

illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment

소량의 FFPE 샘플로 빠르고 유연하며 규모 조정이 가능한 엑솜 시퀀싱 결과를 제공하는 솔루션

FFPE 조직에서 추출한 gDNA 내
대립유전자 빈도가 낮은 희귀 변이 검출

바로 시퀀싱할 수 있는 라이브러리를
10시간 안(수작업 약 4시간 포함)에 준비 가능

DRAGEN™ Secondary Analysis를 통해
높은 분석 민감도로 데이터 분석 및 변이 검출

illumina Connected Insights를 통한
사용자 정의 해석 및 연구 보고서 생성



샘플 준비부터 통찰력 확보까지 아우르는 신뢰할 수 있는 파트너의 엑솜 시퀀싱 워크플로우

암 연구 분야에서 포르말린 고정, 파라핀 포매(formalin-fixed, paraffin-embedded, FFPE) 보존 조직 샘플은 암 연구에 활용할 수 있는 방대한 양의 귀중한 정보를 제공합니다. 그러나 FFPE 샘플은 일반적으로 DNA가 심하게 분해되어 있어 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) 방법으로 분석하기에는 어려움이 따릅니다.

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 NGS 기술을 이용하여 소량의 FFPE 샘플에서도 낮은 풍부도(low-abundance)의 변이를 높은 민감도로 검출할 수 있는 활용도 높은 라이브러리 프랩 솔루션입니다(표 1). 이 단일 공급업체 솔루션은 라이브러리 프랩 키트, Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel 그리고 NextSeq™ 2000 시스템과 NovaSeq™ X 시리즈를 포함한 Illumina의 중-대용량 시퀀싱 시스템으로 구성되어 있습니다. 데이터 분석은 BaseSpace™ Sequence Hub와 Illumina Connected Analytics에서 제공되는 DRAGEN 파이프라인을 통해 수행됩니다. Illumina Connected Insights를 사용한 사용자 정의 데이터 분석 및 해석도 지원됩니다.

간소화된 워크플로우

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 우수한 성능 및 데이터 품질을 제공하는 통합된 전장 엑솜 시퀀싱(whole-exome sequencing, WES) 종양-정상(tumor-normal) 워크플로우의 한 구성 요소입니다. 이 규모 조정이 가능한 워크플로우는 FFPE 샘플에서 유전체 DNA(genomic DNA, gDNA)를 추출하는 단계로 시작해 라이브러리 준비 및 인리치먼트(enrichment) 단계로 이어집니다. 인리치먼트를 거친 라이브러리는 Illumina의 중-대용량 시스템에서 시퀀싱되며, DRAGEN 소프트웨어의 2차 분석을 통해 매우 정확한 변이 검출이 수행됩니다(그림 1). 이 사용이 친화적인 솔루션은 엑솜 시퀀싱을 위한 높은 성능을 보이며, 자동화에 적합한 충전 볼륨을 제공하고, 효율적인 실험 규모 조절을 돕는 샘플 멀티플렉싱(multiplexing)을 지원합니다(표 1).

빠르고 유연한 라이브러리 준비 과정

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 단 한 번의 하이브리드화(hybridization) 단계만을 거쳐 신속하게 라이브러리를 준비할 수 있도록 해 주는 라이게이션(ligation) 기반의 assay입니다(그림 2). 이 assay에는 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel이 사용되며, 여기에 Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel 또는 Illumina Custom Enrichment Panel v2를 함께 사용하면 미토콘드리아 표적(target)이나 기타 추가적인 표적도 연구할 수 있습니다.

표 1: Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 사양

파라미터	사양
DNA 샘플 유형	FFPE 조직에서 추출한 gDNA
DNA 사용량	FFPE DNA 40 ng
샘플 멀티플렉싱	UDI 96~192개
중복 리드 마킹	비무작위 UMI 사용
인리치먼트 plexity	4-plex
호환 가능 시퀀싱 시스템	NextSeq 2000 시스템, P3 또는 P4 플로우 셀 NovaSeq 6000 시스템, SP, S1 또는 S2 플로우 셀 NovaSeq x 시리즈, 1.5B 플로우 셀
총 워크플로우 소요 시간 ^a	≤ 10시간
총 수작업 시간	약 4시간

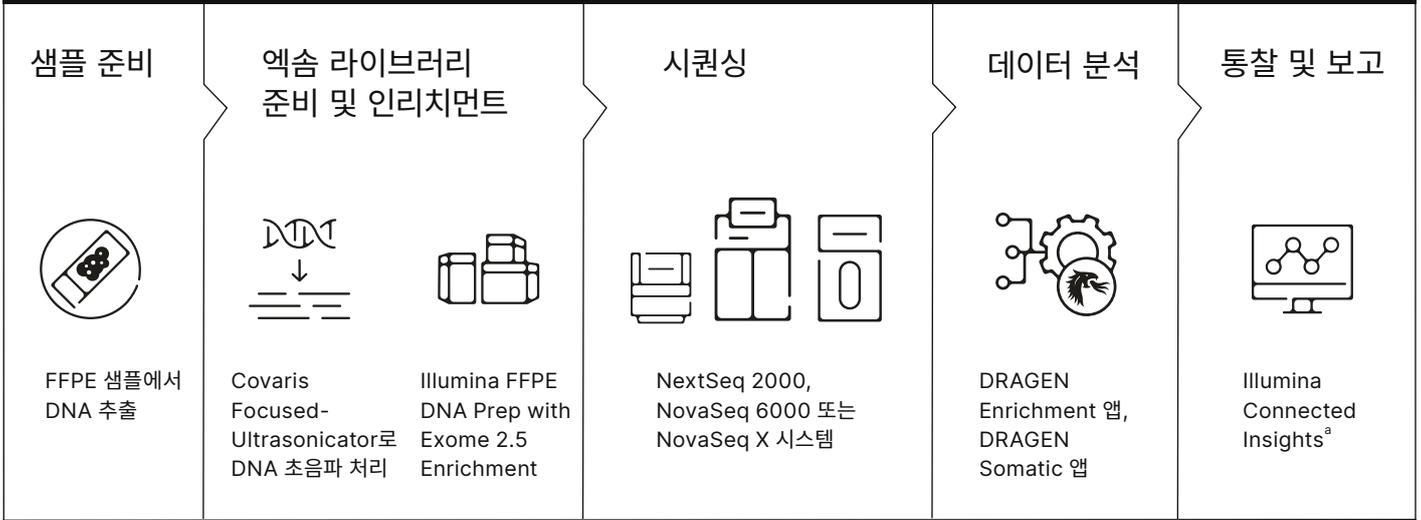
a. 라이브러리 준비, 인리치먼트 및 정규화(normalization) 단계 포함
UDI=unique dual index(고유한 듀얼 인덱스),
UMI=unique molecular identifier(고유한 분자 식별자)

바로 시퀀싱이 가능한 라이브러리를 10시간 안(약 4시간의 수작업 포함)에 준비할 수 있으므로 연구자는 DNA 추출부터 시퀀싱까지 모든 작업을 단 하루 안에 완료할 수 있습니다. FFPE 샘플에서 DNA를 추출할 때는 QIAGEN AllPrep DNA/RNA FFPE Kit(QIAGEN, 카탈로그 번호: 80234)를 사용하는 것이 권장됩니다.

유연하고 확장 가능한 커버리지

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 종합적이고 집중적인 최신 엑솜 인리치먼트 패널을 사용합니다. 이 집중적인 커버리지는 시퀀싱 런(run)당 최적의 샘플 수로, 비용 대비 효과적인 WES 종양-정상 솔루션을 가능하게 합니다(표 2). Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel을 Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 프로토콜의 spike-in 패널로 사용하면, 미토콘드리아 유전체인 'chrM' 커버리지를 간편하게 추가할 수 있습니다. 또한 Illumina Custom Enrichment Panel v2를 사용하면, 최대 10,000개의 프로브(probe)로 구성된 커스텀 spike-in 패널을 사용해 특정 관심 영역을 추가해 볼 수도 있습니다.

그림 1: Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 워크플로우



단일 파트너를 통해 샘플 준비부터 보고까지 해결하는 워크플로우 — Illumina는 라이브러리 준비부터 시퀀싱을 거쳐 데이터 분석까지 전 단계를 아우르는 간소화된 WES 워크플로우를 지원함

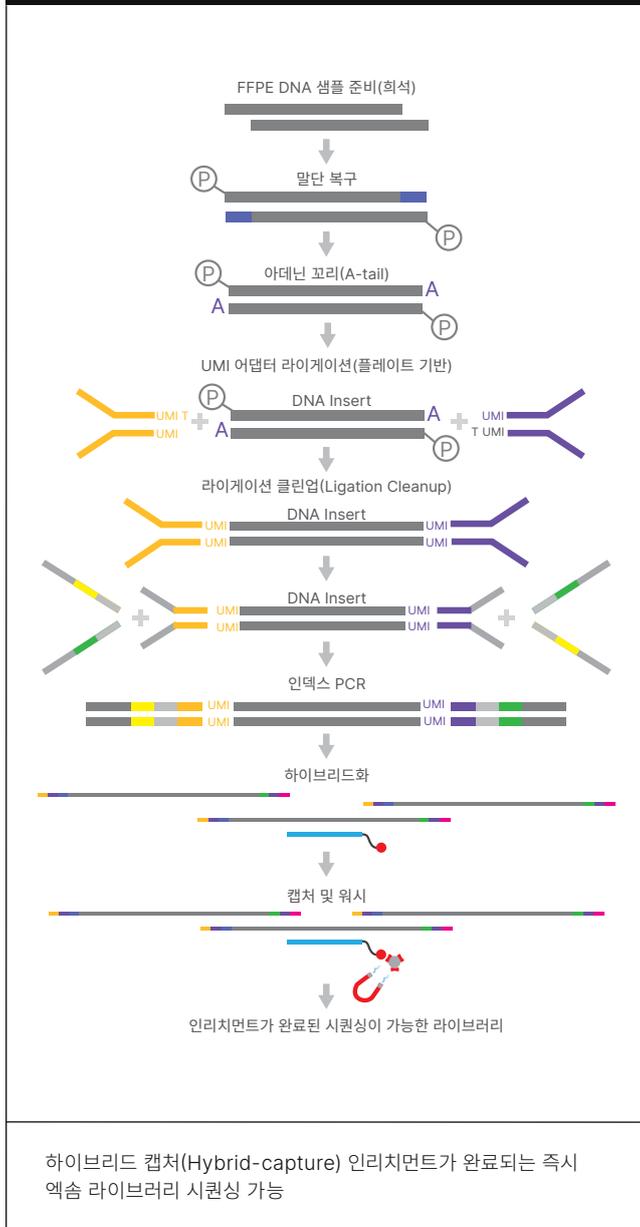
a. Illumina Connected Insights 제품 라인은 서드 파티 지식 소스(third-party knowledge source)의 애플리케이션 프로그래밍 인터페이스(application programming interface, API) 호출을 통해 사용자 정의 분석 지원. Illumina Connected Insights의 통합은 2025년 2분기 DRAGEN 소프트웨어 업데이트를 통해 지원

표 2: Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 라이브러리의 시퀀싱 plexity

샘플 유형	희망 평균 표적 커버리지 덤스 ^a	권장 싱글 엔드 리드 수	플로우 셀당 처리 가능한 최대 라이브러리 수					
			NextSeq 2000 시스템		NovaSeq 6000 시스템		NovaSeq X 시리즈	
			P3	P4	SP	S1	S2	1.5B
종양 조직	≥ 130×	≥ 100M	8	12	4	12	28	12
정상 조직	≥ 30×	≥ 28M	8	12	4	12	28	12

a. 평균 표적 커버리지는 중첩되는 메이트(overlapping mate)가 이중 계수되지 않도록 설정하여 계산함

그림 2: 엑솜 인리치먼트를 포함하는 라이게이션 기반의 간소화된 라이브러리 준비 단계



고품질 성능

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 Illumina Cell-Free DNA with Enrichment와 동일한 라이브러리 프렙 및 인리치먼트 chemistry를 활용하여 FFPE 샘플 사용 시 뛰어난 성능을 보여 줍니다.

 자세한 정보는 [Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment Data Sheet](#)를 참조하시기 바랍니다.

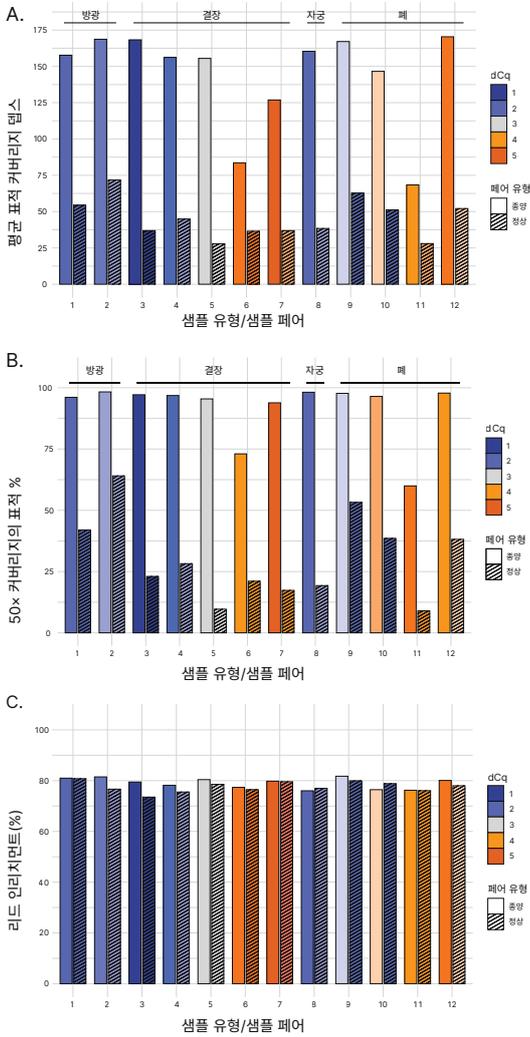
Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 우수한 FFPE 조직 샘플 인리치먼트 assay 성능을 확인하는 실험을 진행하였습니다. 라이브러리는 12개의 종양-정상 샘플 페어에서 추출한 FFPE DNA 40 ng과 Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment Kit 및 Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel을 사용해 준비했습니다. 시퀀싱에는 NovaSeq 6000 시스템과 S1 플로우 셀을 사용했으며, 표적 시퀀싱 데프스(depth)는 종양 샘플의 경우 $\geq 100M$ 개의 싱글 엔드 리드(single-end read)를, 매칭된 정상 샘플의 경우 $\geq 28M$ 개의 싱글 엔드 리드를 적용했습니다. 중간 품질 또는 높은 품질의 FFPE 샘플을 사용해 준비한 종양 라이브러리는 130 \times 를 웃도는 평균 표적 커버리지 데프스(평균 표적 커버리지는 중첩되는 메이트가 이중 계수되지 않도록 설정하여 계산함)를 나타냈고, 표적 중 90% 이상은 50 \times 이상의 커버리지를 달성하였으며, 다른 라이브러리 품질 관리(quality control, QC) 매트릭스에는 최소한의 영향만을 주었습니다(그림 3).

저빈도 변이를 높은 민감도로 검출

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 라이브러리는 대립유전자 빈도(variant allele frequency, VAF)가 낮은 작은 DNA 변이도 검출합니다. 라이브러리는 Seraseq Tumor Mutation DNA Mix v2 AF10(SeraCare, 카탈로그 번호: 0710-0094) 40 ng을 "종양" 샘플로 사용하고 Seraseq FFPE WT (DNA/RNA) Reference Material(SeraCare, 카탈로그 번호: 0710-0137) 40 ng을 페어링된 "정상" 샘플로 사용해 준비했습니다. 돌연변이 믹스(Mutation mix)는 10% VAF 미만으로 희석했습니다. VAF 레벨별로 12번의 "종양" 라이브러리 반복 실험과 4번의 "정상" 라이브러리 반복 실험을 진행했습니다. Twist for Illumina Exome 2.5 Panel로 4-plex 인리치먼트를 완료한 13개의 라이브러리를 NovaSeq 6000 시스템에서 2개의 S2 플로우 셀을 사용하여 2 \times 151 bp의 리드 길이(read length)로 시퀀싱했습니다.

데이터 분석을 위해 종양 라이브러리의 시퀀싱 리드를 각각 100M, 70M 및 46M 개의 싱글 엔드 리드로 서브샘플링(subsampling)하여 UMI를 통합한 온타겟 커버리지(on-target coverage)와 변이 검출 간의 관계를 살펴보았습니다. 정상 라이브러리의 리드는 28M 개의

그림 3: FFPE 조직 샘플의 성능 매트릭스



중간 품질 또는 높은 품질의 FFPE 조직 샘플로 준비한 중앙-정상 라이브러리는 > 70% 리드 인리치먼트, 높은 평균 표적 커버리지 (평균 ≥ 50x 커버리지의 표적 > 90% 등 우수한 인리치먼트 지표를 달성함

싱글 엔드 리드로 서브샘플링했습니다. 변이 검출에는 BaseSpace Sequence Hub에서 제공되는 DRAGEN Somatic 앱을 사용했습니다.

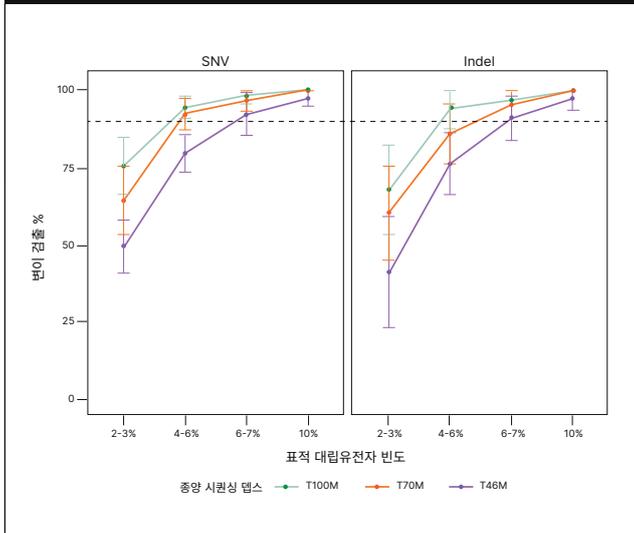
Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 배수 변화(fold change)가 2.5인 유전자 증폭(amplification)을 검출할 수 있습니다. 라이브러리 반복 실험은 SeraSeq Solid Tumor CNV Mix +3 copies (SeraCare, 카탈로그 번호: 0710-2866) 40 ng 또는 20 ng(각각 4회 반복 실험)을 "중앙" 샘플로, SeraSeq FFPE WT (DNA/RNA) Reference Material(Seracare, 카탈로그 번호: 0710-0137) DNA 40 ng을 "정상" 샘플로 사용해 진행했습니다. 라이브러리는 NovaSeq 6000 시스템에서 S1 플로우 셀 1개를 사용해 2 × 151 bp의 리드 길이로 시퀀싱했으며, 시퀀싱 리드는 CNV Mix의 경우 100M 개의 싱글 엔드 리드로, WT DNA Reference 샘플의 경우 28M 개의 리드로 서브샘플링했습니다. 체세포(Somatic) CNV(copy number variation, 유전자 복제수 변이)는 BaseSpace Sequence Hub에서 DRAGEN Somatic 앱으로 45개의 정상 FFPE 조직 샘플로 구성된 Panel of Normals로 확보한 베이스라인 파일을 사용해 검출했으며, DRAGEN의 기본 세그멘테이션(segmentation) 알고리즘을 이용해 분석했습니다. CNV Mix를 8번 반복 실험한 값의 평균 및 표준편차(standard deviation)가 보고되었으며, 이를 SeraCare가 예상한 배수 변화와 비교했습니다.

이 assay는 40 ng을 사용했을 때 100M 개의 싱글 엔드 리드로 VAF가 5%인 단일 염기서열 변이(single nucleotide variant, SNV) 및 삽입/결실(insertion/deletion, Indel)을 90% 검출했습니다(그림 4). VAF가 6~7%일 때 분석 민감도는 중앙 라이브러리당 46M 개의 리드로 높게 유지되었습니다. 대조 샘플의 경우 배수 변화가 약 2.5인 12개의 유전자 증폭이 검출(유전자당 3개의 추가 copy)되었을 때 분석 민감도가 100%인 것을 관찰할 수 있었습니다(그림 5).

정확한 TMB 추정

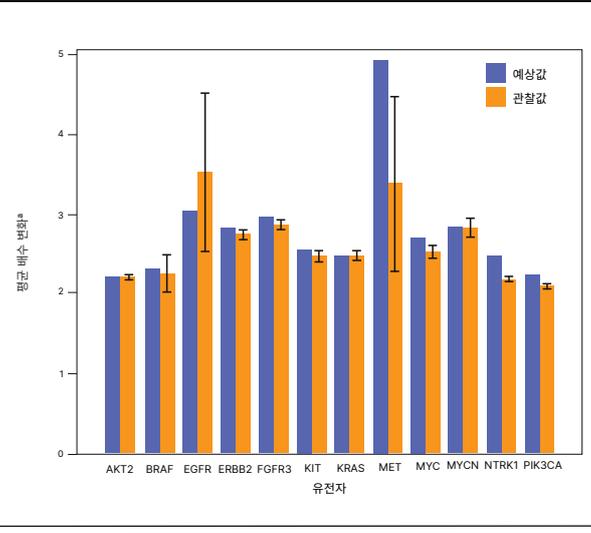
Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 Twist for Illumina Exome 2.5 Panel의 포괄적인 엑솜 콘텐츠와 정교한 DRAGEN Somatic 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 파이프라인을 결합하여 정확한 중앙 돌연변이 부담(tumor mutational burden, TMB)을 추정합니다. Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 TMB 추정 성능을 SeraCare TMB Reference Standards와 조직 샘플에서 추출한 FFPE DNA를 사용하여 평가했습니다. Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 라이브러리는 SeraSeq gDNA

그림 4: VAF가 낮은 변이 검출 결과



Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 40 ng의 DNA를 사용하여 100M 개의 싱글 엔드 리드로 시퀀싱했을 때 VAF가 5%인 SNV 및 Indel을 90% 검출함(초록색 선). 예상대로 VAF가 4~5%인 변이의 검출률은 리드 수가 적을수록 감소했으나, VAF가 6~7%인 변이는 종양 라이브러리당 싱글 엔드 리드 수가 적게는 46M 개일 때도 높은 분석 민감도가 유지됨(보라색 선). 파선은 90%의 변이 검출률을 나타냄

그림 5: 유전자 증폭 검출 결과



Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 대조 샘플에서 12개의 유전자 증폭(유전자당 3개의 추가 copy)을 100% 민감도로 검출한 것으로 관찰됨. CNV Mix를 8번 반복 실험한 값의 평균 및 표준편차가 보고되었으며, 이를 SeraCare가 예상한 배수 변화와 비교함

a. SeraCare의 보고에 따르면, BRAF, EGFR 및 MET는 작은 증점 영역이 있는 두 가지 합성 구성물을 사용하여 증폭되었기 때문에 해당 증점 영역에 걸쳐 발생하는 CNV 이벤트의 경우에는 증폭값이 증가된 것으로 보일 수 있음

TMB Mix Score 7 및 TMB Mix Score 13 Standards와 각각 상응하는 "정상" 샘플(SeraCare, 카탈로그 번호: 0710-1326 및 0170-1586) 40 ng을 사용하여 준비했습니다. 시퀀싱 데이터는 DRAGEN Enrichment 앱으로 분석하였고, BAM 파일은 종양-정상 샘플 페어로 DRAGEN Somatic 앱에 불러오기를 통해 업로드했습니다. 분석 결과, 관찰된 TMB 값이 예상했던 값과 거의 같은 것을 확인할 수 있었습니다(표 3).

TruSight™ Oncology 500과의 일치성

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 라이브러리는 종양 샘플 및 매칭된 정상 샘플에서 추출한 FFPE DNA 40 ng을 사용하여 준비했습니다. 라이브러리는 NovaSeq 6000 시스템에서 여러 개의 S2 플로우 셀을 사용하여 2 × 151 bp의 리드 길이로 시퀀싱했으며, 종양 라이브러리 및 매칭된 정상 라이브러리의 시퀀싱 리드는 권장 리드 수로 서브샘플링했습니다(표 2). 시퀀싱 데이터는 DRAGEN Enrichment 앱으로 분석하였고, BAM 파일은 BaseSpace Sequence Hub에서 종양-정상 샘플 페어로 DRAGEN

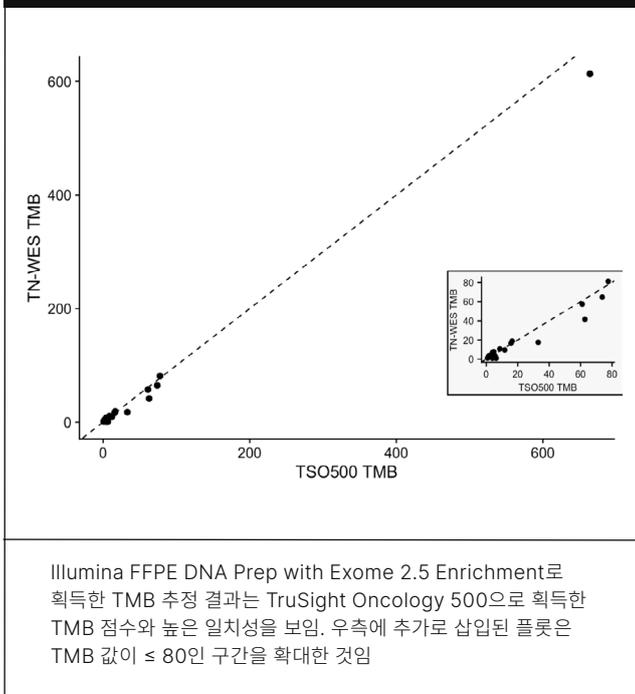
Somatic 앱에 불러오기를 통해 업로드했습니다. 이와 동시에 종양 샘플에서 추출했던 동일한 FFPE DNA에서 40 ng을 취해 TruSight Oncology 500으로 처리한 후 데이터를 TruSight Oncology 500 v2.2.1 Local App 소프트웨어로 분석했습니다. 분석 결과는 TruSight Oncology 500 워크플로우를 통해 보고된 TMB 점수와 높은 일치성 (R2 = 0.999)을 보여, Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment가 중요한 암 바이오마커(biomarker)인 TMB의 추정 시 우수한 성능을 제공함이 확인되었습니다(그림 6). 현미부수체 불안정성(Microsatellite instability, MSI) 및 상동 재조합 결핍(homologous recombination deficiency, HRD) 바이오마커에 대한 분석 파이프라인도 현재 개발 중에 있으며, DRAGEN Somatic 앱의 분석 결과는 예비 분석 결과로 간주해야 합니다. 해당 바이오마커에 관한 자세한 정보는 Illumina 영업 담당자에게 문의하시기 바랍니다.

표 3: Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 정확한 TMB 추정 결과

SeraSeq gDNA TMB Mix	예상 TMB 점수 ^a	DRAGEN Somatic 앱의 NonSyn TMB 점수 ^{a,b}
TMB - high	13	12.3(0.4)
TMB - low	7	7.3(0.1)

a. 8번 반복 실험한 값의 평균 및 표준편차가 보고됨
b. NonSyn TMB 점수는 SeraCare가 사용하는 변이 기준(variant criteria)에 맞추기 위해 보고됨

그림 6: 정확한 TMB 추정 결과



Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 콘텐츠 유연성

Illumina FFPE DNA prep with Exome 2.5 Enrichment는 새로운 표적을 커버하거나 비교적 관심이 높은 영역의 커버리지를 향상하도록 설계된 커스텀 프로브와 호환됩니다. 패널은 맞춤형 표적 목록에 따라 설계되어 Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 프로토콜에 spike-in 프로브로 간편하게 추가됩니다. Illumina Custom Panel v2 제품들은 [DesignStudio™ 온라인 디자인 도구](#)나 Illumina Concierge Design Team을 통해 디자인됩니다.

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment가 다양한 크기의 spike-in 패널과 호환됨을 확인하기 위해 두 가지 Illumina Custom Enrichment Panel v2에 Twist for Illumina Mitochondrial Panel을 사용해 Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 프로토콜을 진행했습니다(표 4). 그 결과, spike-in 패널의 크기와 엑솔 및 spike-in 표적의 커버리지 간 상관관계를 확인할 수 있었습니다. 소형 미토콘드리아 패널을 사용했을 때 비교적 더 높은 커버리지가 달성되었고, 중형 spike-in 패널(Panel A)을 사용했을 때는 엑솔 및 spike-in 표적 모두 우수한 커버리지를 달성했습니다. 대형 spike-in 패널(Panel B)은 높은 엑솔 커버리지를 유지하였고, spike-in 패널의 표적 영역 커버리지는 보통이었으나 향상된 딥 시퀀싱(deep sequencing)을 통해 개선이 가능할 것으로 예상됩니다. Spike-in 패널을 사용했을 때 더 높은 중첩 영역 커버리지(그림 7A)나 새로운 표적에 대한 시퀀싱 커버리지(그림 7B)가 관찰되었습니다. 또한 인리치먼트 반응 중 spike-in 패널을 Twist for Illumina Exome 2.5 Panel과 함께 사용했을 때 Custom Enrichment v2 Panel B의 표적 영역에서 평균 표적 커버리지 데스 및 $\geq 50\times$ 표적 커버리지 비율이 약 10배 증가한 것으로 나타났습니다(표 5).

표 4: Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment의 추가 콘텐츠 호환성

패널	Twist for Illumina Mitochondrial	Custom Enrichment v2 Panel A	Custom Enrichment v2 Panel B	
패널 크기(염기 수)	16,659	244,283	1,590,551	
프로브 수	139	2,804	10,353	
커버되는 유전자 수	37	79	1,038	
Spike-in 패널/엑솜 패널 비율	0.008 ^a	0.4 ^a	0.4 ^a	
시퀀싱 리드 수 ^b	100M	100M	100M	110M~220M ^c
평균 표적 커버리지 엑솜 ^a	136x	137x	111x	151x
평균 표적 커버리지 spike-in 영역 ^d	1397x	193x	52x	72x
≥ 50x 커버리지의 엑솜 표적 비율	93%	93%	85%	93%
≥ 50x 커버리지의 spike-in 표적 비율	99.70%	99%	42%	57%

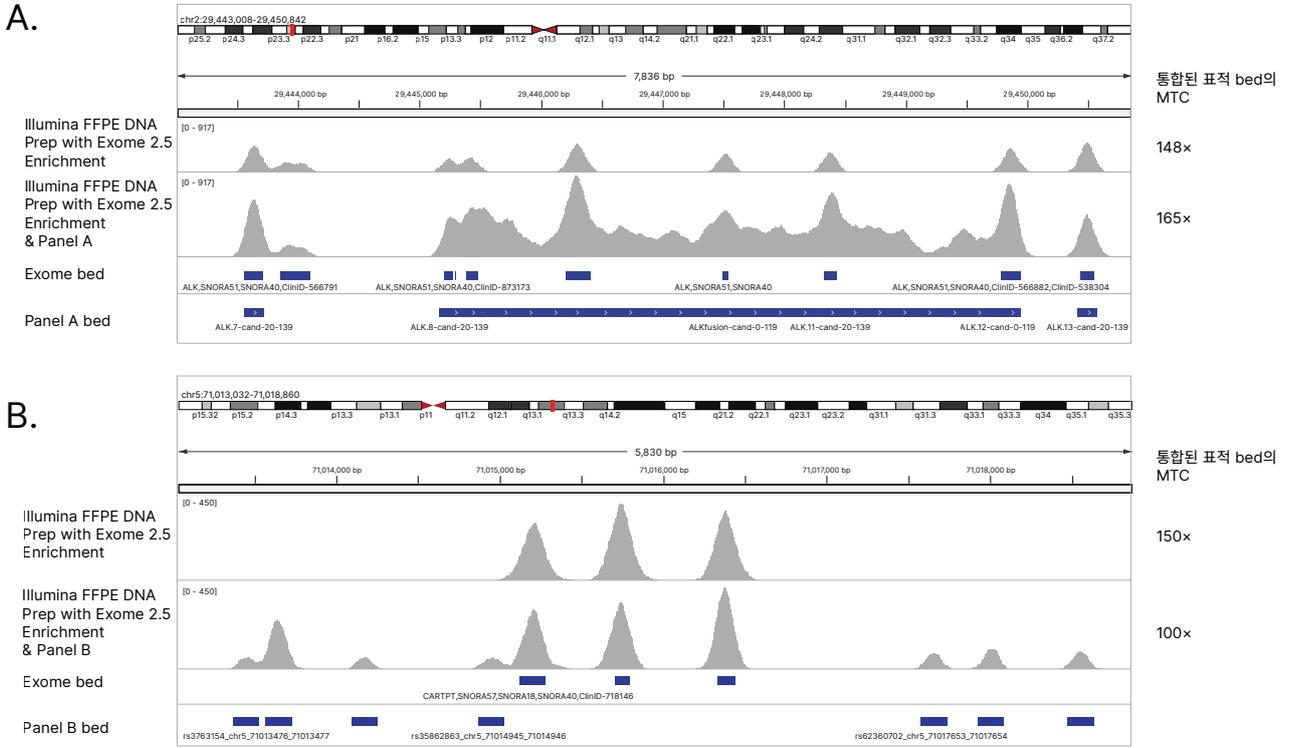
a. Twist for Illumina Exome 2.5 Panel 3 µl와 혼합된 Twist for Illumina Mitochondrial Panel의 1:50 희석액 2 µl, 또는 Custom Enrichment v2 Panel 2 µl
 b. 싱글 엔드 시퀀싱 리드 수(단위: million(M))
 c. 여러 FFPE 종양 DNA 샘플에서 관찰된 시퀀싱 리드 수의 범위를 나타냄
 d. 평균 표적 커버리지는 중첩되는 메이트가 이중 계수되지 않도록 설정하여 계산함

표 5: Illumina Custom Enrichment v2 Panel spike-in으로 향상된 인리치먼트 메트릭스

파라미터	Twist for Illumina Exome 2.5	Twist for Illumina Exome 2.5 + spike-in 패널 ^a
Spike-in 영역의 평균 표적 커버리지 덱스 ^d	5.5x	52x
커버리지 균일성 spike-in	20%	89%
≥ 20x 커버리지의 spike-in 표적 비율	5%	78%
≥ 50x 커버리지의 spike-in 표적 비율	4%	42%

a. Custom Enrichment v2 Panel B를 의미함. 이 패널에 대한 자세한 정보는 표 4 참조
 b. 평균 표적 커버리지는 중첩되는 메이트가 이중 계수되지 않도록 설정하여 계산함

그림 7: Illumina Custom Enrichment v2 spike-in 패널로 향상된 딥 시퀀싱 결과



(A) Spike-in 패널 적용 유무에 따른 Illumina FFPE DNA Prep Exome 2.5 Enrichment Panel과 Custom Enrichment v2 Panel A(표 4 참조) 간 중첩 영역에 대한 MTC(중첩되는 메이트가 이중 계수되지 않도록 설정하여 계산)를 비교한 결과, spike-in Panel A 사용 시 커버리지가 2배 넘게 증가한 것이 확인됨
(B) Spike-in 패널 적용 유무에 따른 Custom Enrichment v2 Panel B(표 4 참조)의 새로운 표적 영역에 대한 커버리지를 비교한 결과, spike-in Panel B 사용 시 커버리지가 확인됨

MTC = mean target coverage(평균 표적 커버리지)

요약

Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment는 단일 업체가 제공하는 활용도 높은 라이브러리 프렙 솔루션으로, FFPE 조직 샘플에서 추출한 소량의 DNA를 사용하는 실험에 최적화되어 있습니다. 연구자는 Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 솔루션을 사용하여 저빈도 체세포 변이를 높은 분석 민감도로 검출할 수 있습니다. Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment 솔루션의 높은 성능과 강력한 Illumina 시퀀싱 시스템 그리고 가속화된 데이터 분석이 결합되어, FFPE DNA를 위한 고품질의 NGS 종양-정상 워크플로우를 제공합니다. 이 워크플로우는 샘플 처리부터 데이터 분석까지, 신뢰할 수 있는 단일 파트너를 통해 안전하게 지원됩니다.

상세 정보

[Illumina FFPE DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment](#)

[DRAGEN Secondary Analysis](#)

[Illumina Connected Insights](#)

제품 목록	
제품	카탈로그 번호
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex)	20104103
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex), on-premises ^a	20104104
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Ligation (16 Samples)	20104105
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Ligation (96 Samples)	20104106
Illumina Cell-Free and FFPE DNA Prep, Enrichment (16 Reactions)	20104107
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034702
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 Indexes Set A, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 Indexes Set B, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20126237
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213
Twist Bioscience for Illumina Exome 2.5 Panel	20076914
Twist Bioscience for Illumina Mitochondrial Panel	20093180
a. 10,000 Gb. DRAGEN Server 1년 라이선스 포함	



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

© 2025 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-03347 v3.0 KOR