



# DRAGEN™ Secondary Analysis

대회 수상을 통해 우수한 정확도가 입증된 효율적인 2차 NGS 데이터 분석 기술

DRAGEN Secondary Analysis는 대회 수상을 통해 입증된 분석 정확도,<sup>1,2</sup> 광범위한 종류의 앱 그리고 효율적인 워크플로우를 통해 다양한 랩에서 규모나 연구 분야와 관계없이 유전체 데이터를 한층 더 효과적으로 활용할 수 있도록 해 줍니다. 지금 하드웨어 가속 유전체 분석 알고리즘, 머신 러닝을 활용한 지속적인 기술 혁신, Multigenome(그래프) 레퍼런스 등을 토대로 DRAGEN Secondary Analysis가 제공하는 포괄적인 커버리지를 열어 보세요.

## 유전체의 가치를 최대한 활용하세요



### 정확성

precisionFDA Truth Challenge V2 벤치마크 데이터로 Multigenome (그래프) 레퍼런스와 머신 러닝이 제공하는 99.84%의 정확도 점수를 실현합니다.<sup>1</sup>



### 포괄성

전장 유전체, 엑솜, 메틸화 및 전사체를 모두 분석하려면 일부만 재현하더라도 30개가 넘는 오픈소스 도구가 필요하지만, DRAGEN 플랫폼으로 이 모든 도구를 대체할 수 있습니다.<sup>3</sup>



### 효율성

30x 커버리지의 인간 유전체 전체를 처리하는 데 약 25분이 소요되며,<sup>2</sup> DRAGEN ORA 기술을 적용해 FASTQ 파일을 최대 1/5 크기로 압축합니다.

## DRAGEN 소프트웨어를 원하는 플랫폼에서 사용하세요



### DRAGEN 온프레미스

온프레미스 서버를 사용해 기존의 CPU 기반 시스템보다 훨씬 짧은 시간 안에 로컬에서 데이터를 분석하고 저장할 수 있습니다.



### DRAGEN 온보드

추가적인 컴퓨팅 인프라나 바이오인포매틱스 리소스 없이 데이터를 NovaSeq™ X 시리즈, NextSeq™ 1000 시스템 또는 NextSeq 2000 시스템에서 바로 분석할 수 있습니다.



### DRAGEN 클라우드

하드웨어를 따로 마련할 필요 없이 시퀀싱 시스템에 있는 데이터를 BaseSpace™ Sequence Hub 또는 Illumina Connected Analytics로 스트리밍하여 원하는 규모와 속도로 분석할 수 있습니다.



### 우승

precisionFDA Truth Challenge V2에서 "Difficult-to-Map Regions" 및 "All Benchmark Regions" 부문 우승.  
precisionFDA NCTR Indel Calling from OncoPanel Sequencing Data Challenge에서 Panel X로 "Best Precision" 및 "Best Overall" 부문, "Best Applicability" 부문 우승<sup>1,2</sup>

# 제품 정보

연구용 앱	온프레미스		온보드		클라우드
	DRAGEN Server	NovaSeq X 시리즈	NextSeq 1000 NextSeq 2000 시스템	BaseSpace Sequence Hub	Illumina Connected Analytics
BCL conversion	✓	✓	✓	✓	✓ (커스텀만 해당)
DRAGEN ORA compression	✓	✓	✓		
DRAGEN FASTQ + MultiQC	✓	✓	✓	✓	✓
Whole genome	Germline + somatic	Germline만 지원 Somatic 곧 지원 예정	Germline만 지원	Germline + somatic	Germline + somatic
Enrichment(엑솜 포함)	Germline + somatic	Germline + somatic	Germline + somatic	Germline + somatic	Germline + somatic
DNA amplicon	✓		✓	✓	✓
RNA	✓	✓	✓	✓	✓
Single-cell RNA	✓		✓	✓	✓
Differential expression		✓	✓	✓	
NanoString GeoMx NGS			✓	✓	
RNA amplicon	✓			✓	곧 지원 예정
Methylation	✓	곧 지원 예정		✓	✓
Metagenomics	✓			✓	
RNA pathogen detection				✓	
COVID	COVIDSeq COVID Lineage		COVIDSeq(클라우드만 지원)	COVIDSeq COVID Lineage	
TruSight™ Oncology 500	ctDNA 지원 solid 곧 지원 예정			3.10에서 지원	✓
ScATAC-Seq	✓			✓	✓
Imputation	✓			✓	✓
PGx Star Allele Caller	✓	곧 지원 예정		✓	✓
Illumina Complete Long Reads				✓	
DRAGEN secondary analysis for RPIP and UPIP	✓			✓	✓



실제 고객의 DRAGEN  
Secondary Analysis  
사용 사례를 확인해 보세요.



리소스 페이지에서 집단유전체학  
이니셔티브의 Secondary  
Analysis 활용 방법을 알아 보세요.



DRAGEN  
publications에서  
최신 연구 논문을  
살펴 보세요.

## 상세 정보

1. Food and Drug Administration. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. [precision.fda.gov/challenges/10](https://precision.fda.gov/challenges/10). Accessed July 14, 2023.
2. Food and Drug Administration. NCTR Indel Calling from Oncopanel Sequencing Data Challenge Phase 1. [precision.fda.gov/challenges/21](https://precision.fda.gov/challenges/21). Accessed July 14, 2023.
3. Internal data on file. Illumina, Inc., 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](http://www.illumina.com/company/legal.html)을 참조하십시오.