

NextSeq™ 1000 Sequencing System e NextSeq 2000 Sequencing System

Ampia gamma di applicazioni e semplicità operativa con prestazioni comprovate

- Piattaforma di ampia utilità con la flessibilità e la scalabilità necessarie per espandere le applicazioni da banco
- Flusso di lavoro ottimizzato grazie alla chimica XLEAP-SBS™ e all'analisi secondaria DRAGEN™ integrata
- Solide prestazioni e dati di elevata qualità da un leader globale comprovato

illumina®



Introduzione

Il sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing) ha rivoluzionato la ricerca biologica, ampliando la gamma e la profondità delle applicazioni di sequenziamento che i laboratori possono eseguire. La comunità di ricerca può porre domande e rispondere a quesiti scientifici sempre più complessi. In ambito oncologico, nella ricerca sul microbioma e in altre applicazioni emergenti, sempre più scienziati stanno cercando di sfruttare le potenzialità della tecnologia NGS.

ILLUMINA si impegna a produrre ragguardevoli risultati nell'erogazione di soluzioni in grado di far progredire gli scienziati e di accelerare i relativi obiettivi di sequenziamento. Da decenni, Illumina si dedica al miglioramento delle funzionalità di sequenziamento mediante l'ampliamento delle applicazioni da banco, l'ottimizzazione dei flussi di lavoro e l'aumento dell'accuratezza.

Con NextSeq 1000 Sequencing System e NextSeq 2000 Sequencing System, Illumina ha portato avanti questo impegno verso l'innovazione (Figura 1, Tabella 1). Queste piattaforme da banco leader del mercato si basano sulla chimica di sequenziamento mediante sintesi (SBS, Sequencing By Synthesis) di Illumina ad alte prestazioni e sull'informatica integrata nello strumento. Gli utenti hanno a disposizione la processività, la qualità dei dati e il budget necessari per soddisfare le proprie esigenze, per batch di qualsiasi dimensione e applicazioni semplici o a uso intenso di dati, il tutto in un sistema da banco. Con l'aggiunta di una solida assistenza da parte di esperti, i laboratori sono pronti per il carico di lavoro di oggi e per le applicazioni emergenti di domani.

Solide prestazioni e flusso di lavoro ottimizzato

Chimica SBS ad alte prestazioni

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System si basano sulla chimica XLEAP-SBS, una chimica SBS più veloce, di qualità superiore e più solida retta dalle comprovate fondamenta della chimica SBS standard di Illumina. I nucleotidi della chimica XLEAP-SBS utilizzano coloranti innovativi, nuovi leganti e blocchi più resistenti al calore e mostrano un'idrolisi ridotta di 50 volte e una scissione del blocco più veloce di 2,5 volte per ridurre la determinazione delle fasi e la predeterminazione delle fasi. La polimerasi di XLEAP-SBS è stata progettata per incorporare più velocemente i nucleotidi e offrire una maggiore affidabilità come mai prima d'ora.



Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System. NextSeq 2000 System è caratterizzato da un design innovativo, chimica avanzata, bioinformatica semplificata e un flusso di lavoro intuitivo, che lo rendono il sistema di sequenziamento da banco più flessibile e adattabile e quello utilizzabile con la gamma più estesa di applicazioni.

Grazie ai tempi di elaborazione più veloci della chimica XLEAP-SBS, è possibile risparmiare un'intera giornata* rispetto ai tempi di esecuzione previsti con SBS standard.

Aumento della produttività grazie alle innovazioni

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System impiegano a proprio vantaggio le innovazioni nell'ambito di componenti ottici, design delle strumentazioni e chimica dei reagenti per ridurre al minimo il volume della reazione di sequenziamento, aumentare al contempo l'output e ridurre i costi per corsa. Questo approccio offre la scalabilità necessaria per far fronte a vari volumi di output, mantenendo gli stessi standard elevati di altre piattaforme Illumina per quanto concerne la qualità dei dati. Ulteriori innovazioni includono celle a flusso preconfigurate (patterned) con elevata densità dei cluster e un sistema ottico dalla straordinaria risoluzione in grado di produrre dati di imaging altamente accurati, caratterizzati da risoluzione e sensibilità maggiori rispetto ai tradizionali sistemi da banco.

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System offrono un flusso di lavoro semplificato con la praticità di un sistema "carica e vai" (Figura 2). L'hardware DRAGEN integrato consente di eseguire rapidamente l'analisi secondaria e la compressione dei dati. Lo strumento include la generazione di cluster integrata e prepara i file FASTQ come parte della corsa di sequenziamento. Non sono necessarie apparecchiature o passaggi aggiuntivi.

* Ad esempio, i tempi di una corsa della cella a flusso P3 da 2 × 150 BP sono più rapidi di otto ore con i reagenti XLEAP-SBS rispetto alla chimica SBS standard.

Tabella 1: parametri delle prestazioni di NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System

Lunghezza lettura	Reagenti NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS	Reagenti NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS	Reagenti NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS ^a	Reagenti NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS ^a
Output per cella a flusso^b				
Lecture single-end	100 milioni	400 milioni	1,2 miliardi	1,8 miliardi
1 × 50 bp	–	–	–	90 Gb
2 × 50 bp	10 Gb	40 Gb	120 Gb	180 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb	360 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb	540 Gb
2 × 300 bp	60 Gb	240 Gb	–	–
Punteggi qualitativi^c				
1 × 50 bp, 2 × 50 bp, 2 × 100 bp, 2 × 150 bp	≥ 90% delle basi con punteggio superiore a Q30			
2 × 300 bp	≥ 85% delle basi con punteggio superiore a Q30			
Durata della corsa				
1 × 50 bp	–	–	–	12 ore
2 × 50 bp	8 ore	12 ore	18 ore	20 ore
2 × 100 bp	–	19 ore	31 ore	34 ore
2 × 150 bp	17 ore	22 ore	40 ore	44 ore
2 × 300 bp	34 ore	42 ore	–	–

a. Le celle a flusso P3 e P4 sono disponibili solo su NextSeq 2000 System.

b. Le specifiche per gli output si basano su una singola cella a flusso utilizzando la libreria del campione di controllo PhiX di Illumina a densità cluster supportate.

c. I punteggi qualitativi si basano su una libreria del campione di controllo PhiX di Illumina; le prestazioni possono variare a seconda del tipo e della qualità della libreria, della dimensione dell'inserito, della concentrazione di carico e di altri fattori sperimentali.



Figura 2: flusso di lavoro intuitivo dalla libreria all'analisi. NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System offrono un flusso di lavoro completo, che include semplice impostazione della corsa, ampio ecosistema di kit compatibili per la preparazione delle librerie, funzionamento "carica e vai" e analisi secondaria integrata sullo strumento.

Prestazioni effettive eccezionali

Oltre alle specifiche del sistema, è importante considerare le prestazioni effettive quando si valuta il sistema di sequenziamento Illumina più adatto per determinate esigenze sperimentali. Le specifiche del prodotto Illumina sono tradizionalmente impostate per garantire prestazioni pari o superiori alle stesse. Quando l'output supera le specifiche, il costo effettivo per campione diminuisce.

I laboratori che utilizzano sia i kit SBS standard sia i kit XLEAP-SBS raggiungono costantemente valori molto superiori alle specifiche sia per la resa sia per la percentuale di basi pari o superiori a Q30 ($\% \geq Q30$) su NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System. Un esame delle prestazioni storiche rispetto alle specifiche per i kit SBS standard su migliaia di corse ha dimostrato che più dell'89% delle corse effettive ha superato le specifiche a livello di output e di percentuale di basi pari o superiori a Q30 (Tabella 2). Anche l'esame di centinaia di corse effettive ha dimostrato che i dati generati utilizzando i kit XLEAP-SBS superano costantemente le specifiche (Tabella 3). Inoltre, gli studi interni di Illumina dimostrano che con i reagenti P4 XLEAP-SBS si ottengono dati di alta qualità, pari o superiori a Q40 nell'80% dei casi (Figura 3).

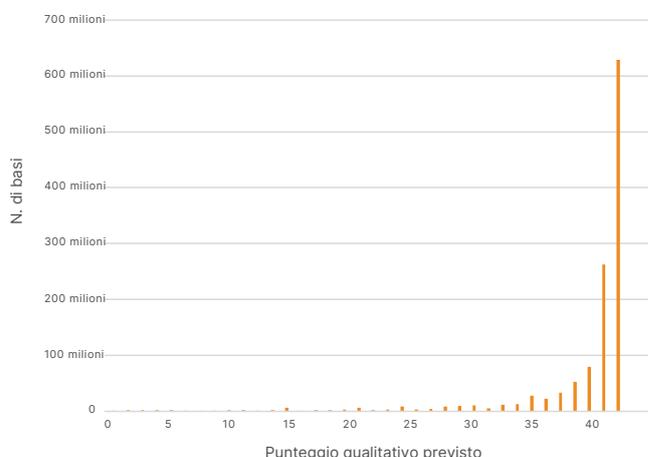


Figura 3: dati di alta qualità generati su NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System utilizzando la chimica XLEAP-SBS. Questo istogramma con punteggio qualitativo filtrato generato da Illumina dimostra che almeno l'80% delle basi dei reagenti P4 XLEAP-SBS è pari o superiore a Q40. Il punteggio Q40 è stato misurato utilizzando un software interno di analisi in tempo reale che fornisce punteggi qualitativi non legati.

Tabella 2: esempi di dati reali generati utilizzando reagenti SBS standard

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parametro	Specifica	Media tra le corse recenti	Media tra il 10% delle corse principali
Kit di reagenti NextSeq 1000/2000 P2 (200 e 300 cicli)	Cluster che attraversano il filtro	400 milioni	498 milioni	558 milioni
	Punteggio Q30	85%	90%	96%
Kit di reagenti NextSeq 1000/2000 P3 (200 e 300 cicli)	Cluster che attraversano il filtro	1,2 miliardi	1,3 miliardi	1,4 miliardi
	Punteggio Q30	85%	90%	94%

Tabella 3: esempi di dati reali generati utilizzando reagenti XLEAP-SBS

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parametro	Specifica	Media tra le corse recenti
Kit di reagenti NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS	Cluster che attraversano il filtro	400 milioni	523 milioni
	Punteggio Q30	90%	93%
Kit di reagenti NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS	Cluster che attraversano il filtro	1,2 miliardi	1,3 miliardi
	Punteggio Q30	90%	94%
Kit di reagenti NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS	Cluster che attraversano il filtro	1,8 miliardi	1,9 miliardi
	Punteggio Q30	90%	93%

Piattaforma integrata di facile utilizzo

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System impiegano una cartuccia di reagenti integrata che include la fluidica e il supporto per gli scarti, il che semplifica il caricamento delle librerie e l'utilizzo degli strumenti (Figura 4). Lo scongelamento e la preparazione della cartuccia di reagenti, il caricamento della cella a flusso e delle librerie preparate nella cartuccia e il successivo inserimento della cartuccia assemblata nello strumento, così come le fasi di denaturazione e diluizione, avvengono automaticamente sullo strumento.

Oltre alla semplicità, il design della cartuccia completamente integrata migliora l'efficienza per tutta la durata della corsa di sequenziamento. La riduzione di molte reazioni di sequenziamento permette al design unico di offrire:

- Riduzione dei costi operativi
- Aumento della riciclabilità
- Riduzione del volume degli scarti

I reagenti non lasciano mai la cartuccia, il che offre uno strumento dotato di procedimento "secco" che non richiede lavaggi e semplifica la manutenzione, aumentando l'efficienza.



Figura 4: cartuccia di reagenti NextSeq 1000 e NextSeq 2000. La cartuccia integrata include reagenti, fluidica e supporto per gli scarti. È sufficiente scongelare e preparare la cartuccia di reagenti, inserire la cella a flusso, caricare la libreria e posizionarla nello strumento.

Flessibilità per aumentare la produttività, scalabilità per crescere

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System offrono una piattaforma di ampia utilità con la flessibilità necessaria per adattarsi in modo efficiente a esigenze variabili e a un maggior numero di applicazioni. Grazie a risultati accurati e veloci, output da 10 Gb fino a 540 Gb e opzioni informatiche integrate, NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System sono perfetti per un'ampia gamma di applicazioni (Tabella 4, Tabella 5), quali metagenomica, trascrittomica spaziale, studi di singole cellule e molto altro ancora.

Gamma di applicazioni

NextSeq 2000 System offre quattro tipi di celle a flusso (P1, P2, P3 e P4) e 14 configurazioni di kit, mentre NextSeq 1000 System offre due tipi di celle a flusso (P1 e P2) e sette configurazioni di kit (Tabella 1). Le lunghezze di lettura da 1 × 50 bp a 2 × 300 bp supportano un'ampia varietà di applicazioni e studi di diverse dimensioni (Tabella 4):

- Kit da 600 cicli per applicazioni dipendenti dalla lunghezza di lettura, quali assemblaggio *de novo* di piccoli genomi interi, metagenomica mirata, metagenomica shotgun, metatrascrittomica e profilazione del repertorio della risposta immunitaria
- Kit da 300 o 200 cicli per il sequenziamento di pannelli mirati, esomi e pannelli di grandi dimensioni, trascrittomi, DNA tumorale circolante e genomi interi di grandi dimensioni
- Kit da 100 o 50 cicli per applicazioni incentrate sul conteggio, come l'espressione genica, la mappatura spaziale e a singola cellula

La cella a flusso NextSeq 2000 P4 fornisce fino a 1,8 miliardi di letture unidirezionali per corsa, ottimizzando il raggruppamento e favorendo progetti ad alto contenuto di dati, come il sequenziamento dell'esoma, la multiomica, l'analisi delle singole cellule e l'analisi spaziale.

† Per favorire la scalabilità futura, i clienti che acquistano NextSeq 1000 System possono in seguito passare senza problemi a NextSeq 2000 System.

Opzioni di analisi ottimizzate

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System mettono a disposizione software di analisi integrati, in locale e su cloud che consentono agli utenti di analizzare i dati in modo flessibile, così da soddisfare ogni esigenza (Figura 5).

È possibile impostare le corse in locale o sul cloud. Per l'impostazione in sede, gli utenti possono creare il proprio foglio campioni o sfruttare un pratico modello preimpostato da Illumina. L'impostazione basata sul cloud utilizza l'app Run Planner in BaseSpace™ Sequence Hub. Una volta pronte, le informazioni sulle impostazioni della corsa vengono importate in NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System. Quindi gli utenti selezionano e avviano la corsa di interesse.

Rispetto ai sistemi da banco precedenti, il software ottimizzato dello strumento fornisce un'interfaccia più chiara e la visualizzazione avanzata dello stato dello strumento e della corsa.

I formati di file per gli output di NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System sono standard nel settore e sono utilizzati da diversi sistemi per la gestione delle informazioni del laboratorio (LIMS, Laboratory Information Management System) per il monitoraggio dei campioni e la gestione delle informazioni in modo sicuro e automatizzato. L'analisi secondaria può essere configurata come parte dell'impostazione della corsa, riducendo il numero di interventi manuali.

Analisi accurata ed efficiente con analisi secondaria DRAGEN integrata

L'analisi secondaria DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) integrata offre una soluzione accurata ed efficiente per l'identificazione di varianti. La piattaforma DRAGEN utilizza algoritmi ottimizzati e con accelerazione hardware per un'ampia gamma di soluzioni di analisi genomiche, inclusi conversione dei file di identificazione delle basi (BCL, Base Call), compressione, mappatura, allineamento, ordinamento, marcatura dei duplicati e identificazione di varianti.

Tabella 4: alcune delle ulteriori applicazioni disponibili su NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System

Applicazione ^a	XLEAP-SBS P1		XLEAP-SBS P2		XLEAP-SBS P3		XLEAP-SBS P4	
	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata
Sequenziamento dell'intero genoma piccolo (300 cicli) 130 Mb di genoma; copertura superiore a 30x	7	17 ore	30	22 ore	92	40 ore	138	44 ore
Sequenziamento dell'intero esoma (200 cicli) Circa 8 Gb per esoma, copertura media 100x	Circa 2 ^b	17 ore ^b	10	19 ore	30	31 ore	45	34 ore
Mappatura genomica completa del tessuto FFPE del tumore solido (200 cicli)	–	–	8	19 ore	24	31 ore	36	34 ore
RNA-Seq totale (200 cicli) 50 milioni di coppie di letture per campione	2 ^{b,c}	17 ore ^b	8	19 ore	24	31 ore	36	34 ore
mRNA-Seq (200 cicli) 25 milioni di coppie di letture per campione	4 ^{b,c}	17 ore ^b	16	19 ore	48	31 ore	72	34 ore
RNA-Seq di singole cellule (100 cicli) 5.000 cellule, 20.000 letture per cellula	1 ^d	8 ore	4	12 ore	12	18 ore	18	20 ore
miRNA-Seq o analisi dell'RNA piccolo (50 cicli) 11 milioni di letture per campione	9 ^e	8 ore ^e	36 ^e	12 ore ^e	108 ^e	18 ore ^e	163	12 ore
Sequenziamento del gene 16S RNA (600 cicli)	384 ^f	34 ore	384 ^f	42 ore	–	–	–	–

a. La profondità di sequenziamento raccomandata dipende in gran parte dal tipo di campione e dall'obiettivo sperimentale e deve essere ottimizzata per ogni studio.

b. Kit da 200 cicli non disponibili per le celle a flusso P1. Utilizzare il kit P1 da 300 cicli.

c. Le lunghezze di lettura raccomandate sono 2 × 75 bp per Illumina Stranded Total RNA Prep e Illumina Stranded mRNA Prep e 2 × 100 bp per Illumina RNA Prep with Enrichment.

d. I reagenti P1 sono una buona soluzione per gli esperimenti di controllo qualità di singola cellula.

e. Kit da 50 cicli non disponibili per le celle a flusso XLEAP-SBS P1, P2 o P3. Utilizzare i kit da 100 cicli.

f. È disponibile un massimo di 384 doppi indici unici.

La soluzione integrata consente di accedere a determinate pipeline informatiche DRAGEN (Tabella 5) e di generare risultati in appena due ore. Il sistema informatico DRAGEN utilizza i migliori algoritmi della pipeline per aiutare gli utenti a superare le difficoltà dell'analisi dei dati riducendo la necessità di affidarsi a esperti informatici esterni. L'analisi DRAGEN integrata è inclusa nei costi dello strumento e non richiede l'acquisto di un'ulteriore licenza.

Integrazione automatica con il cloud

Per gli utenti che preferiscono una soluzione di analisi basata sul cloud, NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System sono integrati con BaseSpace Sequence Hub e Illumina Connected Analytics, le nostre piattaforme di calcolo genomico su cloud. L'analisi DRAGEN su BaseSpace Sequence Hub e Illumina Connected Analytics offre funzionalità avanzate per la visualizzazione dei risultati e funzionalità di analisi in un'interfaccia intuitiva. Sul cloud, gli utenti hanno a disposizione un'ampia selezione di strumenti bioinformatici per condividere i dati in tutto il mondo. I dati generati utilizzando NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System sono compatibili con i formati standard del settore, affinché sia possibile importarli senza difficoltà nella soluzione di preferenza.

Tabella 5: pipeline informatiche DRAGEN integrate in NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System

Pipeline ^a	Applicazioni
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero esoma Risequenziamento mirato
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> Espressione genica dell'intero trascrittoma Rilevamento della fusione genica
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero trascrittoma di singola cellula
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero genoma
DRAGEN Amplicon ^b	<ul style="list-style-type: none"> Pannelli degli ampliconi di DNA Risequenziamento mirato
DRAGEN ORA ^c Compression	<ul style="list-style-type: none"> Compressione di file FASTQ

a. Sul cloud sono disponibili ulteriori pipeline informatiche DRAGEN; per l'elenco completo, visitare la pagina web illumina.com/DRAGEN.
 b. Supportato solo per campioni di DNA.
 c. ORA, Original Read Archive; DRAGEN ORA Compression può essere attivato con qualsiasi pipeline DRAGEN.

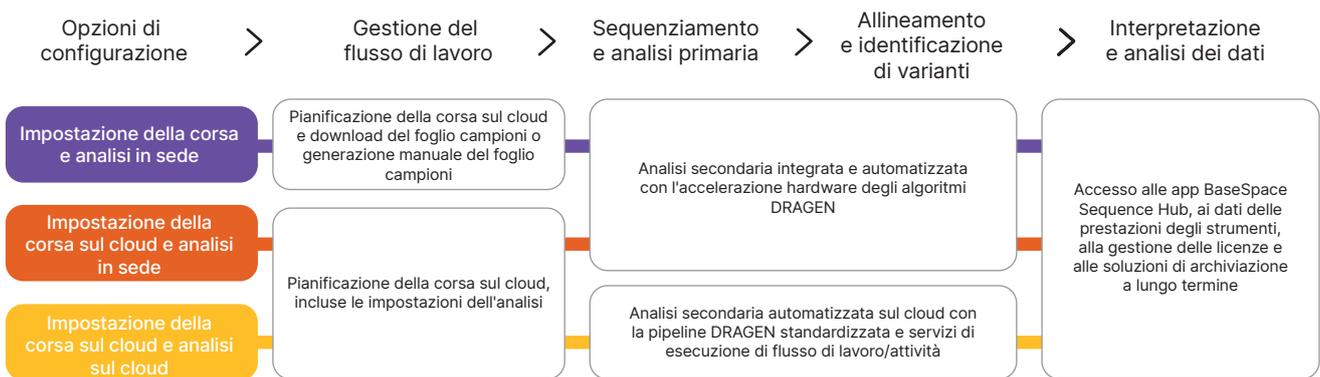


Figura 5: suite informatica flessibile. NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System dispongono di opzioni in sede e sul cloud per l'impostazione della corsa, la gestione della corsa e l'analisi dei dati per consentire agli utenti di eseguire il sequenziamento nel modo che desiderano.

Leader globale comprovato

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System offrono la certezza di una soluzione testata sul campo e di un partner di sequenziamento affidabile. Dal lancio avvenuto nel 2020, sono stati installati e utilizzati oltre duemila strumenti per generare migliaia di pubblicazioni. Grazie a un'infrastruttura di produzione globale e di qualità, Illumina fornisce un supporto completo e la migliore coerenza dei prodotti, stabilendo lo standard per le soluzioni NGS.

Entrando a far parte di questa comunità si ha accesso a un ampio ecosistema di applicazioni, protocolli e informatica creato in collaborazione con migliaia di ricercatori e leader esperti nel settore in tutto il mondo.

Fiducia nell'innovazione continua

Illumina ha una comprovata esperienza nello sviluppo di soluzioni genomiche che permettono ai ricercatori di portare avanti studi con la processività, la scalabilità e i costi corrispondenti agli obiettivi della propria ricerca. L'esperienza del cliente è al centro di ogni innovazione per semplificare il più possibile la preparazione dei campioni, il sequenziamento e l'analisi dei dati.

Assistenza semplice e veloce

Struttura modulare

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System presentano un'architettura modulare che semplifica manutenzione e assistenza. I sensori integrati monitorano le prestazioni del sistema e avvisano gli utenti in caso di possibili problemi. In questo modo si semplificano le operazioni di risoluzione dei problemi e le riparazioni da parte dei tecnici dell'assistenza con conseguente risparmio di tempo.

Servizio proattivo di Illumina

Il servizio proattivo di Illumina supporta le prestazioni dello strumento in modo sicuro e a distanza ed è stato concepito per rilevare in anticipo il rischio di un guasto, per risolvere i problemi delle corse in modo più efficiente e per impedire errori durante la corsa. Il servizio complementare contribuisce a ridurre al minimo i tempi di inattività non programmati e a evitare perdite di campione non necessarie anticipando le riparazioni e avvertendo il personale di Illumina della necessità di programmare interventi di manutenzione.

Impegno finalizzato al successo dei nostri clienti

Ogni sistema acquistato include una garanzia di manutenzione per un anno. Sono disponibili anche manutenzione completa, riparazione e soluzioni di qualificazione. Illumina offre inoltre formazione in sede, assistenza continuativa, consulenze telefoniche, webinar e corsi in varie sedi di Illumina in tutto il mondo. Abbiamo a disposizione tutte le risorse che occorrono per accelerare il progresso.

Il nostro team di supporto all'avanguardia è costituito da scienziati esperti nella preparazione delle librerie, nel sequenziamento e nell'analisi per contribuire a ottimizzare l'investimento e supportare le prestazioni durante i picchi di lavoro. Questo team dedicato include tecnici dell'assistenza in loco (FSE, Field Service Engineer) altamente qualificati, scienziati delle applicazioni tecniche (TAS, Technical Applications Scientist), tecnici delle applicazioni in loco (FAS, Field Application Scientist), ingegneri per il supporto dei sistemi, bioinformatici ed esperti di reti informatiche, tutti formati in modo approfondito sulla tecnologia NGS e sulle applicazioni che i clienti di Illumina utilizzano in tutto il mondo. [L'assistenza tecnica](#) è disponibile telefonicamente cinque giorni a settimana oppure online 24 ore su 24 e 7 giorni su 7, in ogni parte del mondo e in diverse lingue.

Riepilogo

NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System ampliano i risultati ottenibili tramite un sistema di sequenziamento da banco. L'elevata flessibilità e scalabilità, combinate con prestazioni migliorate mediante la chimica XLEAP-SBS, consentono un'ampia gamma di applicazioni. NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System offrono una comprovata tecnologia NGS dotata di semplicità operativa, un flusso di lavoro ottimizzato che include l'analisi e un'assistenza completa.

Maggiori informazioni

[NextSeq 1000 Sequencing System e NextSeq 2000 Sequencing System](#)

Specifiche di NextSeq 1000 System e NextSeq 2000 System

Specifiche

Configurazione dello strumento

Strumento "secco" e compatto con analisi secondaria DRAGEN integrata mediante scheda di matrici di porte logiche programmabili sul campo (FPGA, Field-Programmable Gate Array)

Computer di controllo dello strumento

Unità base: microserver 2U all'interno dello strumento
Memoria: 288 GB
Disco rigido: SSD da 3,8 TB
Sistema operativo: Linux CentOS 7.6

Ambiente operativo

Temperatura: 15-30 °C
Umidità: umidità relativa 20-80%, senza condensa
Altitudine: 0-2.000 metri
Per uso esclusivo in interni

Laser

Lunghezze d'onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm
Sicurezza: prodotto laser di Classe 1

Dimensioni

L x P x A: 55 cm x 65 cm 60 cm
Peso: 141 kg

Dimensioni della cassa di spedizione

L x P x A imballato: 92 cm x 120 cm x 118 cm
Peso con imballaggio: 232 kg

Requisiti di alimentazione

Tensione in entrata dello strumento: da 100 V c.a. a 240 V c.a.
Frequenza di entrata dello strumento: 50/60 Hz

Larghezza di banda per la connessione di rete

200 MB/s/strumento per i caricamenti interni sulla rete
200 Mb/s/strumento per i caricamenti di BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s/strumento per i caricamenti operativi dello strumento

Sicurezza e conformità del prodotto

Certificato secondo IEC da un laboratorio di prova riconosciuto a livello nazionale (NRTL, Nationally Recognized Testing Laboratory)
Marcatura 61010-1 CE
Approvazione FCC/IC

Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859

a. I kit di reagenti XLEAP-SBS per gli strumenti NextSeq 1000 e NextSeq 2000 vengono spediti e conservati alla stessa temperatura dei kit di reagenti SBS standard.



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari.
Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-NA-00008 ITA v13.0