

Infinium™ Global Screening Array-48 v4.0

집단 유전학 및
정밀 의학 연구를 위한
대용량 지노타이핑 솔루션

- 65만 개 이상의 주석이 달린 공공 연구 데이터베이스 변이에 대한 포괄적인 커버리지 제공
- 향상된 고밀도 비드를 사용해 하나의 BeadChip으로 48개의 샘플을 추가 처리 가능
- 처리량이 높고 확장이 가능한 워크플로우를 위한 고성능 EX chemistry 적용

illumina®

소개

Infinium Global Screening Array-48 v4.0은 모집단 연구(population study), 변이 스크리닝(variant screening) 및 정밀 의학(precision medicine) 연구를 위한 대용량(high-throughput) BeadChip 제품입니다(그림 1). 이 BeadChip은 임상 연구를 위한 약 65만 개의 표지자(marker), 샘플의 추적과 분류를 위한 품질 관리(quality control, QC) 표지자, 최대 5만 개의 커스텀 표지자를 포함한 여러 민족의 전장 유전체 백본(genome-wide backbone, GWB)을 제공합니다. 이 BeadChip에는 3일 이내에 결과를 보고할 수 있는 정확한 고밀도 assay인 Infinium EX chemistry가 적용되었습니다(표 1). BeadChip의 연구 콘텐츠는 ClinVar, NHGRI, PharmGKB, ExAC 등 주요 데이터베이스로부터 선별한 질병 연관성(disease association)이 확립되어 있는 변이를 포함합니다(그림 2, 표 2).¹⁻⁴

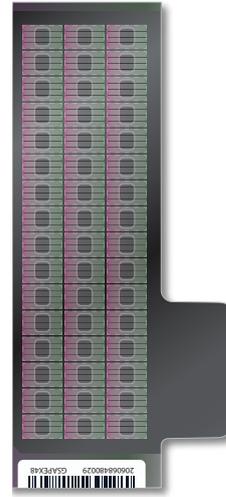


그림 1: Infinium Global Screening Array-48 v4.0 — 650,321개의 임상 관련성이 있는 표지자 포함 다민족 백본을 지원하는 유연한 BeadChip으로, 고밀도 Infinium EX chemistry를 적용해 신속한 대용량 분석을 지원함.

표 1: 제품 정보

항목	설명
종(Species)	인간
총 표지자 수 ^a	650,321개
BeadChip당 처리 샘플 수	48개
DNA 사용량	100 ng
Assay chemistry	Infinium EX
호환 가능 시스템 ^a	iScan™, Infinium Amplification System, Infinium Automated Pipetting System with ILASS ^b
iScan 시스템의 최대 샘플 처리량	주당 약 11,520개의 샘플 처리 가능
BeadChip당 스캔 시간 ^c	약 30분

a. Infinium EX chemistry 워크플로우는 Infinium 자동화 솔루션의 사용을 명시하고 있음.
 b. ILASS: Illumina Lab Automation Software Solution
 c. 근삿값, 스캔 소요 시간과 최대 처리량은 랩과 시스템 구성에 따라 상이함.

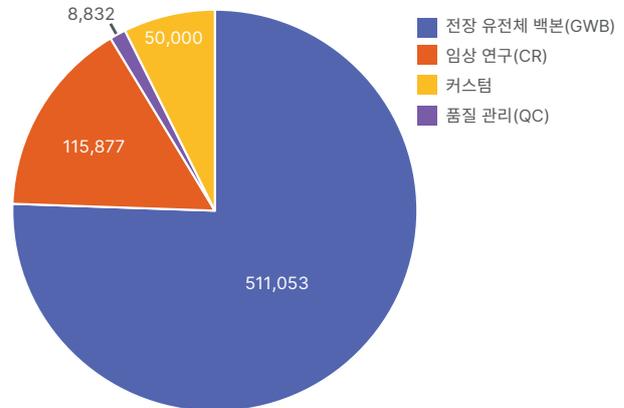


그림 2: 주석이 달린 연구 데이터베이스 콘텐츠의 요약 — 전장 유전체 커버리지, 임상 연구, 품질 관리(QC) 및 잠재적인 커스텀 표지자 콘텐츠를 위한 고유한 표지자의 분포

표 2: 주요 연구 데이터베이스로부터 얻은 고가치 콘텐츠

콘텐츠	표지자 수 ^a	연구 분야/참고 사항	콘텐츠	표지자 수	연구 분야/참고 사항
ACMG ⁵ 59 2016 gene coverage	18,446개	임상 WGS 및 WES 샘플에서 확인된 알려진 임상적 유의성이 있는 변이	GO ¹¹ CVS genes	99,142개	심혈관 질환
ACMG 59 all annotations	4,436개		Database of Genomic Variants ¹²	492,527개	유전체 SV
ACMG 59 pathogenic	2,588개		eQTLs ¹³	2,648개	mRNA 발현 레벨을 조절하는 유전체 유전자좌
ACMG 59 likely pathogenic	1,111개		Fingerprint SNPs ¹⁴	429개	개인 식별
ACMG 59 benign	145개		gnomAD ¹⁵ exome	73,179개	다양한 연구를 통해 얻은 비혈연 개체의 WES 및 WGS 결과
ACMG 59 likely benign	203개		HLA genes ¹⁶	446개	질병 방어, 이식 거부 반응, 자가면역 질환
ACMG 59 VUS	488개		Extended MHC ^{16c}	8,156개	질병 방어, 이식 거부 반응, 자가면역 질환
ADME ⁶ core and extended + CPIC genes	15,906개	약물의 흡수, 분포, 대사 및 배설	KIR genes ⁷	24개	자가면역 질환 및 질병 방어
ADME core and extended + CPIC genes +/- 10 kb	18,366개	조절 영역(Regulatory region) 포함	Neanderthal SNPs ¹⁷	1,498개	네안데르탈인 계통 및 인류 집단 이주
AIMs ^b	2,794개	조상 정보 표지자	Newborn/carrier screening gene	24,051개	TruSight™ Inherited Disease Sequencing Panel에 포함되어 있는 소아 질환 관련 유전자
APOE ⁷	11개	심혈관 질환, 알츠하이머병 및 인지 연구	NHGRI-EBI GWAS catalog ²	30,999개	GWAS를 통해 발표된 표지자
Blood phenotype genes ⁸	1,786개	혈액 표현형(phenotype)	PharmGKB ^{3,19} all	4,684개	약물 반응과 관련성이 있는 인간 유전자 변이
ClinVar ¹ variants	20,059개	변이, 표현형 및 인류 보건 간 관계	PharmGKB level 1A	218개	
ClinVar pathogenic	3,032개		PharmGKB level 1B	7개	
ClinVar likely pathogenic	1,351개		PharmGKB level 2A	33개	
ClinVar benign	8,072개		PharmGKB level 2B	44개	
ClinVar likely benign	2,820개		PharmGKB level 3	1,720개	
ClinVar VUS	4,199개		PharmGKB level 4	406개	
COSMIC ⁹ genes	290,137개		암의 체세포(somatic) 변이	RefSeq ²⁰ 3' UTRs	13,249개
CPIC ¹⁰ all	480개	잠재적인 약물 요법 최적화 가이드라인이 있는 변이	RefSeq 5' UTRs	6,000개	5' 비번역 영역 ^d
CPIC-A	331개		RefSeq All UTRs	18,677개	비번역 영역 ^d
CPIC-A/B	3개		RefSeq +/- 10 kb	378,074개	조절 영역 ^d
CPIC-B	17개		RefSeq Promoters	14,181개	프로모터 영역 포함을 위한 2 kb 업스트림 ^d
CPIC-C	42개		RefSeq Splice Regions	3,178개	Splice 부위의 변이 ^d
CPIC-C/D	1개				
CPIC-D	58개				

- a. 카테고리별 표지자 수는 내부 계산에 따라 변경될 수 있음.
- b. Extended MHC(확장된 MHC)란 8 Mb 영역을 의미함.
- c. 모든 알려진 유전자에 국한됨.

약어 - ACMG: American College of Medical Genetics(미국의학유전학회), ADME: absorption, distribution, metabolism, and excretion(흡수, 분포, 대사, 배설), AIM: ancestry-informative marker(조상 정보 표지자), APOE: apolipoprotein E(아포지단백 E), COSMIC: catalog of somatic mutations in cancer(암 체세포 변이 카탈로그), CPIC: Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium(임상 약물유전학 적용 컨소시엄), EBI: European Bioinformatics Institute(유럽 바이오인포매틱스 연구소), eQTL: expression quantitative trait loci(발현 양적 형질 유전자좌), gnomAD: Genome Aggregation Database(유전체 집계 데이터베이스), GO CVS: gene ontology annotation of the cardiovascular system(심혈관계 유전자 온톨로지 주석), GWAS: genome-wide association study(전장 유전체 연관성 연구), HLA: human leukocyte antigen(인간 백혈구 항원), KIR: killer cell immunoglobulin-like receptor(살해 세포 면역글로불린 유사 수용체), MHC: major histocompatibility complex(주조직 적합성 복합체), NHGRI: National Human Genome Research Institute(국립인간유전체연구소), PharmGKB: Pharmacogenomics Knowledgebase(약물유전체학 지식베이스), RefSeq: NCBI Reference Sequence Database(NCBI 레퍼런스 시퀀스 데이터베이스), SV: structural variant(구조적 변이), UTR: untranslated region(비번역 영역), VUS: variant of unknown significance(미분류 변이), WES: whole-exome sequencing(전장 엑솜 시퀀싱), WGS: whole-genome sequencing(전장 유전체 시퀀싱)

Infinium EX chemistry 워크플로우

Infinium Global Screening Array-48 v4.0 BeadChip은 진보된 Infinium EX chemistry를 기반으로 한 신속하고 정확한 assay 워크플로우를 제공합니다. 자동화에 최적화되어 있는 Infinium EX chemistry 워크플로우는 Infinium Automatic System 및 Infinium Automated Pipetting System with ILASS와 호환됩니다. 이 자동 워크플로우는 확장성을 크게 향상시키고 수작업 시간을 단축하며 인적 오류의 가능성을 줄여 줍니다. 또한 신속한 Infinium EX 워크플로우는 2~3일 안에 결과를 제공할 수 있습니다.

향상된 엑손 커버리지와 다양성을 갖춘 백본

Infinium Global Screening Array-48 v4.0 BeadChip은 모집단 간 imputation(결측값 대체) 커버리지에 최적화된 고밀도의 단일 염기 다형성(single nucleotide polymorphism, SNP) 백본으로 구축되어 있습니다. 업데이트된 전장 유전체 콘텐츠는 향상된 엑손 영역(exonic region)에서의 태깅 성능, 알려진 질병 또는 형질(trait) 연관성이 있는 전장 유전체 연관성 연구(GWAS) 유전자좌에 대한 강화된 커버리지를 포함합니다(그림 2, 표 3).

표 3: 표지자 정보

표지자 범주	표지자 수	
엑손 표지자 ^a	81,168개	
인트론(Intron) 표지자 ^a	257,722개	
년센스(Nonsense) 표지자 ^b	5,269개	
미스센스(Missense) 표지자 ^b	45,829개	
동의(Synonymous) 표지자 ^b	8,476개	
미토콘드리아 표지자 ^b	1,089개	
Indel ^c	8,471개	
성 염색체 ^c	X	상동 염색체당 PAR
	27,036개	3,887개 823개

a. RefSeq: NCBI Reference Sequence Database¹⁹
 b. UCSC Genome Browser와 비교.⁵
 c. NCBI Genome Reference Consortium, 버전 GRCh37²¹

아프리카계 미국인, 히스패닉, 태평양 섬 주민, 동아시아인, 유럽인, 혼혈인 등 인종적 배경이 다양한 사람들로부터 73,000개가 넘는 엑손 표지자를 선별했습니다. 이 어레이는 또한 기능성(functionality) 주석이나 연관성에 대한 강력한 근거가 있는 모집단 간 표지자와 모집단 특이적인 표지자 등 ExAC 데이터베이스의 모집단으로부터 얻은 엑손 콘텐츠를 제공합니다(표 4).⁴ 또 포용적 디자인을 채택하여 다유전자 위험 점수(polygenic risk score, PRS) 산출, 영양유전체학(nutrigenomics) 연구, 보고된 변이를 기반으로 한 임상 검증(clinical validation) 연구 등 다양한 애플리케이션에 활용이 가능합니다.

표 4: 모집단 간 엑손 커버리지

모집단 ^{a,b}	표지자 수
NFE	27,941개
EAS	32,336개
AMR	46,554개
AFR	43,304개
SAS	41,270개
NFE/EAS/AMR/AFR/SAS	22,769개

a. www.internationalgenome.org/category/population
 b. [gnomAD\(gnomad.broadinstitute.org/\)](http://gnomAD(gnomad.broadinstitute.org/)에 근거함.

약어 - NFE: non-Finnish European(비핀란드계 유럽인), EAS: East Asian(동아시아인), AMR: Ad Mixed American(혼합 미국인), AFR: African(아프리카인), SAS: South Asian(남아시아인)

알려진 질병 연관성이 있는 변이에 대한 광범위한 연구 커버리지

Infinium Global Screening Array-48 v4.0의 콘텐츠는 고가치 임상 연구를 위해 설계되었습니다. 이 콘텐츠는 광범위한 표현형과 질병 분류(disease classification)를 나타내는 NHGRI GWAS Catalog²에서 선별한 변이에 대한 커버리지를 제공합니다. 엄선된 표지자는 다양한 모집단을 연구하는 이들에게 많은 기회를 줄 수 있습니다.

이 BeadChip의 임상 연구 콘텐츠를 활용하면 과거 확인된 질병 연관성의 검증, 위험 프로파일링(risk profiling), 예측 선별 검사(predictive screening) 연구, 약물유전체학 연구를 수행할 수 있습니다.

선발된 변이는 ClinVar 및 NHGRI GWAS Catalog에 기반한 광범위한 표현형과 질환 분류를 나타냅니다(그림 3).^{1,2} 또한 이 질병 연구 콘텐츠는 양성(benign) 변이, 병원성(pathogenic) 변이, 유사 병원성(likely pathogenic) 변이, 미분류 변이(VUS)와 같은 다양한 병원성 표현형을 포함하는 ACMG 및 ClinVar 데이터베이스의 변이들을 커버합니다(그림 4).

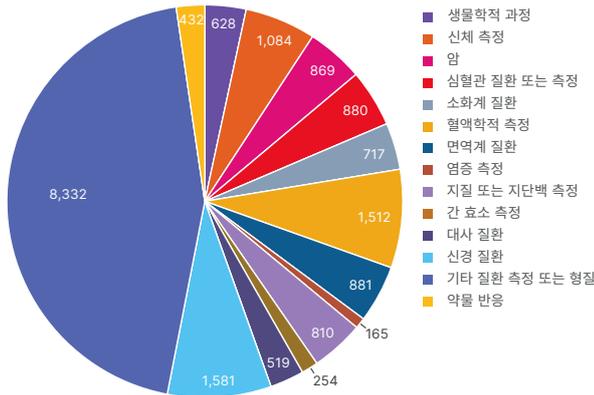


그림 3: 다양한 모집단을 포함하는 질병 연구 콘텐츠 — NHGRI GWAS 데이터베이스 범주를 기반으로 한 표현형 및 질환 분류를 광범위하게 커버하는 Infinium Global Screening Array-48 v4.0

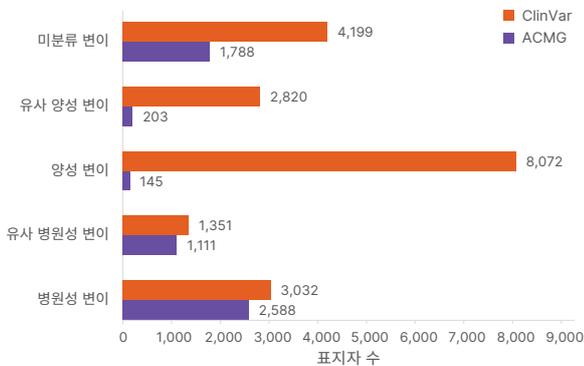


그림 4: ClinVar 및 ACMG 주석에 따른 변이 병리 분류의 분포 — 다양한 병원성 및 비병원성 근거를 커버하는 변이

업데이트된 연구용 콘텐츠

ClinVar와 같은 데이터베이스는 새로운 변이가 추가되고 변이가 "병원성" 또는 "유사 병원성"으로 재분류됨에 따라 지속적으로 진화합니다. Infinium Global Screening Array-48 v4.0은 이러한 주석이 달린 데이터베이스에 많이 포함되어 있는 고가치 변이에 대한 업데이트된 정보를 제공합니다. 이 어레이에 포함된 변이들은 ClinVar, PharmGKB 및 NHGRI-EBI 데이터베이스에서 선발된 알려진 질병 연관성이 있는 표지자들로 구성되어 있습니다.¹⁻³ 또한 이 BeadChip은 HLA 대립유전자, 확장된 MHC 영역, KIR 유전자 그리고 gnomAD 데이터베이스의 엑손 콘텐츠에 대한 imputation 기반의 태그 SNP도 제공합니다(표 2, 그림 5).^{7,15,16}

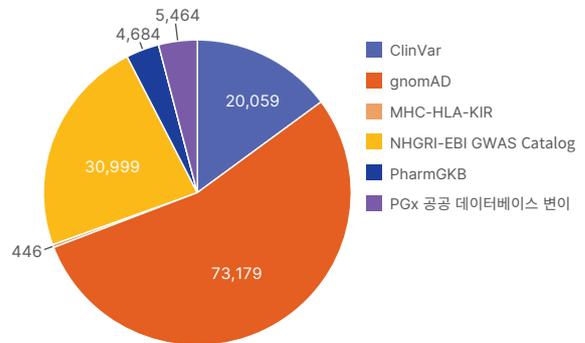


그림 5: 임상 연구 콘텐츠 — 주요 데이터베이스로부터 전문적으로 엄선한 임상 연구 콘텐츠를 통해 지원되는 폭넓은 애플리케이션

QC 표지자

Infinium Global Screening Array-48 v4.0은 약 8,800개의 QC 표지자를 포함하고 있습니다. 이 BeadChip의 QC 표지자는 높은 처리량을 요구하는 연구의 원활한 진행을 돕고 조상 확인(ancestry determination), 계층화(stratification) 등 샘플 추적 기능을 제공하기 위해 선발되었습니다(그림 6).



그림 6: 범주별 QC 콘텐츠 — 성별 결정 표지자, 대륙 조상 정보 표지자, 인간 연관(linkage) 표지자 등 약 8,800개의 표지자를 통해 다양한 샘플 추적 기능을 지원하는 BeadChip

고성능 Assay

Infinium Global Screening Array-48 v4.0 BeadChip은 믿을 수 있는 Infinium assay chemistry를 적용해 정확한 고성능 지노타이핑(genotyping, 유전형 분석) 솔루션을 제공합니다(표 5).

표 5: 데이터 성능[†] 및 프로브 간격

데이터 성능	관찰값		제품 사양 ^b
콜 비율(Call rate)	99.6%		> 평균 99.0%
재현성(Reproducibility)	99.99%		> 99.90%
Log R 편차(deviation)	0.11 ^c		< 평균 0.30 ^d
	평균	중앙값	90번째 백분위수 ^c
프로브 간격 (Probe spacing)	4.6 kb	2.4 kb	11.0

a. 여성 샘플에서는 Y 염색체 표지자를 제외함.
 b. GenTrain 샘플 세트에 얻은 결과에 근거함.
 c. 표준 Illumina 프로토콜을 사용하는 일반적인 프로젝트에 예상되는 값.
[†] 연구 전용이며, 본 사양은 임상/진단 용도로 승인되지 않음.

Infinium EX chemistry

Infinium EX chemistry는 자동화에 최적화되어 있으며, Infinium Amplification System 및 Infinium Automated Pipetting System과 호환이 가능합니다. 자동 워크플로우는 수작업 시간을 크게 단축시키고, Infinium Global Screening Array-48 v4.0 BeadChip 사용 시 인적 오류의 발생 가능성을 줄여 줍니다. Infinium EX 워크플로우는 빠르면 2일 안에 결과를 제공할 수 있습니다(그림 7).



*필요시 이 시점에서 워크플로우 중단 후 이튿날 재개 가능.

그림 7: Infinium EX 48-sample 워크플로우 — 최소한의 수작업 시간만이 필요한 2일 또는 3일 내 완료 가능한 선택적인 워크플로우 옵션을 제공하는 Infinium EX 48-sample 워크플로우

강력하고 정확한 2차 분석 소프트웨어 옵션

Illumina는 대규모 랩과 소규모 랩의 요구 사항을 모두 충족할 수 있는 다양한 어레이 분석 솔루션을 제공합니다. DRAGEN™ Array 분석 소프트웨어는 Infinium 마이크로어레이 데이터의 정확하고 포괄적이며 효율적인 2차 분석을 실행합니다. DRAGEN Array는 로컬과 클라우드, 이렇게 두 가지 환경에서 사용이 가능합니다. 대규모 마이크로어레이 유전체 연구를 수행하는 고급 사용자의 경우, 직관적인 인터페이스를 갖춘 로컬 커맨드라인(command-line) 패키지를 이용해 세부적인 제어와 유연성을 손쉽게 얻을 수 있습니다. 또는 사용이 용이한 BaseSpace™ Sequence Hub 인터페이스를 통해 클라우드에서 DRAGEN Array 소프트웨어를 실행할 수 있습니다. 두 버전 모두 효율적인 지노타이핑 성능과 높은 데이터 정확도를 제공합니다. 분석 결과는 후속 분석 호환성을 위해 VCF 형식으로 저장할 수 있습니다.

GenomeStudio™ 소프트웨어는 Illumina의 모든 어레이 기반 지노타이핑 assay 제품을 지원하는 통합 데이터 분석 플랫폼입니다. 이 소프트웨어는 데이터 분석 결과를 그래픽으로 표시하고 광범위한 전장 유전체 관점에서 세분화된 단일 염기(base) 관점까지 다양한 모드를 제공하므로 연구자가 Illumina 지노타이핑 assay를 통해 생성한 대량의 데이터 세트를 충분히 이해할 수 있게 해 줍니다. 또 GenomeStudio 소프트웨어는 연구자가 고해상도의 전장 유전체 데이터를 효과적으로 살펴볼 수 있도록 분석 결과를 여러 배율(scale)로 표시합니다.

요약

Infinium Global Screening Array-48 v4.0은 중간 또는 높은 처리량을 요구하는 연구에 적합한 고밀도 지노타이핑 assay입니다. 모집단 연구와 임상 연구 등 다양한 애플리케이션을 지원하기 위해 약 65만 개의 표지자를 엄선했습니다. Infinium EX chemistry는 높은 정확도, 측정이 어려운 표적의 검출, 짧은 작업 시간을 제공합니다. 랩은 이 BeadChip을 Infinium Automated Pipetting System with ILASS 및 Infinium Amplification System과 결합함으로써 최소한의 수작업만을 통해 대량의 샘플을 처리할 수 있는 처리량이 높은 연구 옵션을 확보할 수 있습니다.

상세 정보

[Infinium Global Screening Array-48 v4.0](#)

[DRAGEN Array 소프트웨어](#)

[GenomeStudio 소프트웨어](#)

제품 정보

Infinium Global Screening Array-48 v4.0 키트	카탈로그 번호
48 samples	20065217
96 samples	20068344
1152 samples	20068345
Infinium Global Screening Array-48+ v4.0 키트	카탈로그 번호 ^a
48 samples	20068360
96 samples	20068361
1152 samples	20068362

a. 20068360, 20068361 및 20068362는 커스텀 표지자 콘텐츠의 추가를 지원함.

참고 문헌

- Landrum MJ, Lee JM, Riley GR, et al. [ClinVar: public archive of relationships among sequence variation and human phenotype](#). *Nucleic Acids Res.* 2014;42(Database issue):D980–D985. doi:10.1093/nar/gkt1113
- National Human Genome Research Institute. [genome.gov](#). Accessed April 25, 2023.
- Whirl-Carrillo M, Huddart R, Gong L, et al. [An Evidence-Based Framework for Evaluating Pharmacogenomics Knowledge for Personalized Medicine](#). *Clin Pharmacol Ther.* 2021;110(3):563–572. doi:10.1002/cpt.2350
- Karczewski KJ, Weisburd B, Thomas B, et al. [The ExAC browser: displaying reference data information from over 60 000 exomes](#). *Nucleic Acids Res.* 2017;45(D1):D840–D845. doi:10.1093/nar/gkw971
- Green RC, Berg JS, Grody WW, et al. ACMG recommendations for reporting of incidental findings in clinical exome and genome sequencing [published correction appears in *Genet Med.* 2017 May;19(5):606]. *Genet Med.* 2013;15(7):565–574. doi:10.1038/gim.2013.73
- PharmaADME Gene List. [pharmaadme.org](#). Accessed December 15, 2020.
- Kent WJ, Sugnet CW, Furey TS, et al. [The human genome browser at UCSC](#). *Genome Res.* 2002;12(6):996–1006. doi:10.1101/gr.229102
- Patnaik SK, Helmberg W, Blumenfeld OO. [BGMUT Database of Allelic Variants of Genes Encoding Human Blood Group Antigens](#). *Transfus Med Hemother.* 2014;41(5):346–351. doi:10.1159/000366108.
- Forbes SA, Bhamra G, Bamford S, et al. [The Catalogue of Somatic Mutations in Cancer \(COSMIC\)](#). *Curr Protoc Hum Genet.* 2008;Chapter 10:Unit-10.11. doi:10.1002/0471142905.hg1011s57
- Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC). [cpicpgx.org](#). Accessed April 25, 2023.
- Ashburner M, Ball CA, Blake JA, et al. [Gene ontology: tool for the unification of biology](#). *The Gene Ontology Consortium.* *Nat Genet.* 2000;25(1):25–29. doi:10.1038/75556
- MacDonald JR, Ziman R, Yuen RK, Feuk L, Scherer SW. [The Database of Genomic Variants: a curated collection of structural variation in the human genome](#). *Nucleic Acids Res.* 2014;42(Database issue):D986–D992. doi:10.1093/nar/gkt958
- Wong KM, Langlais K, Tobias GS, et al. [The dbGaP data browser: a new tool for browsing dbGaP controlled-access genomic data](#). *Nucleic Acids Res.* 2017;45(D1):D819–D826. doi:10.1093/nar/gkw1139
- Osier MV, Cheung KH, Kidd JR, Pakstis AJ, Miller PL, Kidd KK. [ALFRED: an allele frequency database for diverse populations and DNA polymorphisms—an update](#). *Nucleic Acids Res.* 2001;29(1):317–319. doi:10.1093/nar/29.1.317
- gnomAD, Genome Aggregation Database. [gnomad.broadinstitute.org](#). Accessed April 25, 2023.
- de Bakker PI, McVean G, Sabeti PC, et al. [A high-resolution HLA and SNP haplotype map for disease association studies in the extended human MHC](#). *Nat Genet.* 2006;38(10):1166–1172. doi:10.1038/ng1885
- Green RE, Krause J, Briggs AW, et al. [A draft sequence of the Neandertal genome](#). *Science.* 2010;328(5979):710–722. doi:10.1126/science.1188021
- Illumina (2017). [TruSight Inherited Disease Sequencing Panel Data Sheet](#). [support.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/apac/china/documents/datasheet_trusight_inherited_disease.pdf](#). Accessed April 25, 2023.
- Gaedigk A, Casey ST, Whirl-Carrillo M, Miller NA, Klein TE. [Pharmacogene Variation Consortium: A Global Resource and Repository for Pharmacogene Variation](#). *Clin Pharmacol Ther.* 2021;110(3):542–545. doi:10.1002/cpt.2321
- NCBI. RefSeq - NCBI Reference Sequence Database. [ncbi.nlm.nih.gov/refseq](#). Accessed April 25, 2023.
- NCBI. Genome assembly GRCh37. [ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCF_000001405.13/](#). Accessed April 25, 2023



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.html](#)을 참조하십시오.
 M-KR-00222 KOR