

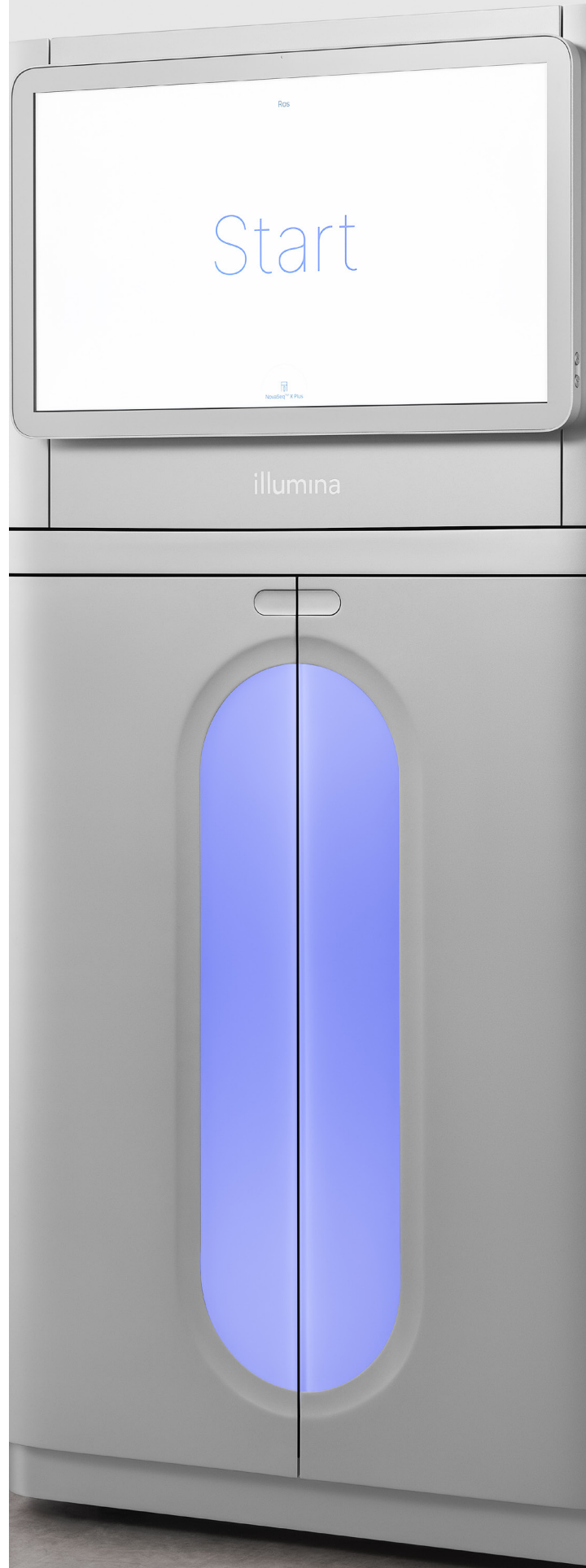
# Sistemas de sequenciamento NovaSeq™ X e NovaSeq X Plus

Rendimento inigualável,  
alta eficiência econômica  
e sustentabilidade inédita

- Alcance novos patamares de produtividade e precisão para projetos de grande escala, projetos ambiciosos e análises intensivas de dados
- Reduza o custo total de propriedade com inovações revolucionárias em química e informática que proporcionam simplificação operacional e fluxos de trabalho mais eficientes
- Minimizar o impacto ambiental com reagentes liofilizados para obter reduções significativas no tamanho, peso, plásticos e resíduos de embalagens

**illumina**®

Somente para pesquisa. Não deve ser usado em procedimentos de diagnóstico.



## Introdução

Inovações no campo da genômica estão ampliando os limites do que o sequenciamento de última geração pode fazer. Para solucionar questões biológicas desafiadoras, é necessário utilizar um poder estatístico ampliado, envolvendo estudos mais extensos e um sequenciamento profundo para detectar eventos genéticos raros. Uma visão mais abrangente também requer uma gama mais ampla de métodos de sequenciamento e multiômicos. Os avanços tecnológicos incorporados aos sistemas de sequenciamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus (série NovaSeq X) proporcionam enormes ganhos de rendimento e produtividade para permitir o sequenciamento de até dezenas de milhares de genomas por ano. Agora, graças a esta economia transformadora no sequenciamento, projetos antes considerados inatingíveis estão ao alcance dos cientistas genômicos (Figura 1).

Com a série NovaSeq X, a Illumina continua a definir o padrão de precisão e usabilidade. Inovações de ponta em química, óptica e software se unem para proporcionar um desempenho excepcional em termos de velocidade, qualidade dos dados e sustentabilidade. Os usuários podem desfrutar de uma alta produtividade e escalabilidade, mas sem deixar de lado a flexibilidade, simplicidade e facilidade de utilização de fluxos de trabalho.

## Inovação que impulsiona o campo da genômica através de uma precisão sem igual

Com os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus, é possível alcançar o rendimento e a precisão exigidos para aplicações que demandam grandes volumes de dados, proporcionando insights importantes em grande escala. A série NovaSeq X oferece uma redução de até 60% no custo por gigabase (Gb) em relação ao NovaSeq 6000 System.<sup>1</sup> O NovaSeq X Plus System é o nosso sistema de sequenciamento mais avançado até hoje, com até 16 terabases (Tb) de saída (ou até 52 bilhões de leituras únicas) por corrida de lâmina de fluxo dupla. O NovaSeq X System apresenta uma configuração de lâmina de fluxo único, com uma faixa de saída de 165 Gb a 8 Tb (ou até 26 bilhões de leituras únicas) por corrida (Figura 2, Figura 3, Tabela 1).\*

As três opções de lâminas de fluxo disponíveis permitem escalar a produtividade para analisar mais de 128 genomas humanos com uma cobertura de 30x,

\* Clientes que adquirem o NovaSeq X System têm a opção de fazer um upgrade para o NovaSeq X Plus System, garantindo a capacidade da lâmina de fluxo dupla conforme as necessidades evoluem.



Figura 1: Sistemas de sequenciamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus – A inovação da Illumina aumenta a acessibilidade da genômica de alto rendimento que impulsionará novas descobertas científicas.

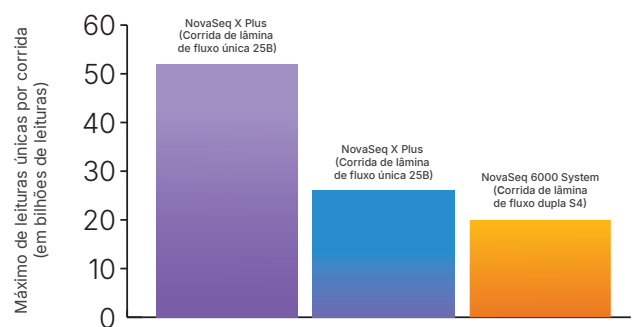


Figura 2: Maximize os seus resultados de sequenciamento com o NovaSeq X Plus System – Comparação da saída máxima por corrida única em bilhões de leituras para o NovaSeq X Plus System (corrida de lâmina de fluxo dupla 25B), o NovaSeq X System (corrida de lâmina de fluxo único 25B) e o NovaSeq 6000 System (corrida de lâmina de fluxo dupla S4).<sup>1</sup>

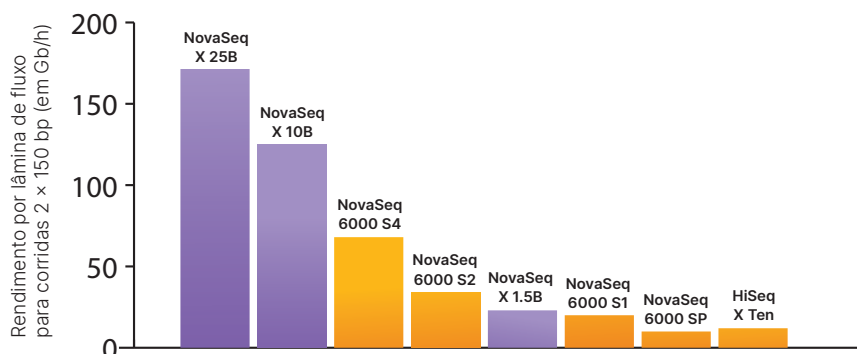


Figura 3: A série NovaSeq X oferece rendimento máximo de sequenciamento - Comparação da saída por lâmina de fluxo única por hora para as lâminas de fluxo da série NovaSeq X 1.5B, 10B, 25B, NovaSeq 6000 SP, S1, S2, S4,<sup>1</sup> e HiSeq X Ten.<sup>2</sup> Do primeiro genoma que custou USD 1000 até os dias atuais, a Illumina continua a aumentar a acessibilidade do sequenciamento de alto rendimento.

até 1500 exomas ou mais de 1000 transcriptomas por corrida de lâminas de fluxo duplo (Tabela 2). Esse novo patamar de sequenciamento é viabilizado por meio de uma série de inovações tecnológicas:

- As lâminas de fluxo padronizadas de última geração apresentam nanoporos de densidade ultra-alta, possibilitando até 26 bilhões de leituras únicas (ou 52 bilhões de leituras tipo paired-end) por lâmina.
- Combinando alta abertura numérica, câmera de alta velocidade personalizada e óptica azul-verde, o sistema oferece imagens de alta resolução, otimizando tanto a produtividade quanto a qualidade dos dados.
- Os algoritmos avançados de identificação de bases e o DRAGEN™ secondary analysis integrado, disponíveis localmente ou na nuvem, garantem a melhor precisão e velocidade do mercado.<sup>3,4</sup>

A série NovaSeq X é equipada com a tecnologia Illumina XLEAP-SBS™, nossa tecnologia de sequenciamento por síntese (SBS) mais rápida, da mais alta qualidade e mais completa até o momento. Construído a partir de uma base sólida, a tecnologia química SBS, o XLEAP-SBS introduz aprimoramentos significativos no desempenho do sequenciamento. Os nucleotídeos XLEAP-SBS são compostos por corantes, ligantes e blocos inovadores que são mais resistentes ao calor, 50× mais estáveis em solução e 500× mais estáveis quando liofilizados. Ao reduzir a hidrólise em 50 vezes e aumentar a velocidade de clivagem do bloco em 3 vezes, foi possível aprimorar consideravelmente a precisão, resultando em uma diminuição tanto na fase quanto na pré-fase. A polimerase XLEAP-SBS foi projetada para incorporar nucleotídeos mais rapidamente e com uma fidelidade inigualável. Juntas, essas inovações oferecem tempos de ciclo até 2× mais rápidos e precisão até 3× maior do que a tecnologia SBS padrão.<sup>5</sup>

## Precisão comprovada

A tecnologia química aplicada no XLEAP-SBS faz uso de nucleotídeos de terminação reversível para alcançar um sequenciamento base a base altamente preciso, reduzindo significativamente os erros e as identificações perdidas que geralmente ocorrem em sequências de nucleotídeos repetidos (homopolímeros).<sup>6</sup> Além disso, a abordagem química do XLEAP-SBS é compatível com o sequenciamento tipo paired-end, tornando mais fácil a identificação de rearranjos genômicos, elementos de sequência repetitiva, fusões de genes e novos transcritos. O alinhamento das sequências em pares de leitura possibilita um alinhamento mais preciso e a habilidade de detectar variantes de inserção-exclusão (indel), o que é mais difícil ao trabalhar com dados de leitura única.<sup>7</sup>

## Fornecimento de insights significativos em grande escala

Com uma amplitude de aplicações inigualável e um desempenho revolucionário, a série NovaSeq X está redefinindo os padrões do sequenciamento de alto rendimento, contribuindo para avanços significativos na pesquisa genômica. Acelerar os tempos de corrida pode gerar respostas mais rápidas para amostras críticas. Com maior produtividade, os projetos podem ser concluídos com mais eficiência. Cientistas podem aprimorar o poder estatístico adotando desenhos de estudo mais amplos e aumentando o tamanho das amostras. Laboratórios podem investigar mais amostras em diferentes condições ou momentos para revelar dinâmicas de células e sistemas biológicos. Estudos unicelulares, espaciais, proteômicos e outros estudos multiômicos podem ampliar sua abrangência, incluindo mais células, resolução mais alta ou várias modalidades. Para detectar sinais e variantes de baixa frequência, é possível aumentar o número de leituras e a profundidade de sequenciamento, obtendo assim a visão de resolução mais elevada.

Tabela 1: Parâmetros de desempenho da série NovaSeq X<sup>a</sup>

Tipo da lâmina de fluxo	1.5B	10B	25B
Saída por corrida de lâmina de fluxo único <sup>a</sup>			
2 × 50 bp	Aprox. 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
Saída por corrida de lâmina de fluxo único <sup>a,b</sup>			
2 × 50 bp	Aprox. 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
Leituras de filtro de passagem por lâmina de fluxo <sup>a</sup>			
Leituras únicas	1,6 bilhões	10 bilhões	26 bilhões
Leituras tipo paired-end	3,2 bilhões	20 bilhões	52 bilhões
Tempo de corrida de instrumentos <sup>a,c</sup>			
2 × 50 bp	Aprox. 17 h	Aprox. 18 h	Aprox. 25 h
2 × 100 bp	Aprox. 20 h	Aprox. 22 h	Aprox. 38 h
2 × 150 bp	Aprox. 23 h	Aprox. 25 h	Aprox. 48 h
Pontuações de qualidade <sup>a,d</sup>			
2 × 50 bp	≥ 90% das bases acima de Q30		
2 × 100 bp	≥ 85% das bases acima de Q30		
2 × 150 bp	≥ 85% das bases acima de Q30		

a. Especificações baseadas na biblioteca de controle Illumina PhiX ou em uma biblioteca de DNA TruSeq™ criada com DNA de referência humana (Coriell, nº catálogo NA12878) em densidades de cluster compatíveis. O desempenho pode variar conforme o tipo e a qualidade da biblioteca, o tamanho do inserto, a concentração do carregamento e outros fatores experimentais. Métricas de desempenho sujeitas a alterações.

b. As corridas de lâminas de fluxo duplo só se aplicam ao NovaSeq X Plus System.

c. Os tempos de corrida incluem clusterização automática, sequenciamento, limpeza automatizada pós-corrida e identificação de bases.

d. Uma pontuação de qualidade (Q-Score) é uma previsão da probabilidade de uma identificação de bases errada. É estabelecida uma média da porcentagem de bases ≥ Q30 em toda a corrida.


## Revolução em economia e aumento de produtividade

A série NovaSeq X oferece o melhor custo total de propriedade para o sequenciamento de alto rendimento. Além da redução significativa no custo por Gb, a série NovaSeq X integra eficiência de custos em todos os aspectos do fluxo de trabalho, incluindo simplicidade operacional, análise de dados integrada, avanços em sustentabilidade e suporte de nível internacional (Figura 4).

## A melhor experiência do usuário

Cada aspecto do fluxo de trabalho da série NovaSeq X é otimizado para minimizar o tempo e a mão de obra necessários para concluir projetos. Os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus contam com um design ergonômico e diversos recursos para facilitar o uso, como:

- Tela sensível ao toque extra grande com resolução 4K para visualização do progresso da corrida e métricas detalhadas de desempenho de sequenciamento no instrumento (Figura 5).
- Cartuchos de reagentes simples de usar, equipados com áreas transparentes que permitem a verificação visual do descongelamento completo.
- As lâminas de fluxo têm acesso individual e carregamento automático em cavidades separadas, facilitando a divisão de projetos e amostras em até oito cavidades.
- Requisitos de entrada de biblioteca 4× menores,<sup>†</sup> para permitir o sequenciamento ultraprofundo de amostras raras e novas aplicações para tipos de amostras desafiadores.
- Inclui clusterização automatizada e integrada, e limpeza pós-corrida automatizada para simplificar o fluxo de trabalho de sequenciamento.
- Oferece opções variadas para programar a corrida e configurar análises secundárias automáticas para aplicações chave (Figura 6).
- Reagentes leves, cartuchos de solução tampão e lixeiras de fácil manuseio.
- Teclado retrátil e indicadores luminosos nas gavetas de materiais de consumo que facilitam o carregamento.

 Faça um tour virtual, acesse [illumina.com/TourNovaSeqX](https://illumina.com/TourNovaSeqX)

<sup>†</sup> Em comparação com o fluxo de trabalho integrado do NovaSeq 6000 System.

Tabela 2: Rendimento estimado da amostra para aplicações-chave<sup>a</sup>

Tipo da lâmina de fluxo	Por corrida de lâmina de fluxo única			Por corrida de lâmina de fluxo dupla <sup>b</sup>		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Genomas humanos	Aprox. 4	Aprox. 24	Aprox. 64	Aprox. 8	Aprox. 48	Aprox. 128
Exomas	Aprox. 41	Aprox. 250	Aprox. 750	Aprox. 82	Aprox. 500	Aprox. 1500
Transcriptomas	Aprox. 30	Aprox. 200	Aprox. 520	Aprox. 60	Aprox. 400	Aprox. 1040

a. Todos os rendimentos de amostra são estimativas. Para o genoma humano, é presumido que mais de 120 Gb de dados por amostra são necessários para obter uma cobertura de 30 vezes. No caso dos exomas, a expectativa é de cerca de 8 Gb por amostra para atingir uma cobertura de 100 vezes. As previsões para transcriptomas indicam a necessidade de pelo menos 50 milhões de leituras. O rendimento pode sofrer variações dependendo do kit de preparação da biblioteca utilizado. Métricas de desempenho sujeitas a alterações.  
 b. As corridas de lâminas de fluxo duplas só se aplicam ao NovaSeq X Plus System.

### Informática simplificada e abrangente

Os chips DRAGEN integrados melhoram a performance computacional e incluem algoritmos avançados de compressão de dados sem perda. O DRAGEN ORA (arquivo de leitura original) possibilita a compactação automatizada de arquivos FASTQ (fastq.gz) em até cinco vezes, acelerando a transferência de dados e facilitando o gerenciamento dos dados. O menor espaço ocupado também reduz os custos de armazenamento e consumo de energia.

O DRAGEN secondary analysis utiliza mapeamento e aprendizado de máquina de multigenoma (gráfico) para aprimorar continuamente a precisão.<sup>3,4</sup> A integração com a série NovaSeq X possibilita que a plataforma DRAGEN execute múltiplos pipelines de análise secundária simultaneamente, tanto de maneira integrada como na nuvem.

Em uma única corrida, é possível executar até quatro aplicações diferentes por lâmina de fluxo simultaneamente. Os pipelines automatizados de análise secundária incluem:

- DRAGEN Germline para sequenciamento de genoma completo.
- DRAGEN Somatic para sequenciamento de genoma completo.
- DRAGEN Enrichment para sequenciamento de exoma completo.
- DRAGEN RNA para sequenciamento de transcriptoma completo.
- DRAGEN Methylation para sequenciamento de metilação.

Esses aplicativos principais são suportados por fluxos de trabalho do tipo biblioteca para análise abrangentes (Tabela 3).



Figura 4: Os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus oferecem um fluxo de trabalho de sequenciamento intuitivo e de alto rendimento, incluindo configuração de corridas intuitiva, um ecossistema diversificado de kits de preparação de bibliotecas e análise secundária integrada, além do suporte de monitoramento proativo de desempenho do instrumento.



Figura 5: Operação direta: Muitos recursos dos sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus são projetados para simplificar o fluxo de trabalho de sequenciamento, incluindo uma interface de tela sensível ao toque de alta resolução e cartuchos fáceis de usar, contendo reagentes prontos.

## Inovações revolucionárias em sustentabilidade

Os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus projetados especificamente para minimizar o impacto ambiental. Os reagentes XLEAP-SBS, notáveis pela sua robustez e estabilidade melhoradas, podem ser transportados e armazenados em estado liofilizado. Esta inovação traz vantagens significativas tanto para a sustentabilidade quanto para a experiência de usuário:

- Kits de reagentes transportados em temperatura ambiente (sem gelo seco e sem bolsas de gelo) para menos resíduos e menor tempo gasto na remoção da embalagem.
- Possibilidade de usar materiais de consumo em uma corrida do sequenciamento imediatamente após o recebimento (ou após o descongelamento, se armazenado anteriormente), simplificando a operação.
- Redução de mais de 50% no volume do cartucho<sup>‡</sup> para otimizar o uso de espaços de armazenamento e no congelador.
- Peso por kit reduzido em aproximadamente 90%<sup>‡</sup> para facilitar o manuseio (apenas 10 lb no total, transporte realizado em apenas uma caixa).
- O descarte dos materiais de consumo é simplificado, com componentes recicláveis que se desmontam sem a necessidade de ferramentas especiais, além de uma diminuição de cerca de 90% nos resíduos de embalagens.<sup>‡</sup>
- A redução de mais de 50%<sup>‡</sup> na massa plástica é alcançada usando plásticos recicláveis e cartuchos tampão feitos com biopolímeros à base de plantas (96% de cana de açúcar).

<sup>‡</sup> Em comparação com os kits NovaSeq 6000 Reagents.

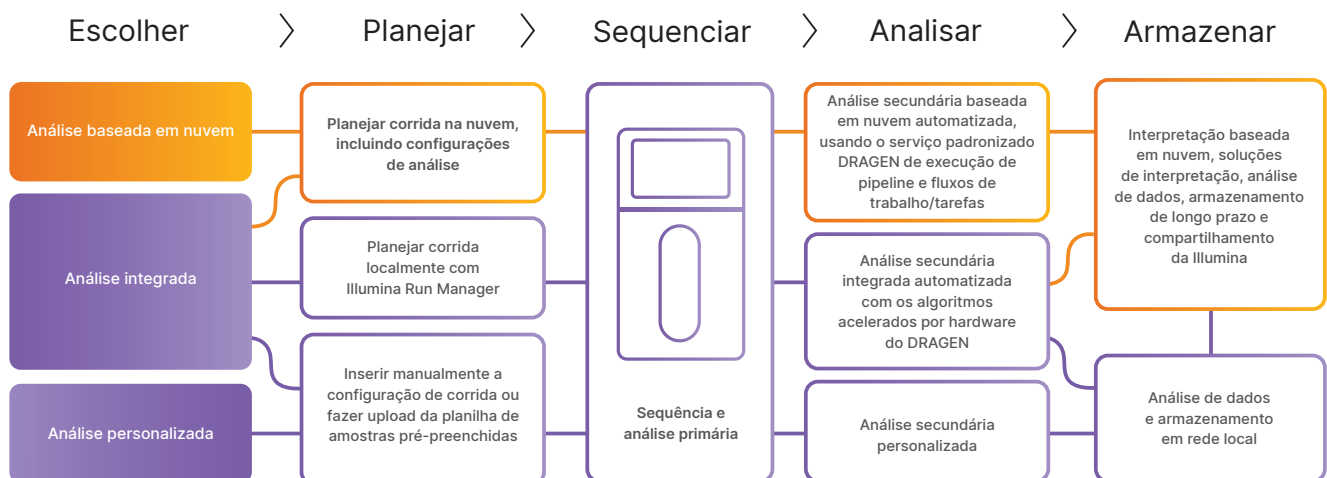


Figura 6: Pacote de informática flexível: os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus apresentam opções de operação local (roxo) e baseadas na nuvem (laranja) para configuração de corridas, gerenciamento de corridas e análise de dados, possibilitando sequenciamento personalizado para os usuários.

Tabela 3: Exemplo de fluxos de trabalho do tipo biblioteca para análise para aplicativos de sequenciamento de alta intensidade para a série NovaSeq X

Aplicação	Preparar bibliotecas	Sequenciar	Analisar dados
Sequenciamento de genoma completo	<a href="#">Illumina DNA PCR-Free Prep</a>	NovaSeq X com lâmina de fluxo 1.5B, 10B ou 25B, kit de 300 ciclos	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
Sequenciamento de exoma completo	<a href="#">Illumina DNA Prep com Exome 2.5 Enrichment</a>	NovaSeq X com lâmina de fluxo 1.5B ou 10B ou 25B, kit de 200 ciclos	DRAGEN Enrichment
Sequenciamento de transcriptoma	<a href="#">Illumina Stranded Total RNA Prep</a> <a href="#">Illumina Stranded mRNA Prep</a> <a href="#">Illumina RNA Prep with Enrichment</a>	NovaSeq X com lâmina de fluxo 1.5B, 10B ou 25B, kit de 200 ciclos	DRAGEN RNA

## Tecnologia confiável, parceiro de sucesso

Como um fornecedor líder de tecnologia de sequenciamento de última geração (NGS), a Illumina se destaca por ter distribuído mais de 20.000 sistemas de sequenciamento ao redor do mundo. A tecnologia NGS da Illumina é citada em mais de 300 mil publicações revisadas por pares -5 X mais do que todas as outras tecnologias NGS combinadas.<sup>8</sup> Com base em décadas de experiência, a Illumina tem um compromisso incansável com a inovação e o desenvolvimento de recursos e aplicações futuras de NGS (Figura 3). A série NovaSeq X demonstra nossa liderança contínua em tecnologias genômicas.

## Comprometimento com o sucesso do cliente

Para proporcionar mais confiança em seus investimentos, fornecer desempenho máximo e minimizar interrupções, a Illumina oferece suporte excepcional, com uma equipe de cientistas especializados em preparação de bibliotecas, sequenciamento e análise. O suporte técnico está disponível por telefone durante os dias úteis e o suporte on-line contínuo está disponível 24 horas por dia, sete dias por semana, em diversos idiomas, com uma resposta rápida nas principais áreas metropolitanas do mundo. A Illumina oferece consistência, fornecimento e qualidade em seus produtos, disponibilizados por uma experiente infraestrutura de fabricação global.

## Resumo

Os sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus oferecem um poder de sequenciamento extraordinário para alimentar aplicações com uso intensivo de dados, como sequenciamento do genoma completo, sequenciamento de célula única e multiômica. Várias inovações técnicas, incluindo a tecnologia química XLEAP-SBS e o DRAGEN secondary analysis integrado, permitem que cientistas genômicos alcancem a precisão e o rendimento sem precedentes. A revolução econômica possibilitada pelos sistemas NovaSeq X e NovaSeq X Plus impulsionará uma nova era de conhecimento genômico para melhorar a saúde humana.

## Saiba mais

[Sistemas de sequenciamento NovaSeq X e NovaSeq X Plus](#)

[DRAGEN secondary analysis](#)

## Especificações de instrumentos da série NovaSeq X

Parâmetro	Especificação
Configuração do instrumento	Computador e visor 4K com tela sensível ao toque Configuração da instalação e acessórios Coleta de dados e software de análise
Computador de controle do instrumento	Unidade base: placa personalizada iEi com CPU AMD V1605b Memória: SODIMM DDR4 de 2 × 16 GB Disco rígido: Nenhum Unidade de estado sólido: M.2 de 480GB Sistema operacional: Oracle 8
Mecanismo de computação do instrumento	Unidade base: placa personalizada iEi com CPU duplo AMD 7552 Memória: 8 × 64 GB + 8 × 128 GB DDR4 RDIMM Disco rígido: Nenhum Unidade de estado sólido: 480 GB M.2 + 5 × 12,8 TB U.2 Sistema operacional: Oracle 8
Ambiente de operação	Temperatura: 15 °C a 30 °C, <2 °C de alteração por hora Umidade: de 20% a 65% de umidade relativa sem condensação Altitude: Abaixo de 2.000 metros Ventilação: A saída de calor máxima para o instrumento é de 9200 BTUs/h e a saída média de calor é de 7507 BTUs/h Somente para uso em ambientes fechados
Laser	Produto laser CLASSE 1 532 nm (potência máxima de 4,5 Watts), 457 nm (potência máxima de 6 Watts)
Rastreamento por identificador por radiofrequência (RFID)	Frequência de operação 13,56 MHz, potência de saída de 200 mW
Dimensões	L × P × A: 86,4 cm × 93,3 cm × 158,8 cm Peso seco (não incluindo o nobreak): 1171 lb Peso seco (incluindo o nobreak): 1253 lb Peso com a caixa: 1591 lb (722 kg) Peso do palete de acessórios: 525 lb (238 kg)
Requisitos de alimentação	De 200 a 240 VCA 50/60 Hz, 15A, monofásico A Illumina fornece uma fonte de alimentação ininterrupta (nobreak) específica para a região Os requisitos mínimos de amperagem podem depender da tensão regional
Conexão de rede	Conexão dedicada de 10 GBE ((10GBASE-T) usando a porta RJ-45 do instrumento) entre o instrumento e o sistema de gestão de dados; com conexão direta ou pela rede
Largura de banda para conexão de rede	<i>Para dados da análise primária:</i> 800 Mb/s/instrumento para uploads da rede local 800 Mbit/s/instrumento para uploads do BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/instrumento para uploads de dados operacionais do instrumento <i>Para dados de análise primária e secundária:</i> 3,2 Gbit/s/instrumento para uploads da rede local 3,2 Gbit/s/instrumento para uploads do BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/instrumento para uploads de dados operacionais do instrumento



## Informações para pedido

System	N.º do catálogo
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	20084804
Kits de reagentes para sequenciamento	N.º do catálogo
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

## Referências

1. Illumina. Ficha de especificações do NovaSeq 6000 System. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf). Publicado em 2017. Atualizado em 2022. Acessado em 1º de junho de 2022.
2. Illumina. Ficha de especificações da série de sistemas de sequenciamento HiSeq X Ten. [illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf). Publicado em 2014. Atualizado em 2016. Acessado em 6 de novembro de 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/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html). Publicado em 9 de novembro de 2020. Acessado em 6 de novembro de 2024.
4. Illumina. Ficha de dados da plataforma DRAGEN Bio-IT. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf). Publicado em 2018. Atualizado em 2022. Acessado em 1º de junho de 2022.
5. Illumina. [Apresentação na JP Morgan Healthcare Conference](#); Janeiro de 2022; San Diego, CA.
6. 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
7. 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
8. Cálculos de dados em arquivo, Illumina, Inc. 2022.



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566  
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-US-00197 PTB v5.0