

Secuenciación de nueva generación de alta precisión con NovaSeq™ X Series

La química XLEAP-SBS™ ofrece una calidad de datos excepcional para aplicaciones genómicas de alta productividad

- Secuenciación del genoma completo
- Secuenciación del exoma completo
- Secuenciación de transcriptoma completo
- Secuenciación de metilación del genoma completo
- Secuenciación multiómica de células únicas

illumina®

Introducción

Los avances tecnológicos integrados en NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System proporcionan ganancias de productividad y rendimiento que transforman la economía de la secuenciación a escala de producción. La química avanzada, la óptica de resolución ultraalta, el análisis secundario integrado y la simplicidad operativa se combinan para hacer de NovaSeq X Series nuestros sistemas de secuenciación más potentes y rentables hasta la fecha.

NovaSeq X Series cuenta con la química XLEAP-SBS, un avance más rápido, de mayor fidelidad y más sólido para la química demostrada de secuenciación por síntesis (SBS, sequencing by synthesis) de Illumina. Los reactivos XLEAP-SBS están optimizados para el rendimiento y la velocidad con el fin de maximizar la productividad sin sacrificar los datos de alta calidad que esperan los usuarios.

Esta nota de aplicación demuestra que NovaSeq X Series ofrece una calidad de datos que cumple o supera la del sistema NovaSeq 6000 para métodos clave, como la secuenciación del genoma completo, la secuenciación del exoma completo, la secuenciación de transcriptoma completo, la secuenciación de metilación y la multiómica de células individuales.

Métodos

Secuenciación del genoma completo

Las librerías de genoma completo se prepararon a partir de ADN genómico (ADNg) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) utilizando el kit TruSeq™ PCR-Free Prep (Illumina, n.º de catálogo 20015963).

La secuenciación se realizó en NovaSeq X Plus System con NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (Illumina, n.º de catálogo 20085594) utilizando la configuración de experimento de 2 × 151 pb (42 muestras en varios experimentos). Por comparación, las mismas librerías también se secuenciaron en NovaSeq 6000 System con NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (Illumina, n.º de catálogo 20028312) utilizando una configuración de experimento de 2 × 151 pb (24 muestras en un experimento).

El análisis de datos secundario se llevó a cabo utilizando el flujo de trabajo basado en la nube DRAGEN™ Germline pipeline v4.1. Los datos de secuenciación se redujeron a una cobertura de 30× para comparar el rendimiento de la llamada de variantes entre los sistemas NovaSeq X Plus y NovaSeq 6000.

Secuenciación del exoma

Las librerías de exomas se prepararon a partir de ADN genómico (ADNg) NA12878 (Coriell Institute for Medical Research) utilizando Illumina DNA Prep with Enrichment, (S) Tagmentation (Illumina, n.º de catálogo 2002554) para capturar regiones genómicas diana de Twist Comprehensive Exome Panel (Twist Bioscience, n.º de catálogo 102033).

La secuenciación se realizó en NovaSeq X Plus System con NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizando la configuración de experimento de 2 × 101 pb (753 muestras en varios experimentos). Por comparación, las mismas librerías también se secuenciaron en NovaSeq 6000 System con NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) utilizando una configuración de experimento de 2 × 101 pb (48 muestras en un carril único).

El análisis de datos secundario se realizó utilizando el flujo de trabajo basado en la nube DRAGEN Enrichment pipeline v4.0.3. La exactitud de las llamadas de variantes se evaluó con respecto al conjunto de verdad de Genome In A Bottle (GIAB) v3.3.2 y el genoma de referencia hg19-alt-aware.^{1,2} Los datos de secuenciación se redujeron a 30 millones de pares de lectura por muestra para comparar el rendimiento de llamada de variantes entre los sistemas NovaSeq X Plus y NovaSeq 6000.

Secuenciación de transcriptoma completo

Se prepararon librerías de ARN total y ARN mensajero (ARNm) a partir de ARN de la línea celular de leucemia: HL-60 (Thermo Fisher Scientific, n.º de catálogo AM7836) y K562 (BioChain, n.º de catálogo R1255820-50) y ARN de la línea celular de cáncer de mama: MCF7 (BioChain, n.º de catálogo R1255830-50) con Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus (Illumina, n.º de catálogo 20040529) e Illumina Stranded mRNA Prep (Illumina, n.º de catálogo 20040534).

La secuenciación se realizó en el sistema NovaSeq X Plus con NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizando una configuración de experimento de 2 × 75 pb y una fórmula de ciclo de oscuridad personalizada para evitar la protuberancia de la primera base de T de la preparación de la librería.

³ La secuenciación incluyó 573 muestras para la secuenciación de ARN total y 2304 muestras para la secuenciación de ARNm, en varios experimentos. Por comparación, las mismas librerías también se secuenciaron en NovaSeq 6000 System con NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles) (Illumina, n.º de catálogo 20028315) utilizando una configuración de experimento de 2 × 76 pb. Tanto para la secuenciación de ARN total como para la secuenciación de ARNm, se procesaron 96 muestras de cada tipo en un carril único.

El análisis de datos secundario se llevó a cabo utilizando el flujo de trabajo basado en la nube DRAGEN RNA Pipeline v4.1. Los datos de secuenciación se redujeron a 10 millones de lecturas para todas las muestras con el fin de comparar los datos de expresión genética. Los datos se alinearon con el Genome Reference Consortium Human GRCh38 (conjunto h38).²

Secuenciación de metilación del genoma completo

Las librerías de metilación se prepararon a partir de réplicas de un conjunto de muestras emparejadas de cerebro y bazo humano (Zymo Research, n.º de catálogo D5018) (ocho réplicas cada una para NovaSeq X Plus System y cinco réplicas cada una para NovaSeq 6000 System) con Zymo-Seq WGBS Library Kit (Zymo Research, n.º de catálogo D5465), en combinación con Illumina DNA Prep (Illumina, n.º de catálogo 20060059).⁴ El control de *E. coli* no metilado se añadió al 0,25 % para acceder a la eficiencia de conversión de la citosina, que se estimó que era superior al 99,5 %.

La secuenciación se realizó en NovaSeq X Plus System con NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) utilizando la configuración de experimento de 2 × 151 pb (16 muestras en un experimento). Por comparación, se secuenciaron librerías en NovaSeq 6000 System con NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) utilizando una configuración de experimento de 2 × 151 pb (10 muestras en un experimento).

El análisis de metilación se realizó utilizando el flujo de trabajo basado en la nube del proceso DRAGEN Methylation. Los datos de secuenciación se redujeron a 500 millones de lecturas por muestra para los análisis sucesivos.

Multiómica de células individuales

Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression proporciona lecturas conjuntas de la expresión genética y de las firmas epigenéticas con resolución de una sola célula. Las muestras para la secuenciación de ARN de células individuales (scRNA-Seq) y el ensayo de células individuales para la cromatina accesible a transposasa (scATAC-Seq) se prepararon conjuntamente a partir de células mononucleares de sangre periférica humana (CMSP) crioconservadas de un donante masculino sano (edad inferior a 35 años) obtenidas de AllCells. Los núcleos se aislaron como se describe en 10x Genomics Demod Protocol-Nuclei Isolation for Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Sequencing (CG000365 Rev A). Se generaron librerías de scRNA-Seq y scATAC-Seq emparejadas a partir de los núcleos aislados, tal como se describe en la Guía del usuario de Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression (CG000338 Rev B).

La secuenciación se realizó en NovaSeq X Plus System con NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles) (80 réplicas en un experimento). Por comparación, las mismas librerías también se secuenciaron en NovaSeq 6000 System con NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles) (10 réplicas en un experimento). Las configuraciones del experimento se establecieron de acuerdo con los parámetros proporcionados por 10x Genomics: lectura 1 de 28 ciclos, lecturas del índice i7 e i5 de 10 ciclos y lectura 2 de 90 ciclos para librerías de scRNA-Seq multiómicas; lectura 1 de 50 ciclos, lectura del índice i7 de 8 ciclos, lectura del índice i5 de 24 ciclos y lectura 2 de 49 ciclos para librerías de scATAC-Seq multiómicas.

El análisis de los datos se realizó con el proceso de análisis Cell Ranger ARC v2.0 (10x Genomics) para contar transcritos y picos de accesibilidad a la cromatina en células individuales.

Resultados

NovaSeq X Plus System permite obtener ganancias significativas de productividad en comparación con NovaSeq 6000 System. La celda de flujo NovaSeq X 10B y la celda de flujo NovaSeq 6000 S4 pueden generar hasta 3 Tb de datos de secuencias de 2 × 150 pb por celda de flujo. Sin embargo, la duración del experimento en NovaSeq X Series es aproximadamente la mitad que en NovaSeq 6000 System (Tabla 1).

Tabla 1: Rendimiento de secuenciación comparable con duraciones de experimento significativamente más cortas

Criterio de medición	Celda de flujo NovaSeq 6000 S4	Celda de flujo NovaSeq X Plus 10B
Rendimiento de 2 × 100 pb por experimento	1,6–4 Tb	~2–4 Tb
Duración del experimento de 2 × 100 pb	~36 h	~22 h
Rendimiento de 2 × 150 pb por experimento	2,4–6 Tb	~3–6 Tb
Duración del experimento de 2 × 150 pb	~44 h	~24 h

Secuenciación del genoma completo

Se evaluaron los criterios de medición de la secuenciación del genoma completo (WGS, whole-genome sequencing), incluida la precisión y la recuperación tanto de las variantes de un solo nucleótido (SNV, single-nucleotide variants) como de las inserciones y deleciones (indel). Tanto NovaSeq X Plus System como NovaSeq 6000 System proporcionaron datos de alta calidad y una llamada de variantes de alta precisión (Tabla 2, Tabla 3). Estos datos demuestran que los resultados de la WGS en NovaSeq X Series cumplen o superan el rendimiento de NovaSeq 6000 System.

Tabla 2: Criterios de medición del experimento de secuenciación para WGS

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento	2 × 151 pb	2 × 151 pb
Bases de la lectura 1 ≥Q30	92,17 %	95,89 %
Bases de la lectura 2 ≥Q30	89,60 %	94,30 %
Tasa de error de la lectura 1	0,25 %	0,15 %
Tasa de error de la lectura 2	0,24 %	0,23 %

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

Tabla 3: Criterios de medición de análisis secundarios para la WGS

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Profundidad de construcción	30×	30×
Cobertura de autosomas	31×	31×
SNP totales	3 041 268	3 041 454
Relación Het:Hom	1,59	1,60
Relación Ti:Tv	1,99	1,98
Precisión de SNP	99,95 %	99,95 %
Recuperación de SNP	99,95 %	99,96 %
Precisión de indel	99,64 %	99,60 %
Recuperación de indel	99,61 %	99,57 %
Bases no coincidentes de la lectura 1	0,48 %	0,36 %
Bases no coincidentes de la lectura 2	0,61 %	0,43 %
N.º de muestras promediadas	24	42

Secuenciación del exoma completo

Se evaluaron los criterios de medición del análisis principal y secundario de la secuenciación del exoma completo (WES, whole-exome sequencing), incluidas las puntuaciones de calidad, la tasa de error, la capacidad de llamada de autosomas, el porcentaje de lecturas alineadas, la uniformidad de la cobertura y la precisión y el recuerdo tanto para SNV como para indel. Tanto NovaSeq X Plus System como NovaSeq 6000 System proporcionaron datos de alta calidad y una llamada de variantes de alta precisión (Tabla 4, Tabla 5). Estos datos demuestran que los resultados de la WES en NovaSeq X Series son equivalentes al rendimiento de NovaSeq 6000 System.

Tabla 4: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la WES^a

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento	2 × 101 pb	2 × 101 pb
Bases de la lectura 1 ≥Q30	92,06 %	96,63 %
Bases de la lectura 2 ≥Q30	90,96 %	96,24 %
Tasa de error de la lectura 1	n. p. ^b	0,10 %
Tasa de error de la lectura 2	n. p. ^b	0,21 %

- a. Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.
- b. No se utilizó el control PhiX para estos experimentos de NovaSeq 6000, por lo que no se muestran las tasas de error.

Tabla 5: Criterios de medición de análisis secundarios para la WES

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Capacidad de llamada de autosomas	97,49 %	97,53 %
Lecturas alineadas	99,28 %	99,11 %
Uniformidad de cobertura	97,17 %	97,29 %
Precisión de SNP	99,77 %	99,77 %
Recuperación de SNP	98,20 %	98,30 %
Precisión de indel	97,57 %	97,36 %
Recuperación de indel	88,53 %	89,05 %
N.º de muestras promediadas	48	753

Secuenciación de transcriptoma completo

Tanto NovaSeq X Plus System como NovaSeq 6000 System superaron las especificaciones publicadas para la calidad de los datos de RNA-Seq total (Tabla 6) y mRNA-Seq (Tabla 7). La cuantificación de los transcritos mostró una excelente concordancia entre las dos plataformas ($R^2 > 0,99$) para la RNA-Seq total (Figura 1) y la mRNA-Seq (Figura 2). Estos datos demuestran que la secuenciación del transcriptoma completo en NovaSeq X Series produce una calidad de datos que cumple o supera el rendimiento de NovaSeq 6000 System.

Tabla 6: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la RNA-Seq total

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento	2 × 76 pb	2 × 75 pb
Bases de la lectura 1 ≥Q30	91,83 %	96,82 %
Bases de la lectura 2 ≥Q30	90,52 %	96,37 %
Tasa de error de la lectura 1	0,44 %	0,07 %
Tasa de error de la lectura 2	1,17 %	0,15 %
N.º de muestras promediadas	96	573

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

Tabla 7: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la mRNA-Seq

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento	2 × 76 pb	2 × 75 pb
Bases de la lectura 1 ≥Q30	91,47 %	96,03 %
Bases de la lectura 2 ≥Q30	89,92 %	95,65 %
Tasa de error de la lectura 1	0,74 %	0,09 %
Tasa de error de la lectura 2	1,32 %	0,16 %
N.º de muestras promediadas	96	2304

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

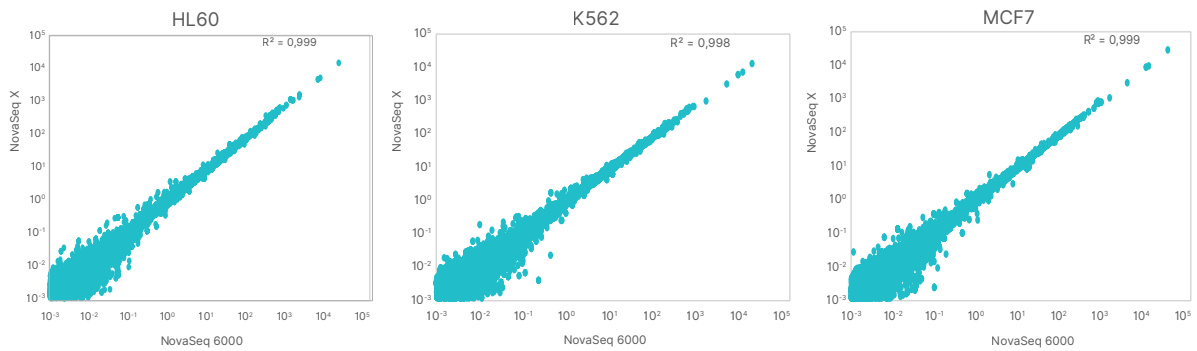


Figura 1: Correlaciones de RNA-Seq total de transcriptoma completo: transcritos por millón (TPM) para líneas celulares de cáncer: HL-60, K562 y MCF7.

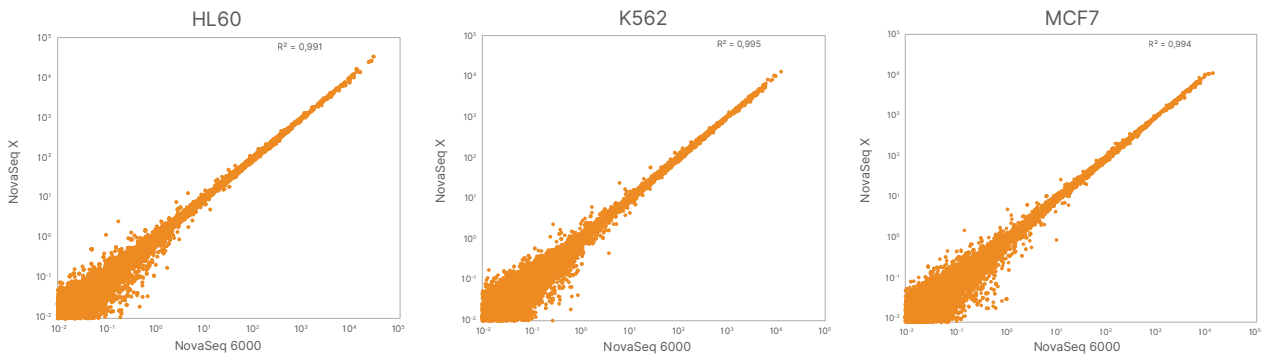


Figura 2: Correlaciones de mRNA-Seq de transcriptoma completo: transcritos por millón (TPM) para líneas celulares de cáncer: HL-60, K562 y MCF7.

Secuenciación de metilación

Se evaluaron los criterios de medición de metilación del genoma completo para comparar el rendimiento de NovaSeq X Series y NovaSeq 6000 System. Tanto NovaSeq X Plus System como NovaSeq 6000 System demostraron los números para cuantificar el porcentaje de citosinas metiladas de acuerdo con lo esperado según la documentación del producto (Figura 3A). Se detectó una mayor eficiencia de asignación en NovaSeq X Plus System para las librerías emparejadas (Figura 3B). Los gráficos de distribución de la cobertura del genoma completo muestran resultados comparables con un aumento de los CpG de alta cobertura (>50x) entre NovaSeq X Plus System y NovaSeq 6000 System (Figura 4).

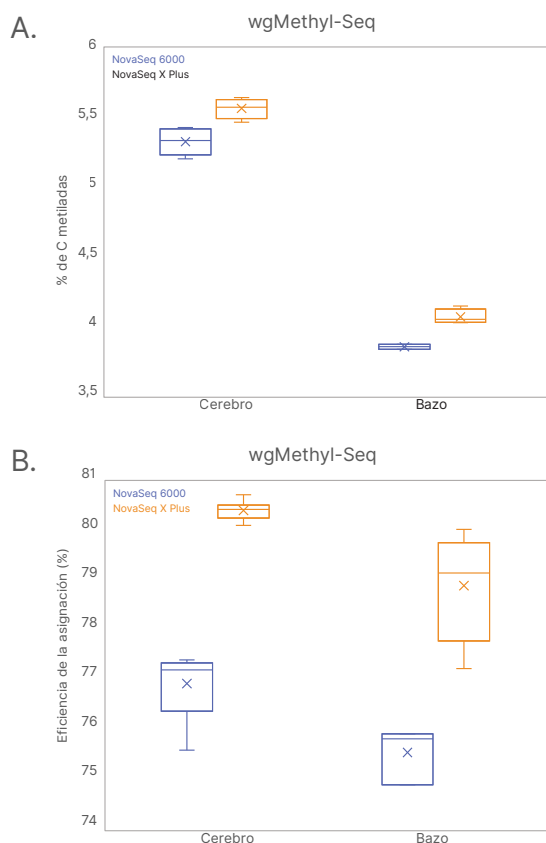


Figura 3: Secuenciación de metilación del genoma completo: resultados de Zymo-Seq WGBS para NovaSeq X Plus System y NovaSeq 6000 System que muestran (A) el porcentaje de citosinas metiladas y (B) la eficiencia de la asignación.

La conversión enzimática o de bisulfito cambia las citosinas no metiladas a uracilo durante la preparación de librerías. Esto da como resultado librerías desequilibradas que tradicionalmente han sido difíciles de secuenciar y que normalmente requerían un alto porcentaje (>5 %) de PhiX para mejorar la diversidad de bases. En NovaSeq X Series, un porcentaje bajo (1 %) de PhiX fue suficiente para lograr experimentos de alta calidad (Tabla 8).

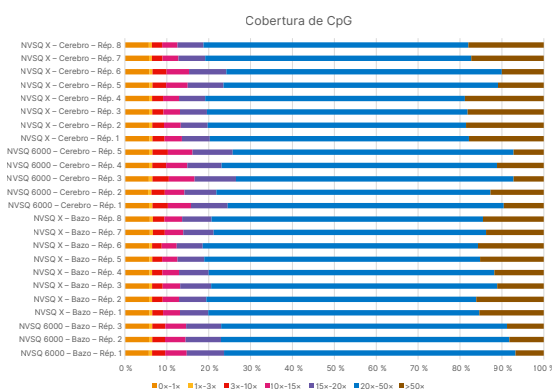


Figura 4: Cobertura del genoma para la secuenciación de metilación del genoma completo: resultados de Zymo-Seq WGBS para NovaSeq X Plus System y NovaSeq 6000 System que muestran la distribución de la cobertura de CpG.

Tabla 8: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la secuenciación de metilación

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración delexperimento	2 × 151 pb	2 × 151 pb
Bases de la lectura 1 ≥Q30	89,01 %	91,95 %
Bases de la lectura 2 ≥Q30	86,75 %	93,09 %
Tasa de error de la lectura 1	0,30 %	0,14 %
Tasa de error de la lectura 2	0,59 %	0,25 %
N.º de muestras promediadas	10	16

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

Multiómica de células individuales

Se evaluaron los criterios de medición del rendimiento para el ensayo multiómico de células individuales, incluida la scRNA-Seq para medir la expresión génica y la scATAC-Seq para medir la accesibilidad de la cromatina. NovaSeq X Plus System y NovaSeq 6000 System superaron las especificaciones publicadas para la calidad de los datos (Tabla 9, Tabla 10). Los gráficos de t-SNE para la expresión genética de la scRNA-Seq (Figura 5) y la accesibilidad de la cromatina de la scATAC-Seq (Figura 6) muestran una excelente correlación entre NovaSeq X Plus System y NovaSeq 6000 System.

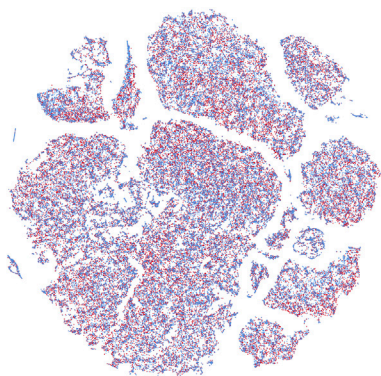


Figura 5: Expresión genética multiómica de células individuales: gráficas de t-SNE para librerías de scRNA-Seq secuenciadas en NovaSeq X Plus System (azul) y NovaSeq 6000 System (rojo).

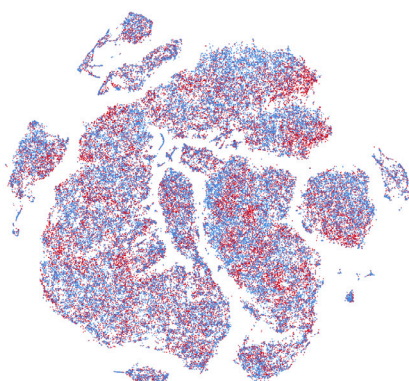


Figura 6: Accesibilidad de la cromatina multiómica de células individuales: gráficas de t-SNE para librerías de scATAC-Seq secuenciadas en NovaSeq X Plus System (azul) y NovaSeq 6000 System (rojo).

Tabla 9: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la scRNA-Seq multiómica de células individuales

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento		
Lectura 1	28 pb	28 pb
Índice 1	10 pb	10 pb
Índice 2	10 pb	10 pb
Lectura 2	90 pb	90 pb
Bases de la lectura 1 \geq Q30	97,11 %	97,35 %
Bases de la lectura 2 \geq Q30	95,01 %	95,93 %
Tasa de error de la lectura 1	0,04 %	0,04 %
Tasa de error de la lectura 2	0,17 %	0,15 %
N.º de muestras promediadas	10	80
N.º de genes detectados	25 975	25 743
Mediana de los recuentos de IUM por célula	2790	2571
N.º estimado de células por muestra	3880	3882

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

Tabla 10: Criterios de medición del experimento de secuenciación para la scATAC-Seq multiómica de células individuales

Criterio de medición	NovaSeq 6000	NovaSeq X Plus
Configuración del experimento		
Lectura 1	50 pb	50 pb
Índice 1	8 pb	8 pb
Índice 2	24 pb	24 pb
Lectura 2	49 pb	49 pb
Bases de la lectura 1 \geq Q30	93,35 %	95,58 %
Bases de la lectura 2 \geq Q30	92,21 %	94,24 %
Tasa de error de la lectura 1	0,08 %	0,09 %
Tasa de error de la lectura 2	0,28 %	0,16 %
N.º de muestras promediadas	10	80
N.º estimado de células por muestra	3880	3882

Los criterios de medición de los experimentos de una sola celda de flujo se promediaron en varias celdas de flujo con un número variable de carriles. Todos los experimentos cumplieron las especificaciones de rendimiento publicadas. El rendimiento por carril no es equivalente entre las celdas de flujo NovaSeq 6000 S4 y las celdas de flujo NovaSeq X 10B.

Resumen

NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System cuentan con una química, óptica, informática y simplicidad operativa innovadoras para transformar la economía de la secuenciación de alta productividad. NovaSeq X Series ofrece una productividad extraordinaria a la vez que ofrece los datos de alta calidad que los usuarios esperan de Illumina. La química de XLEAP-SBS permite mejoras significativas en la duración del experimento de secuenciación y en el rendimiento sin sacrificar la calidad de los datos. Los datos de los métodos clave que se suelen ejecutar en NovaSeq 6000 System, incluida la secuenciación del genoma completo, la secuenciación del exoma completo, la secuenciación del transcriptoma completo, la secuenciación de metilación y la multiómica de células individuales, se compararon directamente con los datos generados con NovaSeq X Plus System. Los resultados muestran que el rendimiento de NovaSeq X System cumple o supera el rendimiento de NovaSeq 6000 System y será compatible con aplicaciones con un uso más intensivo de datos.

Información adicional

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

Conjuntos de datos citados en esta nota, basespace.illumina.com/datacentral

Bibliografía

1. National Institute of Standards and Technology. Genome in a Bottle. nist.gov/programs-projects/genome-bottle. Fecha de consulta: 27 de julio de 2023.
2. Genome Reference Consortium. Human Genome Overview. Sitio web del NCBI. ncbi.nlm.nih.gov/grc/human. Fecha de consulta: 27 de julio de 2023.
3. Illumina. Best practices for read trimming for Illumina Stranded mRNA and Total RNA workflows. illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembly-assets/marketing-literature/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010/illumina-stranded-rna-t-overhang-tech-note-470-2020-010.pdf. Año de publicación: 2020. Fecha de consulta: 1 de agosto de 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. Fecha de publicación: 6 de junio de 2023. Fecha de consulta: 1 de agosto de 2023.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-US-00201 ESP v1.0