ offre
dati di eccezionale qualità
per applicazioni genomiche
a elevata processività

- Sequenziamento dell'intero genoma
- Sequenziamento dell'intero esoma
- Sequenziamento dell'intero trascrittoma
- Sequenziamento per metilazione dell'intero genoma
- Sequenziamento multiomico a singola cellula

illumina®

Introduzione

I progressi tecnologici integrati nel NovaSeq X System e nel NovaSeq X Plus System forniscono miglioramenti in termini di processività e produttività che trasformano l'economia del sequenziamento a produzione scalabile. La chimica avanzata, l'ottica a risoluzione ultra-elevata, l'analisi secondaria integrata e la semplicità operativa si combinano per rendere NovaSeq X Series il nostro sistema di sequenziamento più efficace ed economico di sempre.

Il NovaSeq X Series si basa sulla chimica XLEAP-SBS, un passo in avanti più rapido, più affidabile e più solido verso la chimica comprovata del sequenziamento mediante sintesi (SBS, Sequencing By Synthesis) offerta da Illumina. I reagenti XLEAP-SBS vengono ottimizzati per le prestazioni e la velocità al fine di massimizzare la processività senza sacrificare i dati di alta qualità che gli utenti si aspettano.

Questa nota sull'applicazione dimostra che il NovaSeq X Series fornisce una qualità di dati che soddisfa o supera quella del NovaSeq 6000 System per i metodi chiave, tra cui il sequenziamento dell'intero genoma, il sequenziamento dell'intero esoma, il sequenziamento dell'intero trascrittoma, il sequenziamento per metilazione e la multiomica a singola cellula.

Metodi

Sequenziamento dell'intero genoma

Le librerie dell'intero genoma sono state preparate da DNA genomico (gDNA, genomic DNA) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) utilizzando il TruSeq™ PCR-Free Prep Kit (Illumina, n. di catalogo 20015963).

Il sequenziamento è stato eseguito sul NovaSeq X Plus System con il NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (Illumina, n. di catalogo 20085594) utilizzando la configurazione della corsa 2 × 151 bp (42 campioni su più corse). Per il confronto, le stesse librerie sono state sequenziate anche sul NovaSeq 6000 System con il NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (Illumina, n. di catalogo 20028312) utilizzando una configurazione della corsa 2 × 151 bp (24 campioni in una corsa).

L'analisi secondaria dei dati è stata eseguita utilizzando il flusso di lavoro basato su cloud della pipeline DRAGEN™ Germline v4.1. I dati di sequenziamento sono stati sottocampionati a una copertura 30× per confrontare le prestazioni di identificazione di varianti tra il NovaSeq X Plus System e il NovaSeq 6000 System.

Sequenziamento dell'esoma

Le librerie degli esomi sono state preparate da DNA genomico (gDNA) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) utilizzando Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (Illumina, n. di catalogo 2002554) per catturare le regioni genomiche target del Twist Comprehensive Exome Panel (Twist Bioscience, n. di catalogo 102033).

Il sequenziamento è stato eseguito sul NovaSeq X Plus System con il NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizzando la configurazione della corsa 2 × 101 bp (753 campioni su più corse). Per il confronto, le stesse librerie sono state sequenziate anche sul NovaSeq 6000 System con il NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) utilizzando una configurazione della corsa 2 × 101 bp (48 campioni in una singola corsia).

L'analisi secondaria dei dati è stata eseguita utilizzando il flusso di lavoro basato su cloud della pipeline DRAGEN Enrichment v4.0.3. L'accuratezza dell'identificazione di varianti è stata valutata rispetto al set vero Genome In A Bottle (GIAB) v3.3.2 e al genoma di riferimento hg19-alt-aware.^{1,2} I dati di sequenziamento sono stati sottocampionati a 30 milioni di coppie di letture per campione per confrontare le prestazioni di identificazione di varianti tra il NovaSeq X Plus System e il NovaSeq 6000 System.

Sequenziamento dell'intero trascrittoma

Le librerie di RNA totale e di RNA messaggero (mRNA) sono state preparate da RNA della linea cellulare della leucemia: HL-60 (Thermo Fisher Scientific, n. di catalogo AM7836) e K562 (BioChain, n. di catalogo R1255820-50) e RNA della linea cellulare del carcinoma mammario: MCF7 (BioChain, n. di catalogo R1255830-50) utilizzando Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus (Illumina, n. di catalogo 20040529) e Illumina Stranded mRNA Prep (Illumina, n. di catalogo 20040534).

Il sequenziamento è stato eseguito sul NovaSeq X Plus System con il NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizzando una configurazione della corsa di 2×75 bp e una ricetta personalizzata con ciclo "dark" per evitare la sporgenza T della prima base dalla preparazione della libreria.³ Il sequenziamento includeva 573 campioni per RNA-Seq totale e 2.304 campioni per mRNA-Seq, su più corse. Per il confronto, le stesse librerie sono state sequenziate anche sul NovaSeq 6000 System con il NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles) (Illumina, n. di catalogo 20028315) utilizzando una configurazione della corsa 2×76 bp. Sia per RNA-Seq totale sia per mRNA-Seq, sono stati analizzati 96 campioni ciascuno in una singola corsa.

L'analisi secondaria dei dati è stata eseguita utilizzando il flusso di lavoro basato su cloud della pipeline DRAGEN RNA v4.1. I dati di sequenziamento sono stati sottocampionati a 10 milioni di letture per tutti i campioni per confrontare i dati dell'espressione genica. I dati sono stati allineati rispetto al Genome Reference Consortium Human GRCh38 (gruppo h38).²

Sequenziamento per metilazione dell'intero genoma

Le librerie della metilazione sono state preparate da replicati di un set di campioni di cervello e milza umani abbinati (Zymo Research, n. di catalogo D5018) (otto replicati ciascuno per NovaSeq X Plus System e cinque replicati ciascuno per NovaSeq 6000 System) utilizzando lo Zymo-Seq WGBS Library Kit (Zymo Research, n. di catalogo D5465), in combinazione con l'Illumina DNA Prep Library Prep Kit (Illumina, n. di catalogo 20060059).⁴ Il controllo di *E. coli* non metilato è stato aggiunto allo 0,25% per accedere all'efficienza di conversione della citosina, che è stata stimata superiore al 99,5%.

Il sequenziamento è stato eseguito sul NovaSeq X Plus System con il NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizzando la configurazione della corsa 2×151 bp (16 campioni in una corsa). Per il confronto, le librerie sono state sequenziate sul NovaSeq 6000 System con il NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) utilizzando una configurazione della corsa 2×151 bp (10 campioni in una corsa).

L'analisi della metilazione è stata eseguita utilizzando il flusso di lavoro basato su cloud della pipeline DRAGEN Methylation. I dati di sequenziamento sono stati sottocampionati a 500 milioni di letture per campione per l'analisi a valle.

Multiomica a singola cellula

Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression fornisce letture congiunte dell'espressione genica e delle firme epigenetiche alla risoluzione su singola cellula. I campioni per il sequenziamento dell'RNA a singola cellula (scRNA-Seq) e il saggio a singola cellula per la cromatina accessibile alla trasposasi (scATAC-Seq) sono stati preparati congiuntamente da cellule mononucleate di sangue periferico (PBMC, Peripheral Blood Mononuclear Cell) umano crioconservate di un donatore maschio sano (di età <35 anni) ottenute da AllCells. I nuclei sono stati isolati come descritto in 10x Genomics Demonstrated Protocol-Nuclei Isolation for Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Sequencing (CG000365 Rev A). Le librerie accoppiate scRNA-Seq e scATAC-Seq sono state generate dai nuclei isolati come descritto in Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression User Guide (CG000338 Rev B).

Il sequenziamento è stato eseguito sul NovaSeq X Plus System con il NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (80 replicati in una corsa). Per il confronto, le stesse librerie sono state sequenziate anche sul NovaSeq 6000 System con il NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (10 replicati in una corsa). Le configurazioni della corsa sono state impostate in base ai parametri forniti da 10x Genomics: lettura 1 a 28 cicli, letture indici i7 e i5 a 10 cicli e lettura 2 a 90 cicli per le librerie di scRNA-Seq del multioma; lettura 1 a 50 cicli, lettura indici i7 a 8 cicli, lettura indici i5 a 24 cicli e lettura 2 a 49 cicli per le librerie scATAC-Seq del multioma.

L'analisi dei dati è stata eseguita utilizzando la pipeline di analisi Cell Ranger ARC v2.0 (10x Genomics) per contare i trascritti e i picchi di accessibilità alla cromatina in singole cellule.

Risultati

Il NovaSeq X Plus System consente di ottenere significativi vantaggi in termini di processività rispetto al NovaSeq 6000 System. La cella a flusso NovaSeq X 10B e la cella a flusso NovaSeq 6000 S4 possono entrambe fornire fino a 3 Tb di dati di sequenza 2 × 150 bp per cella a flusso. Tuttavia, la durata della corsa del NovaSeq X Series è quasi la metà della durata della corsa del NovaSeq 6000 System (Tabella 1).

Tabella 1: Output di sequenziamento comparabile in durate della corsa significativamente più brevi

Metrica	Cella a flusso NovaSeq 6000 S4	Cella a flusso NovaSeq X Plus 10B
Output 2 × 100 bp per corsa	1,6–4 Tb	Circa 2–4 Tb
Durata della corsa 2 × 100 bp	Circa 36 ore	Circa 22 ore
Output 2 × 150 bp per corsa	2,4–6 Tb	Circa 3–6 Tb
Durata della corsa 2 × 150 bp	Circa 44 ore	Circa 24 ore

Sequenziamento dell'intero genoma

Sono state valutate le metriche di analisi del sequenziamento dell'intero genoma (WGS, Whole-Genome Sequencing), tra cui la precisione e il richiamo sia per le varianti di singolo nucleotide (SNV, Single Nucleotide Variant) sia per le inserzioni-delezioni (indel). Sia il NovaSeq X Plus System sia il NovaSeq 6000 System hanno fornito dati di alta qualità e un'identificazione di varianti altamente accurata (Tabella 2, Tabella 3). Questi dati dimostrano che i risultati WGS sul NovaSeq X Series soddisfano o superano le prestazioni del NovaSeq 6000 System.

Tabella 2: Metriche della corsa di sequenziamento per WGS

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Basi lettura 1 ≥ Q30	92,17%	95,89%
Basi lettura 2 ≥ Q30	89,60%	94,30%
Tasso di errore lettura 1	0,25%	0,15%
Tasso di errore lettura 2	0,24%	0,23%

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsa non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

Tabella 3: Metriche di analisi secondaria per WGS

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Profondità di analisi	30×	30×
Copertura autosomica	31×	31×
SNP totali	3.041.268	3.041.454
Rapporto et:om	1,59	1,60
Rapporto Ti:Tv	1,99	1,98
Precisione SNP	99,95%	99,95%
Richiamo SNP	99,95%	99,96%
Precisione indel	99,64%	99,60%
Richiamo indel	99,61%	99,57%
Basi non corrispondenti lettura 1	0,48%	0,36%
Basi non corrispondenti lettura 2	0,61%	0,43%
N. medio di campioni	24	42

Sequenziamento dell'intero esoma

Sono state valutate le metriche dell'analisi primaria e secondaria del sequenziamento dell'intero esoma (WES, Whole-Exome Sequencing), inclusi i punteggi qualitativi, il tasso di errore, l'identificabilità degli autosomi, le letture allineate in percentuale, l'uniformità della copertura e la precisione e il richiamo sia per SNV sia per indel. Sia il NovaSeq X Plus System sia il NovaSeq 6000 System hanno fornito dati di alta qualità e un'identificazione di varianti altamente accurata (Tabella 4, Tabella 5). Questi dati dimostrano che i risultati WES sul NovaSeq X Series sono equivalenti alle prestazioni del NovaSeq 6000 System.

Tabella 4: Metriche della corsa di sequenziamento per WES^a

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa	2 × 101 bp	2 × 101 bp
Basi lettura 1 ≥ Q30	92,06%	96,63%
Basi lettura 2 ≥ Q30	90,96%	96,24%
Tasso di errore lettura 1	N/A ^b	0,10%
Tasso di errore lettura 2	N/A ^b	0,21%

- a. Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.
- b. Il campione di controllo PhiX non è stato utilizzato per queste corse NovaSeq 6000, quindi non sono mostrati tassi di errore.

Tabella 5: Metriche di analisi secondaria per WES

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Identificazioni autosomi	97,49%	97,53%
Letture allineate	99,28%	99,11%
Uniformità di copertura	97,17%	97,29%
Precisione SNP	99,77%	99,77%
Richiamo SNP	98,20%	98,30%
Precisione indel	97,57%	97,36%
Richiamo indel	88,53%	89,05%
N. medio di campioni	48	753

Sequenziamento dell'intero trascrittoma

Entrambi i sistemi NovaSeq X Plus System e NovaSeq 6000 System hanno superato le specifiche pubblicate per la qualità dei dati per RNA-Seq totale (Tabella 6) e mRNA-Seq (Tabella 7). La quantificazione dei trascritti ha mostrato un'eccellente concordanza tra le due piattaforme ($R^2 > 0,99$) per RNA-Seq totale (Figura 1) e per mRNA-Seq (Figura 2). Questi dati dimostrano che il sequenziamento dell'intero trascrittoma sul NovaSeq X Series produce una qualità dei dati che soddisfa o supera le prestazioni del NovaSeq 6000 System.

Tabella 6: Metriche della corsa di sequenziamento per RNA-Seq totale

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Basi lettura 1 ≥ Q30	91,83%	96,82%
Basi lettura 2 ≥ Q30	90,52%	96,37%
Tasso di errore lettura 1	0,44%	0,07%
Tasso di errore lettura 2	1,17%	0,15%
N. medio di campioni	96	573

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

Tabella 7: Metriche della corsa di sequenziamento per mRNA-Seq

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa	2 × 76 bp	2 × 75 bp
Basi lettura 1 ≥ Q30	91,47%	96,03%
Basi lettura 2 ≥ Q30	89,92%	95,65%
Tasso di errore lettura 1	0,74%	0,09%
Tasso di errore lettura 2	1,32%	0,16%
N. medio di campioni	96	2.304

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

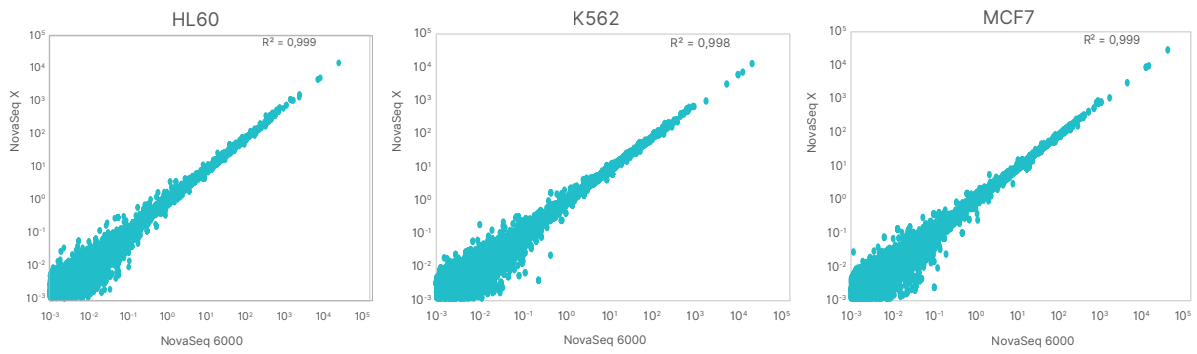


Figura 1: Correlazioni RNA-Seq totale dell'intero trascrittoma - Trascritti per milione (TPM, Transcript per million) per le linee cellulari tumorali: HL-60, K562 e MCF7.

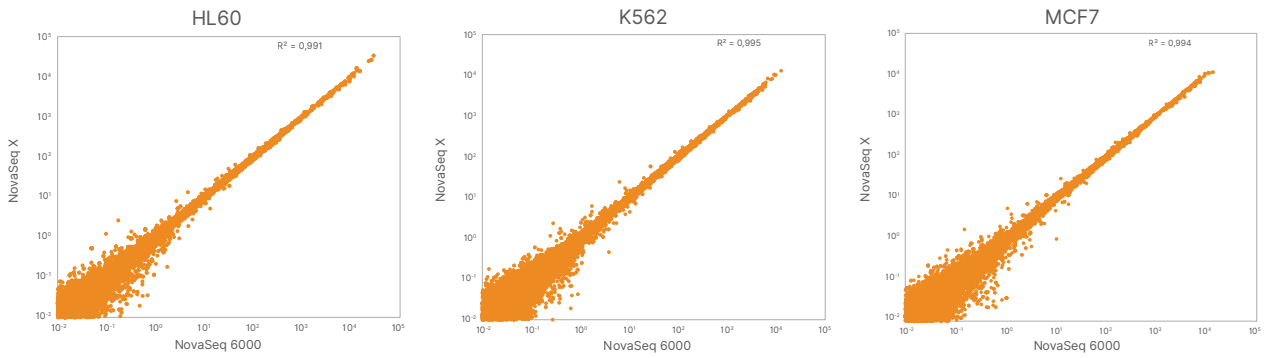


Figura 2: Correlazioni mRNA-Seq dell'intero trascrittoma - Trascritti per milione (TPM) per le linee cellulari tumorali: HL-60, K562 e MCF7.

Sequenziamento per metilazione

Le metriche di metilazione dell'intero genoma sono state valutate per confrontare le prestazioni del NovaSeq X Series con quelle del NovaSeq 6000 System. Sia il NovaSeq X Plus System sia il NovaSeq 6000 System hanno dimostrato numeri per la quantificazione della percentuale di citosine metilate in linea con quanto previsto in base alla documentazione dei prodotti (Figura 3A). È stata rilevata una maggiore efficienza di mappatura sul NovaSeq X Plus System per le librerie abbinate (Figura 3B). I grafici di distribuzione della copertura dell'intero genoma mostrano risultati comparabili con un aumento dei CpG ad alta copertura (>50x) tra il NovaSeq X Plus System e il NovaSeq 6000 System (Figura 4).

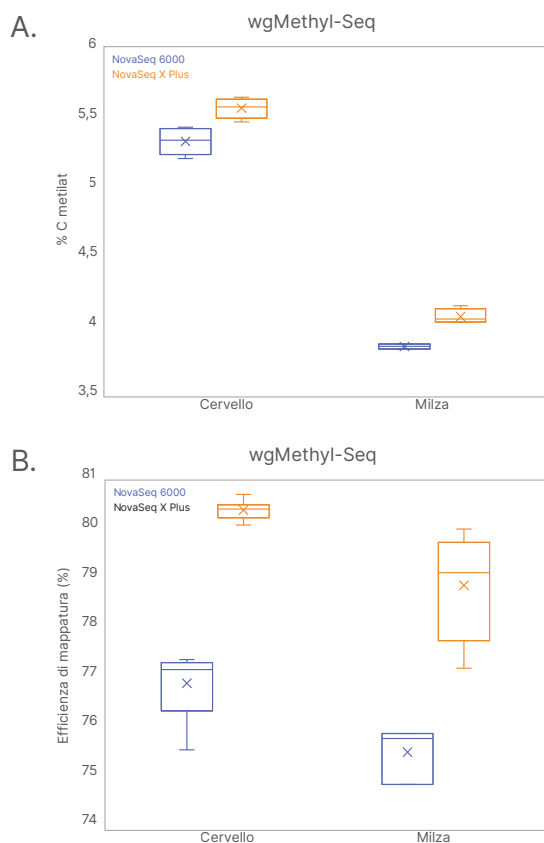


Figura 3: Sequenziamento per metilazione dell'intero genoma - I risultati WGBS Zymo-Seq per NovaSeq X Plus System e NovaSeq 6000 System mostrano (A) la percentuale di citosine metilate e (B) l'efficienza della mappatura.

La conversione enzimatica o con bisolfito trasforma le citosine non metilate in uracile durante la preparazione delle librerie. Questo si traduce in librerie non bilanciate che sono state tradizionalmente difficili da sequenziare e che solitamente richiedevano un'elevata percentuale (>5%) di PhiX per migliorare la diversità delle basi. Sul NovaSeq X Series una bassa percentuale (1%) di PhiX era sufficiente per ottenere corse di alta qualità (Tabella 8).

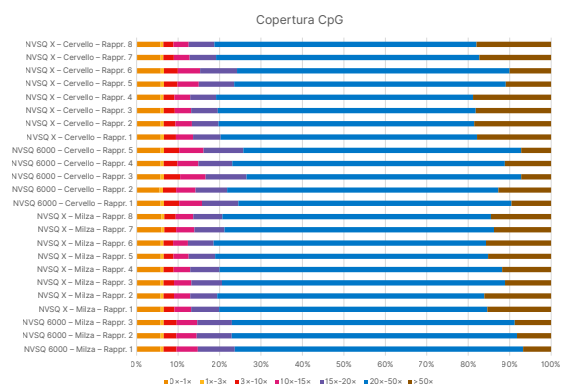


Figura 4: Copertura del genoma per il sequenziamento per metilazione dell'intero genoma - I risultati WGBS Zymo-Seq per NovaSeq X Plus System e NovaSeq 6000 System mostrano la distribuzione della copertura CpG.

Tabella 8: Metriche della corsa di sequenziamento per il sequenziamento per metilazione

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa	2 × 151 bp	2 × 151 bp
Basi lettura 1 ≥ Q30	89,01%	91,95%
Basi lettura 2 ≥ Q30	86,75%	93,09%
Tasso di errore lettura 1	0,30%	0,14%
Tasso di errore lettura 2	0,59%	0,25%
N. medio di campioni	10	16

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

Multiomica a singola cellula

Sono state valutate le metriche delle prestazioni per il saggio multiomico a singola cellula, inclusi scRNA-Seq per misurare l'espressione genica e scATAC-Seq per misurare l'accessibilità alla cromatina. Il NovaSeq X Plus System e il NovaSeq 6000 System hanno superato le specifiche pubblicate per la qualità dei dati (Tabella 9, Tabella 10). I grafici t-SNE per l'espressione genica scRNA-Seq (Figura 5) e l'accessibilità alla cromatina scATAC-Seq (Figura 6) mostrano un'eccellente correlazione tra il NovaSeq X Plus System e il NovaSeq 6000 System.

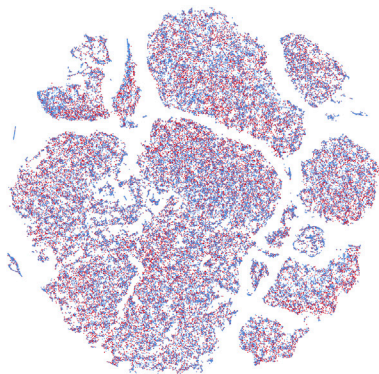


Figura 5: Espressione genica multiomica a singola cellula - I grafici t-SNE per le librerie scRNA-Seq sequenziate sul NovaSeq X Plus System (blu) e sul NovaSeq 6000 System (rosso).



Figura 6: Accessibilità della cromatina multiomica a singola cellula - I grafici t-SNE per le librerie scATAC-Seq sequenziate sul NovaSeq X Plus System (blu) e sul NovaSeq 6000 System (rosso).

Tabella 9: Metriche della corsa di sequenziamento per scRNA-Seq multiomico a singola cellula

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa		
Letture 1	28 bp	28 bp
Indice 1	10 bp	10 bp
Indice 2	10 bp	10 bp
Letture 2	90 bp	90 bp
Basi lettura 1 \geq Q30	97,11%	97,35%
Basi lettura 2 \geq Q30	95,01%	95,93%
Tasso di errore lettura 1	0,04%	0,04%
Tasso di errore lettura 2	0,17%	0,15%
N. medio di campioni	10	80
N. di geni rilevati	25.975	25.743
Mediana conteggi UMI per cellula	2.790	2.571
N. stimato di cellule per campione	3.880	3.882

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

Tabella 10: Metriche della corsa di sequenziamento per scATAC-Seq multiomico a singola cellula

Metrica	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configurazione della corsa		
Letture 1	50 bp	50 bp
Indice 1	8 bp	8 bp
Indice 2	24 bp	24 bp
Letture 2	49 bp	49 bp
Basi lettura 1 \geq Q30	93,35%	95,58%
Basi lettura 2 \geq Q30	92,21%	94,24%
Tasso di errore lettura 1	0,08%	0,09%
Tasso di errore lettura 2	0,28%	0,16%
N. medio di campioni	10	80
N. stimato di cellule per campione	3.880	3.882

Metriche delle corse con celle a flusso singole calcolate in media su più celle a flusso con un numero variabile di corsie. Tutte le corse hanno soddisfatto le specifiche pubblicate per la resa. La resa per corsia non è equivalente tra le celle a flusso NovaSeq 6000 S4 e le celle a flusso NovaSeq X 10B.

Riepilogo

Il NovaSeq X System e il NovaSeq X Plus Sequencing System si contraddistinguono per chimica, ottica, informatica e semplicità operativa all'avanguardia per trasformare l'economia del sequenziamento a elevata processività. Il NovaSeq X Series offre una processività straordinaria e, al contempo, fornisce i dati di alta qualità che gli utenti si aspettano da Illumina. La chimica XLEAP-SBS consente miglioramenti significativi nelle durate e nell'output delle corse di sequenziamento senza sacrificare la qualità dei dati. I dati dei metodi chiave comunemente eseguiti sul NovaSeq 6000 System, inclusi il sequenziamento dell'intero genoma, il sequenziamento dell'intero esoma, il sequenziamento dell'intero trascrittoma, il sequenziamento per metilazione e la multiomica a singola cellula, sono stati confrontati direttamente con i dati generati utilizzando il NovaSeq X Plus System. I risultati mostrano che le prestazioni del NovaSeq X Series soddisfano o superano le prestazioni del NovaSeq 6000 System e supporteranno applicazioni che richiedono più dati.

Maggiori informazioni

NovaSeq X System e NovaSeq X Plus Sequencing System, illumina.com/systems/sequencing-platforms/novaseq-x-plus.html

Serie di dati a cui si fa riferimento in questa nota, basespace.illumina.com/datacentral

Bibliografia

1. National Institute of Standards and Technology. Genome in a Bottle. nist.gov/programs-projects/genome-bottle. Consultato il 27 luglio 2023.
2. Genome Reference Consortium. Human Genome Overview. Sito web NCBI. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Consultato il 27 luglio 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. Pubblicato nel 2020. Consultato il 1° agosto 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. Pubblicato il 6 giugno 2023. Consultato il 1° agosto 2023.



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-US-00201 ITA v1.0