

NextSeq™ 1000 & NextSeq 2000 RNA 시퀀싱 솔루션

유전자 발현 및
전사체 분석을 위한 비용 대비
효과적인 통합 워크플로우

- 전장 전사체 분석 시 유연한 샘플 및 사용량 옵션을 지원하는 혁신적인 라이브러리 프랩 키트 포트폴리오
- 광범위한 RNA-Seq 애플리케이션에 맞게 자유롭게 조정 가능한 시퀀싱 처리량
- 최적의 워크플로우 효율성을 지원하는 통합된 DRAGEN™ Secondary Analysis 파이프라인



소개

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 RNA 시퀀싱 (RNA sequencing; 이하 RNA-Seq) 솔루션은 전사체 (transcriptome)에 대한 명확하고 포괄적인 정보를 제시하며, 최근 접근성이 크게 향상되었습니다. 이 솔루션에는 간소하고 효율적인 워크플로우를 제공하기 위해 업계를 선도하는 Illumina의 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) 기술, sequencing by synthesis(SBS) chemistry를 최적화한 새로운 XLEAP-SBS™ chemistry, 다양한 라이브러리 프렙 키트 그리고 데이터 분석 도구가 적용되어 있습니다(그림 1). 연구자는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템의 유연성과 확장성(그림 2)을 활용해 가변적인 양의 샘플을 효율적으로 처리하고 샘플 처리량과 정해진 시퀀싱 리드(read) 수의 적절한 균형을 찾을 수 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 RNA-Seq 솔루션은 기본적인 유전자 발현 프로파일링(gene expression profiling)부터 복잡한 전장 전사체 시퀀싱(whole-transcriptome sequencing)에 이르기까지 다양한 RNA-Seq 애플리케이션을 지원합니다.

RNA-Seq의 이점

RNA-Seq은 최근 최적의 대용량 전사체 프로파일링 방법으로 급부상했습니다.^{1,2} RNA-Seq은 연구자가 전사체를 특정 시점에서 면밀히 관찰할 수 있는 기회를 제공하며, 정량적 PCR(quantitative PCR)과 비교했을 때 다음과 같은 이점을 제공합니다.

그림 2: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템 — XLEAP-SBS chemistry와 온보드 2차 분석을 활용해 간소해진 시퀀싱 워크플로우를 제공하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

- 가설 없이 실험을 설계할 수 있어 전사체에 대한 사전 지식이 필요하지 않음.
- 알려진 전사물(transcript)과 새로운 전사물을 모두 검출하는 발견 역량을 제공함.
- 하나의 assay로 수백에서 수천 개의 영역을 정량하는 높은 처리량(high-throughput)을 지원함.
- 넓은 동적 범위(dynamic range)를 기반으로 더 정확하게 유전자 발현을 측정함.
- 하나의 assay로 더 많은 데이터를 얻어 전체 시퀀스와 변이 정보를 확보할 수 있음.

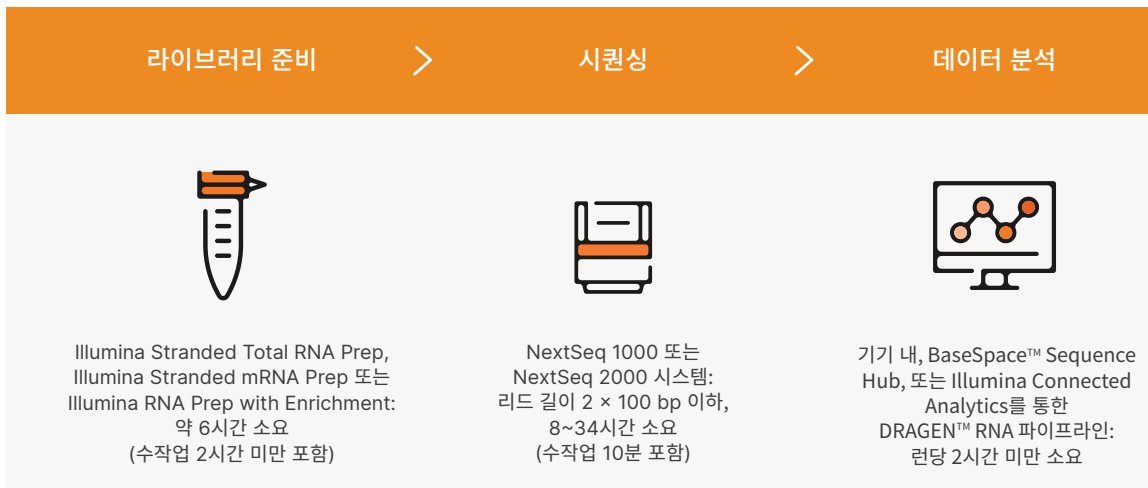


그림 1: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 RNA-Seq 워크플로우 — 정확도가 매우 높은 RNA 시퀀싱 데이터를 제공하는 간소한 통합 NGS 워크플로우의 한 구성 요소인 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템. 소요 시간은 실험 및 assay 종류에 따라 상이함.

통합 NGS 워크플로우

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 광범위한 라이브러리 프렙 솔루션 포트폴리오를 지원하므로 전사체 연구자의 다양한 요구 사항을 충족할 수 있습니다. 연구자는 여러 종류의 라이브러리 프렙 키트 중 낮은 품질의 RNA 샘플, 적은 양의 샘플 등 연구 시 흔히 겪는 어려움을 해결해 주고 자신의 실험 요건에 가장 적합한 키트를 선택할 수 있습니다.

ILLUMINA의 진보된 RNA 라이브러리 프렙 솔루션

ILLUMINA는 풍부한 RNA-Seq 연구 경험을 토대로 한 믿을 수 있는 입증된 RNA 라이브러리 프렙 솔루션을 제공합니다. ILLUMINA의 진보된 RNA 라이브러리 프렙 키트 포트폴리오는 연구자가 요구하는 고품질의 데이터를 제공하고 일반적으로 하루 안에 완료할 수 있는 간소한 워크플로우를 지원합니다. ILLUMINA는 세 가지 RNA 라이브러리 프렙 키트를 제공하고 있습니다(표 1).

- **ILLUMINA Stranded Total RNA Prep**은 Ribo-Zero™ Plus를 활용한 전장 전사체 시퀀싱을 지원하며, 코딩 RNA(coding RNA)와 여러 형태의 비코딩 RNA(non-coding RNA)를 포획하여 포괄적인 생물학적 정보를 제공합니다. 또한 ILLUMINA Stranded Total RNA Prep은 낮은 품질의 포르말린 고정 파라핀 포매(formalin-fixed, paraffin-embedded, FFPE) 샘플을 사용할 때도 안정적인 성능을 보여 줍니다.
- **ILLUMINA Stranded mRNA Prep**은 코딩 RNA에 중점을 둔 비용 대비 효율적인 분석 옵션을 제공합니다. ILLUMINA Stranded mRNA Prep은 높은 품질의 샘플*에서 추출한 모든 진핵생물 RNA(eukaryotic RNA)와 사용할 수 있습니다.
- **ILLUMINA RNA Prep with Enrichment**는 RNA-Seq에 비드 결합 트랜스포좀(bead-linked transposome, BLT) 기술을 적용한 키트로, 하루 안에 완료 가능한 신속한 RNA 인리치먼트 워크플로우(2시간 미만의 짧은 수작업 필요)를 지원합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에서 시퀀싱이 생성한 비가닥(nonstranded) RNA 데이터는 수많은 유전체 위치에 대한 귀중한 정보를 제공합니다.

* RNA 무결성 번호(RNA integrity number, RIN)가 8이 넘는 샘플을 의미하며, 이보다 품질이 더 낮은 샘플이나 FFPE 샘플은 ILLUMINA RNA Prep with Enrichment 또는 ILLUMINA Stranded Total RNA Prep의 사용이 권장됨.

표 1: ILLUMINA RNA 라이브러리 프렙 키트

	ILLUMINA Stranded Total RNA Prep	ILLUMINA Stranded mRNA Prep	ILLUMINA RNA Prep with Enrichment
방법	Ribo-Zero Plus로 라이게이션(ligation) ^a	라이게이션	(L) 태그멘테이션(tagmentation)
검출	코딩 및 비코딩 전사체	긴 아데닌 꼬리(poly(A) tail)가 있는 코딩 전사체	표적 코딩 영역 ^b
FFPE 호환 여부	O	X	O
사용량	1~1,000 ng ^c	25~1,000 ng	FFPE 외 샘플 10 ng, FFPE 샘플 20 ng
Assay 소요 시간 ^d	7시간	< 7시간	< 9시간
수작업 시간 ^d	< 3시간	< 3시간	< 2시간
자동화 지원 여부	O	O	O

a. 인간, 마우스, 래트, 세균 및 역학 연구 샘플 등 여러 종(species)의 샘플에서 풍부한 RNA를 제거하는 Ribo-Zero Plus를 포함.
 b. 인간 샘플에만 해당함. ILLUMINA Exome Panel 및 Respiratory Virus Oligos Panel V2로 검사함. ILLUMINA RNA Prep with Enrichment는 가닥 정보를 제공하지 않음.
 c. 높은 품질의 RNA일 경우 최소 사용량을 나타냄. ILLUMINA Stranded Total RNA Prep을 최적 품질의 샘플이나 FFPE 샘플과 사용 시 최소 10 ng이 권장됨.
 d. ILLUMINA Stranded Total RNA 및 ILLUMINA Stranded mRNA 워크플로우의 경우 최대 24개의 샘플을, 인리치먼트 워크플로우의 경우 1개의 샘플을 수동으로 처리했을 때 소요된 시간을 나타냄.

BaseSpace Clarity LIMS를 이미 사용 중인 연구자는 Illumina Stranded mRNA Prep, Illumina Stranded Total RNA Prep 및 Illumina RNA Prep with Enrichment의 프리셋 프로토콜을 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템과 함께 사용할 수 있습니다.

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 전사체 분석의 다양한 요구 사항을 충족하는 유연성과 확장성을 갖추고 있습니다. 연구자는 네 가지 플로우 셀 중 하나를 선택해 샘플 수와 샘플당 리드 수의 균형을 맞출 수 있습니다(표 2). 예를 들어, 유전자 발현 프로파일링(알려진 특징에 대한 유전자 레벨의 풍부도를 측정하는 방법) 연구 시 1회의 런(run)에서 최대 180개의 샘플[†]을 사용해 높은 처리량으로 분석할 수 있습니다. 또 전장 전사체 시퀀싱을 수행할 경우 런당 최대 36개의 샘플 사용해 코딩 RNA와 비코딩 RNA를 분석하거나, 런당 최대 72개의 샘플을 사용해 코딩 RNA를 분석함으로써 새로운 특징을 발견할 수도 있습니다(표 2, 표 3). Illumina는 연구자가 본인의 연구 분야와 연구 대상인 생물에 관한 1차 문헌을 참고해 실험 설계와 시퀀싱 깊이(depth)에 대한 최신 정보를 확인하는 것을 권장하고 있습니다.

[†] 유전자 발현 프로파일링 시 샘플당 리드 수는 10M 개로 가정함.

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 여러 애플리케이션 간 높은 유연성을 제공해 연구자가 시퀀싱 프로젝트 간 원활하게 전환할 수 있도록 해 줍니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 Illumina 및 타사의 다양한 라이브러리 프렙 키트와 호환이 가능하므로 벌크 RNA-Seq(bulk RNA sequencing), 단일세포 RNA-Seq(single-cell RNA sequencing), 전장 전사체 시퀀싱, 엑솜 시퀀싱(exome sequencing), 기타 애플리케이션으로 손쉽게 연구 방법을 변경할 수 있습니다. 예를 들어, 연구자는 NextSeq 1000 또는 NextSeq 2000 시스템으로 RNA-Seq과 엑솜 시퀀싱을 함께 수행하여 코딩 변이가 전사물 발현에 영향을 주는지 확인하거나, ATAC-Seq[‡]을 수행하여 크로마틴 접근성(chromatin accessibility)을 분석하고 기능 조절(functional regulation)의 특성을 파악할 수 있습니다.

XLEAP-SBS chemistry를 통한 새로운 발견

연구자는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템을 사용해 한층 더 향상된 리드 덱스로 연구의 질을 높임으로써 더 정확하게 배수 변화(fold-change)를 추정하고 더 높은 민감도로 유전자, 전사물 및 차등 발현(differential expression)을 검출할 수 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에는 가장 우수한 품질과 속도를 제공하는 강력한 Illumina의 SBS

[‡] ATAC-Seq = assay for transposase-accessible chromatin with sequencing

표 2: Illumina RNA-Seq 솔루션 및 플로우 셀당 샘플 처리량

방법	측정 항목	일반적인 샘플당 리드 페어(Read Pair) 수 ^a	라이브러리 프렙 키트	런당 플로우 셀별 처리 샘플 수						
				NextSeq 1000 및 NextSeq 2000				NovaSeq™ X 시리즈 ^d		
				P1	P2	P3 ^c	P4 ^c	1.5B	10B	25B
유전자 발현 정량	알려진 특징에 대한 유전자 레벨의 풍부도	10M 개	Illumina Stranded mRNA Prep ^b	10개	40개	120개	180개	150개	약 1,000개 ^e	약 2,500개 ^e
mRNA-Seq	코딩 RNA 풍부도 및 발견	25M 개	Illumina RNA Prep with Enrichment	4개	16개	48개	72개	약 60개	약 400개 ^e	약 1,000개 ^e
Total RNA-Seq	코딩/비코딩 RNA 풍부도 및 발견	50M 개	Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus	2개	8개	24개	36개	약 30개	약 200개	약 520개 ^e

a. Illumina Stranded Total RNA Prep 및 Illumina Stranded mRNA Prep은 2 × 75 bp, Illumina RNA Prep with Enrichment는 2 × 100 bp의 리드 길이(read length)가 권장됨.

b. Illumina Stranded mRNA Prep은 FFPE 샘플이 호환되지 않음. 낮은 품질의 샘플이나 FFPE 샘플은 Illumina RNA Prep with Enrichment 또는 Illumina Stranded Total RNA Prep의 사용이 권장됨.

c. P3 및 P4는 NextSeq 2000 시스템에서만 사용이 가능함.

d. NovaSeq X Plus 시스템은 싱글 플로우 셀 런(single flow cell run) 및 듀얼 플로우 셀 런(dual flow cell run)을 모두 지원함. NovaSeq X 시스템은 싱글 플로우 셀 런만 지원함.

e. 최대 384개의 고유한 듀얼 인덱스(unique dual index, UDI)의 사용이 가능함. NovaSeq X 시리즈는 개별 레인(lane) 로딩을 지원하므로 더 많은 샘플의 멀티플렉싱(multiplexing)이 가능함.

표 3: RNA-Seq 연구 시 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 성능 파라미터

플로우 셀	싱글 엔드 리드 수 ^a	리드 길이	데이터 아웃풋 ^a	런 타임 ^b	데이터 품질 ^c	요구되는 사용량
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS 시약	100M 개	2 × 150 bp	30 Gb	17시간		
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS 시약	400M 개	2 × 100 bp	80 Gb	19시간	Q30 이상 염기 ≥ 90%	Illumina RNA 프렙 키트 사용 시 10 ng~1 µg
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS 시약 ^d	1.2B 개	2 × 100 bp	240 Gb	31시간		
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS 시약 ^d	1.8B 개	2 × 100 bp	360 Gb	34시간		

a. 데이터 아웃풋은 공식적으로 권장되는 클러스터 밀도(cluster density)에서 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 한 개의 플로우 셀로 얻은 수치를 근거로 함.
 b. 런 타임에는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 수행한 클러스터 생성, 시퀀싱, 베이스 콜링(base calling) 시간이 포함됨.
 c. Q-Score(Quality score, 품질 점수)는 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 얻은 수치를 근거로 함. 성능은 라이브러리의 종류와 품질, 삽입 크기, 로딩 농도, 기타 실험 요인에 따라 상이할 수 있음. 전체 런에 걸쳐 > Q30인 염기(base)의 백분율의 평균을 산출한 값.
 d. P3 및 P4는 NextSeq 2000 시스템에서만 사용이 가능함.

chemistry인 XLEAP-SBS chemistry가 적용되었습니다. NextSeq 1000 또는 NextSeq 2000 시스템과 XLEAP-SBS 시약을 사용하면 Illumina의 벤치탑 시퀀싱 시스템 중 1M 개의 리드당 가장 적은 비용으로 가장 많은 수의 리드를 생성할 수 있습니다. 즉, 1M 개의 리드당 비용이 절감되고 시퀀싱 역량이 강화되므로 다음과 같은 혜택도 기대할 수 있습니다.

- 풍부도가 비교적 낮은 전사물에 관한 정보 수집을 위해 세포당 더 많은 샘플당 리드 선택 가능.
- 연구 예산 범위 내 실험 설계를 위해 더 많은 세포와 샘플 처리 가능.
- RNA 지형(landscape)의 복잡한 정보까지 포착하여 새로운 발견을 이끌어 내기 위한 한층 더 포괄적인 방법 제시.

연구자는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템의 다양한 플로우 셀 구성(표 3)을 활용해 요구되는 샘플 수와 데이터 아웃풋에 따라 연구 설계를 최적화할 수 있습니다. 예를 들어, NextSeq 2000 P4 플로우 셀로 한층 더 강화된 시퀀싱 역량은 랩에서 훨씬 더 쉽고 경제적으로 요건을 충족하는 연구를 설계하고 RNA-Seq을 하나의 일반적인 분자생물학 연구 도구로 이용할 수 있게 해 줍니다. 또한 이보다 더 높은 처리량이 요구될 경우 NovaSeq X 시리즈를 사용해 런당 최대 수백 개의 샘플을 처리하도록 연구 규모를 확대해 볼 수도 있습니다(표 2).

페어드 엔드 시퀀싱의 가치

연구자는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 싱글 엔드 리드(single-end read)와 페어드 엔드 리드(paired-end read)를 모두 시퀀싱할 수 있습니다. 싱글 리드 시퀀싱이 상대적으로 경제적인 유전자 발현 프로파일링 방법이지만,

페어드 엔드 RNA-Seq은 가닥 정보를 파악할 때 필요하며 몇 가지 큰 이점도 제공합니다. 예를 들면, 연구자는 insert(목적 유전자)의 양 말단에서 생성되는 리드 맵스 정보를 바탕으로 전사물 이성질체(isomer)를 효율적으로 구분할 수 있어, 전사물 레벨의 풍부도를 더 정확하게 검출하고 정량할 수 있습니다. 또한 페어드 엔드 정보는 유전자 융합(gene fusion) 및 삽입/결실(insertion/deletion, Indel) 변이의 검출 민감도를 크게 높여 줍니다.

Illumina의 간소한 분석 솔루션

DRAGEN Secondary Analysis

RNA-Seq 데이터는 정확하고 포괄적이며 효율적인 데이터 분석 파이프라인을 제공하는 Illumina의 DRAGEN Secondary Analysis를 사용해 분석할 수 있습니다.[§] Illumina의 DRAGEN RNA 파이프라인은 참조 유전체(reference genome)에 대한 RNA의 정확한 정렬(alignment), 변이 검출, 유전자 정량 그리고 스플라이스 접합부(splice junction)와 유전자 융합 후보의 특성 확인을 실행합니다(그림 3). DRAGEN RNA 파이프라인은 Illumina Connected Analytics 또는 BaseSpace Sequence Hub를 통해 클라우드 환경에서 실행되도록 런 설정 단계로 구성하거나, NextSeq 1000 및 NextSeq 2000의 온보드 DRAGEN 하드웨어를 사용해 기기 내 워크플로우로 실행할 수 있습니다.

§ DRAGEN 하드웨어는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템의 기기에 내장되어 있음. DRAGEN 라이선스는 기기에 포함되어 있으므로 별도 구매가 필요하지 않음.

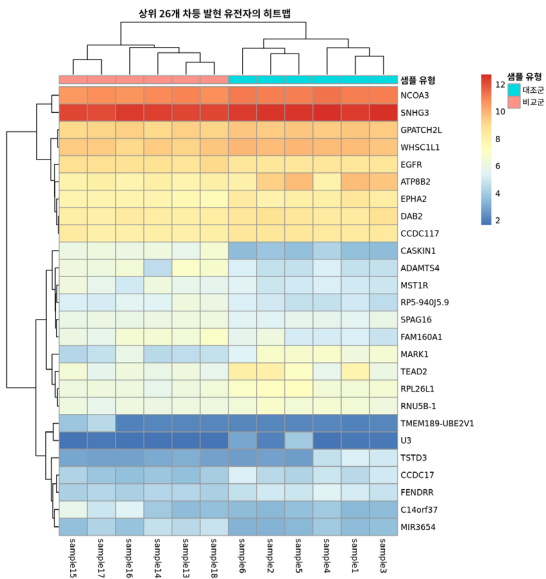


그림 3: DRAGEN RNA 파이프라인 — NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템 내에서, 또는 BaseSpace Sequence Hub나 Illumina Connected Analytics를 통해 클라우드 환경에서 사용할 수 있는 DRAGEN RNA 파이프라인의 차등 발현 히트맵의 스크린샷 예시

DRAGEN RNA 파이프라인은 직관적인 사용자 인터페이스를 통해 높은 품질의 데이터를 제공합니다. 또 사용자가 시퀀싱 시스템에서 생성된 파일을 선택하는 단계부터 분석 데이터와 결과를 확인하는 단계까지, 따르기 쉬운 단계별 지침을 화면에 표시해 줍니다. DRAGEN RNA 파이프라인을 통해 생성된 데이터는 다양한 후속 분석 도구로 바로 업로드가 가능합니다. DRAGEN 플랫폼 이외에도 Illumina Connected Analytics와 BaseSpace Sequence Hub는 데이터 시각화, 분석 및 공유 도구를 제공합니다.

Illumina의 포괄적인 기술 지원

Illumina는 라이브러리 준비, 시퀀싱 및 분석에 대한 전문 지식을 갖춘 숙련된 과학자들로 구성된 세계적인 수준의 기술지원팀을 운영하고 있습니다. Illumina의 기술지원팀은 고도의 자격을 갖춘 필드 서비스 엔지니어(field service engineer, FSE), 테크니컬 애플리케이션스 사이언티스트(technical applications scientist, TAS), 필드 애플리케이션스 사이언티스트(field applications scientist, FAS), 시스템 서포트 엔지니어, 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문가 그리고 IT 네트워크 전문가로 이루어져 있으며, NGS뿐만 아니라 전 세계 고객분들이 원하는 광범위한 애플리케이션에 대해 높은 이해력을 보유하고 있습니다. 기술 지원의 경우 전 세계적으로 전화 서비스는 주 5일, 온라인 서비스는 연중무휴 다국어로 제공되고 있습니다.

Illumina는 이렇듯 우수한 서비스와 기술 지원을 통해 고객분들이 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템을 최대한 효율적으로 활용하고, 신규 직원을 교육하며, 최신 기법과 모범 사례를 배울 수 있도록 노력하고 있습니다.

요약

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 RNA-Seq 솔루션은 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템의 역량, 속도 및 유연성, Illumina의 진보된 RNA 라이브러리 프렙 키트 그리고 사용이 용이한 RNA-Seq 소프트웨어를 RNA 샘플 준비부터 데이터 분석까지 전 단계를 아우르는 간소한 워크플로우에 모두 결합했습니다. 또한 네 가지 플로우 셀을 제공하므로 유전자 발현 프로파일링부터 전장 전사체 시퀀싱을 통한 발견에 이르기까지 연구자가 다양한 RNA-Seq 프로젝트를 비용 대비 효율적으로 수행할 수 있도록 해 줍니다.

상세 정보

[RNA 시퀀싱](#)

[Illumina RNA 라이브러리 프렙 키트 포트폴리오](#)

[NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템](#)

[DRAGEN Secondary Analysis](#)

[BaseSpace Sequence Hub 데모 데이터](#)

참고 문헌

- Geraci F, Saha I, Bianchini M. [Editorial: RNA-Seq Analysis: Methods, Applications and Challenges](#). *Front Genet.* 2020;11:220. doi:10.3389/fgene.2020.00220
- Corchete LA, Rojas EA, Alonso-López D, De Las Rivas J, Gutiérrez NC, Burguillo FJ. [Systematic comparison and assessment of RNA-seq procedures for gene expression quantitative analysis](#). *Sci Rep.* 2020;10(1):19737. doi:10.1038/s41598-020-76881-x

제품 목록

제품명	카탈로그 번호
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858

제품명	카탈로그 번호
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859
Illumina Stranded Total RNA Prep, Ligation with Ribo-Zero Plus (16 samples)	20040525
Illumina Stranded Total RNA Prep, Ligation with Ribo-Zero Plus (96 samples)	20040529
Illumina Stranded mRNA Prep, Ligation (16 samples)	20040532
Illumina Stranded mRNA Prep, Ligation (96 samples)	20040534
Illumina RNA Prep with Enrichment, (L) Tagmentation (16 samples)	20040536
Illumina RNA Prep with Enrichment, (L) Tagmentation (96 samples)	20040537
Illumina Exome Panel	20020183
Illumina RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091655
Illumina RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091657
Illumina RNA UD Indexes Set C, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091659
Illumina RNA UD Indexes Set D, Ligation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091661
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091654
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091656
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091658
Illumina DNA/RNA UD Indexes Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples) ^b	20091660

- a. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 사용되는 XLEAP-SBS Reagent Kit는 표준 SBS Reagent Kit와 동일한 온도로 배송 및 보관됨.
- b. 라이게이션 인덱스(Ligation index)는 total RNA 및 mRNA 프렙 키트와 호환이 가능함. 태그멘테이션 인덱스(Tagmentation index)는 DNA 및 RNA 인리치먼트 프렙 키트와 호환이 가능함.



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

© 2024 Illumina, Inc. All rights reserved.
 모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
 특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
 M-GL-00480 v4.0 KOR