



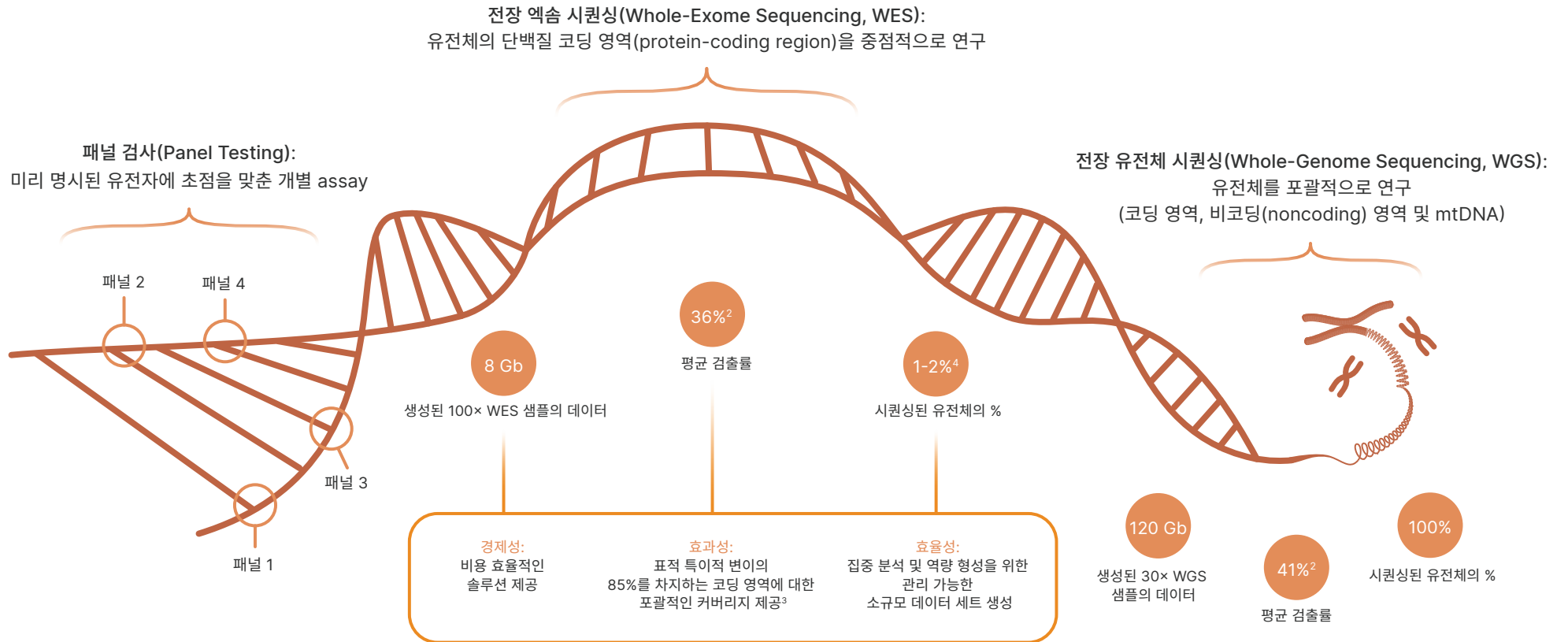
```

GTACGTACGTA  TACGTACGTAC  ACGT  TACGTACGTAC  ACGTACGTA  GTACGTACGTACG
GTACGTACGTACG  TACGTACGTACGT  ACGT  TACGTACGTACG  GTACGTACGTAC  GTACGTACGTACG
GTAC  TACGT  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  GTACG  GTACG
GTAC  TACGT  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTAC  TACGT  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTACGTACGTACG  TACGTACGTACG  ACGT  TACGT  TACGT  ACGT  ACGTACG  GTACGTACGTACG
GTACGTACGTACG  TACGTACGTACG  ACGT  TACGT  TACGT  ACGT  ACGTACG  GTACGTACGTACG
GTAC  TACGT  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTAC  ACGTA  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTAC  ACGTA  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTAC  TACGT  TACG  TACGT  ACGT  TACGT  TACGT  CGTAC  ACGTA  TACG  GTACG
GTACGTACGTACG  TACGT  CGTA  ACGT  TACGTACGTACG  GTACGTACGTACG  GTACGTACGTACG
GTACGTACGTAC  TACG  CGTA  ACGT  TACGTACGTAC  TACGTACG  ACGT  GTACGTACGTACG

```

## 유전자 패널과 선구적인 전장 유전체 분석 기술을 잇는 다리

엑솜 시퀀싱은 전장 유전체 시퀀싱이 불가능할 때 고려해 볼 수 있는 효과적이고 경제적이며 효율적인 연구 방법입니다.



# 하나의 플랫폼이 선사하는

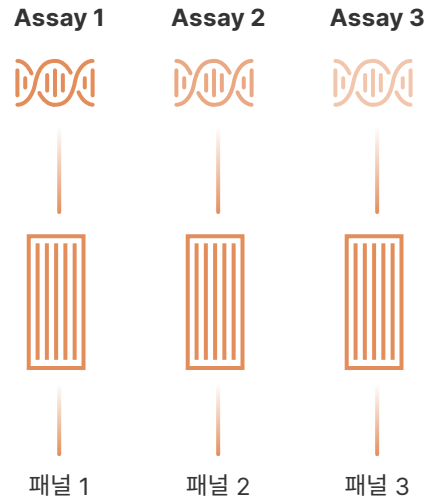


## 무궁무진한 패널 디자인

해마다 질병 원인 변이를 가진 약 250개의 유전자가 새롭게 논문을 통해 소개되고 있습니다.<sup>1</sup> 이렇듯 빠른 유전자 발견 속도를 고려하면, 이미 시판 중인 유전자 패널로는 부족한 부분이 생길 수 있습니다. 또 여러 패널을 정기적으로 업데이트해야 한다면 많은 인력과 비용이 소요될 수 있습니다. 랩은 전장 엑솜 백본(backbone)을 도입함으로써 간소화된 워크플로우와 시퀀싱 비용을 통해 다양한 활용성을 갖춘 포괄적인 가상 패널을 제공할 수 있습니다.

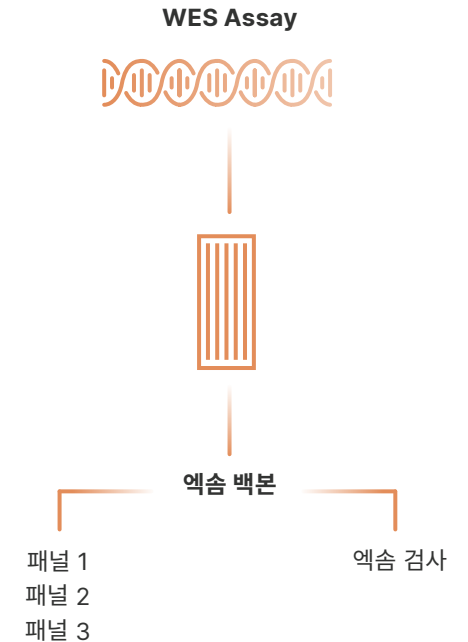
## 패널 검사

- 제한적인 검사 메뉴
- 복잡한 다중 assay 패널 워크플로우
- 고비용, 노동 집약적 패널 업데이트 워크플로우
- 한계가 있는 새로운 유전형-표현형 연관성(genotype-phenotype association) 발견 역량
- 제한적인 재분석 옵션



## 전장 엑솜 시퀀싱

- Assay 강화를 통한 랩의 효율성 최적화
- 단일 실험실 assay 검증, 잦은 쿼리
- 간소화된 패널 업데이트 워크플로우
- 새로운 발견을 돕는 향상된 역량
- 즉각적인 추가 분석 기능



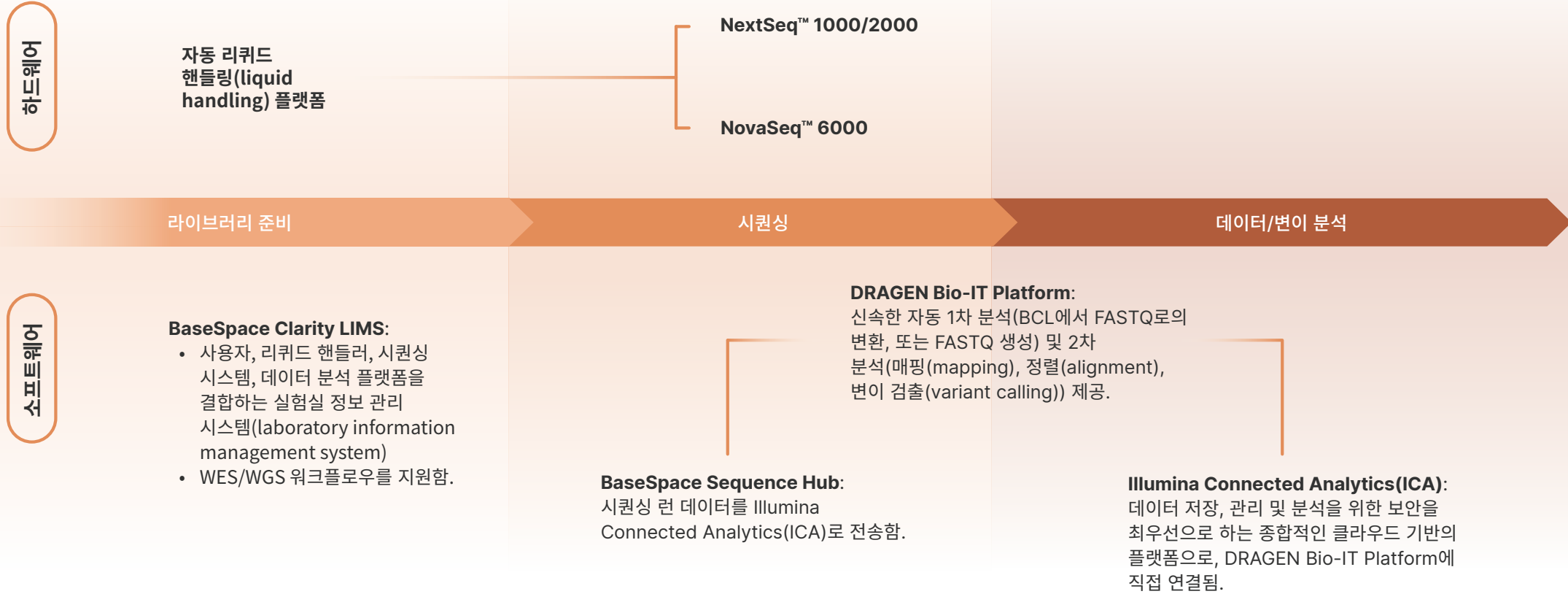






# Illumina Genomics Architecture(IGA)로 간소화되는 전장 엑솜 시퀀싱 워크플로우

IGA는 몇 가지 하드웨어 및 소프트웨어를 통해 자동화가 가능한 샘플 처리에서 데이터 보고까지 전 단계를 아우르는 워크플로우를 구현함으로써 원활한 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS)의 통합 및 도입을 지원하는 표준화된 유연한 모듈식 프레임워크입니다.



# 전장 엑솜 시퀀싱으로 확장하세요.

Illumina는 신뢰할 수 있는 단일 파트너로서 다음을 제공해 드립니다.

- 시약, 기기 및 데이터 분석 및 해석을 위한 소프트웨어
- 고품질의 재현 가능한 결과를 도출하는 빠르고 강력한 사용하기 쉬운 assay 제품군
- 워크플로우의 구성 요소별로 세분화된 세계적인 수준의 고객 지원 서비스

## 참고 문헌

1. Seaby EG, Rehm HL, O'Donnell-Luria A. Strategies to Uplift Novel Mendelian Gene Discovery for Improved Clinical Outcomes. *Frontiers in Genetics*. 2021;12. doi:10.3389/fgene.2021.674295
2. Clark MM, Stark Z, Farnaes L, et al. Meta-analysis of the diagnostic and clinical utility of genome and exome sequencing and chromosomal microarray in children with suspected genetic diseases. *npj Genomic Medicine*. 2018;3(1). doi:10.1038/s41525-018-0053-8 2.
3. van Dijk EL, Auger H, Jaszczyszyn Y, Thermes C. Ten years of next-generation sequencing technology. *Trends Genet*. 2014;30:418-426.
4. Warr A, Robert C, Hume D, Archibald A, Deeb N, Watson M. Exome Sequencing: Current and Future Perspectives. *G3: Genes/Genomes/Genetics*. 2015;5(8):1543-1550. doi:10.1534/g3.115.018564

illumina®

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

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.  
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.  
특정 상표 정보는 [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html)을 참조하십시오.  
M-KR-00165 KOR