

Systeme NextSeq^{MC} 550

Débit de séquençage
ajustable et balayage
des puces à ADN sur
un seul instrument

- Soutient les besoins en capacité dynamique et des délais d'exécution plus rapides avec des options de débit élevé et de débit moyen
- Facilité de fonctionnement avec la commande par bouton-poussoir, les réactifs charge-et-lance et l'informatique simplifiée
- Exploitation des technologies de SNG et de puce à ADN pour effectuer des études génomiques précises pour des applications multiples

illumina^{MD}

Introduction

Le système NextSeq 550 combine les capacités du séquençage de nouvelle génération (SNG) et des puces à ADN avec des débits ajustables, ce qui permet aux laboratoires, grands comme petits, de choisir une échelle qui correspond à leurs besoins. En tant qu'instrument fondamental dans le portefeuille de systèmes de séquençage nouvelle génération (SNG) d'Illumina, le système NextSeq 550 est idéal pour les laboratoires qui souhaitent croître au-delà de leur capacité actuelle et pour les nouveaux laboratoires intéressés à exploiter les capacités complémentaires du séquençage et du génotypage sur un seul instrument (figure 1). Son flux de travail rapide de l'ADN aux données permet le séquençage rapide des exomes, des panels ciblés et des transcriptomes en une seule analyse, avec la possibilité de passer à un séquençage à débit moins ou plus élevé au besoin. Les scientifiques d'Illumina sont disponibles à toutes les étapes du parcours pour offrir leur soutien et leurs conseils, ce qui permet aux grands laboratoires de recherche clinique de modifier l'échelle avec confiance et aux laboratoires plus modestes d'employer les technologies de génotypage et de séquençage.

Prise en charge des capacités dynamiques

Le système NextSeq 550 permet aux chercheurs de rester à l'affût de la technologie, et ainsi de passer rapidement d'une application à une autre, et de configurer le débit en fonction du volume d'échantillons et de la couverture requise. Ce système solide et évolutif transforme une vaste gamme d'applications à débit élevé en des outils de tous les jours abordables.

Satisfaction des demandes des laboratoires actifs

Le système NextSeq 550 offre divers débits de séquençage et procure aux utilisateurs un degré d'efficacité opérationnelle optimal. Le système NextSeq 550 fournit également des résultats en une journée pour de nombreuses applications de séquençage répandues. À l'aide de cet instrument, les utilisateurs peuvent séquencer un large éventail d'échantillons par analyse :

- 1 à 12 exomes
- 1 à 16 transcriptomes
- 6 à 96 panels ciblés
- 12 à 40 échantillons de profilage de l'expression génique



Figure 1 : Système NextSeq 550 : une plateforme éprouvée combinant la puissance du séquençage nouvelle génération (SNG) et les technologies à puces à ADN pour appuyer des études génomiques précises à travers une vaste gamme d'applications.

Habilitation des laboratoires de recherche clinique

Pour les laboratoires qui disposent déjà du système NextSeq 550, l'achat d'un instrument supplémentaire augmente la capacité de séquençage en laboratoire, ce qui permet une redondance et une modularité sans avoir besoin d'une revalidation. Un nombre incalculable de publications et d'adoption par des centres génomiques proéminents a démontré que le système NextSeq 550 constitue un ajout fiable à n'importe quelle flotte.

Habilitation des laboratoires plus petits

Le système NextSeq 550 est facile à configurer et il procure aux utilisateurs l'extensibilité nécessaire pour répondre aux exigences relatives aux demandes et aux temps de traitement. Les configurations à deux Flow Cell (débit élevé et moyen) permettent aux laboratoires de passer aisément d'un débit élevé à un débit faible avec chaque analyse de séquençage (tableau 1 et tableau 2). Le système NextSeq 550 fournit une assistance intégrée pour le séquençage de lectures appariées et permet à l'utilisateur de définir des longueurs de lecture pouvant atteindre 2×150 pb. Le système appuie la suite intégrale de solutions de préparation de bibliothèques et d'enrichissement ciblé proposée par Illumina, garantissant la compatibilité avec toute la gamme de séquençage d'Illumina. Ceci permet aux laboratoires d'étendre les études à des systèmes NextSeq 2000 et NovaSeq^{MC} 6000 à plus haut débit ou d'effectuer des études de suivi sur une autre plateforme, comme celle du système MiSeq^{MC}.

Tableau 1 : Performance de séquençage du système NextSeq 550

Configuration de la Flow Cell	Longueur de lecture	Sortie	Qualité des données
Flow Cell à débit élevé Jusqu'à 400 millions de lectures uniques Jusqu'à 800 millions de lectures appariées	2 × 150 pb	100 à 120 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 pb	50 à 60 Gb	> 80 % > Q30
	1 × 75 pb	25 à 30 Gb	> 80 % > Q30
Flow Cell à débit moyen Jusqu'à 130 millions de lectures uniques Jusqu'à 260 millions de lectures appariées	2 × 150 pb	32 à 39 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 pb	16 à 19 Gb	> 80 % > Q30

Les spécifications d'installation sont basées sur la librairie de contrôle PhiX d'Illumina, aux densités d'amplifiats prises en charge (entre 129 et 165 k/mm² amplifiats passant le filtre). Les paramètres de performance réels peuvent varier en fonction du type d'échantillon, de la qualité de l'échantillon et du nombre d'amplifiats passant le filtre. Le pourcentage de bases > Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.

Tableau 2 : Souplesse parfaite pour de multiples applications

Séquençage					
Application	Flow Cell à débit élevé		Flow Cell à débit moyen		Entrées requises ^b
	Nbre d'échantillons	Durée	Nbre d'échantillons	Durée ^a	
Profilage de l'expression génique > 10 millions de lectures 1 × 75 pb	40	11 h	13	11 h	25 à 1 000 ng d'ARNm 10 à 20 ng total d'ARN
ARNm-Seq > 25 millions de lectures 2 × 75 pb	16	18 h	5	15 h	25 à 1 000 ng d'ARNm
Panel d'enrichissement Région de 12 Mb > couverture de 20x > 95 % des cibles	36	29 h	12	26 h	10 à 100 ng d'ADN
Séquençage d'un exome entier Couverture moyenne de 50x	12	18 h	3	15 h	50 ng d'ADN
Séquençage d'un petit génomme entier Génomme de 130 Mb Couverture > 30x 2 × 150 pb	30	29 h	10	26 h	1 à 300 ng d'ADN

Performance de balayage de puces à ADN

BeadChip	Temps de balayage par puce BeadChip	Nbre d'échantillons	Temps de balayage par échantillon
Puce MethylationEPIC Infinium	40 min	8	5 min
Infinium CytoSNP-850K	40 min	8	5 min
Infinium HumanCytoSNP-12	40 min	12	3,3 min
Infinium HumanKaryomap-12	40 min	12	3,3 min

a. La durée totale comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et la définition des bases sur un système NextSeq 550.

b. La quantité d'entrée dépend de la qualité de l'échantillon et de la solution de préparation de librairie utilisée. Pour une liste complète de trousse de préparation de librairies Illumina, visitez [illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html](https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html)

Flux de travail de séquençage de nouvelle génération (SNG) rationalisé

Le système NextSeq 550 fait partie d'un flux de travail entièrement intégré allant de la préparation des librairies à l'analyse des données, la génération de rapports et le partage des données (figure 2).

Préparation < 3 heures de manipulation	Séquençage 10 minutes de manipulation	Analyse Plateforme DRAGEN ou BaseSpace Sequence Hub	Partage Stockage illimité et sécurisé
6,5 HEURES	15 à 18 HEURES	<4 MINUTES PAR 50 MILLIONS DE LECTURES AVEC LA PLATEFORME DRAGEN	INSTANTANÉMENT

Figure 2 : Exemple de flux de travail du système de séquençage NextSeq 550 : le système NextSeq 550 propose un flux de travail de séquençage simple et intégré, de la préparation des librairies jusqu'à l'analyse des données. Les durées de flux de travail varieront selon le type d'expérience et de test. Les détails illustrés sont pour Stranded mRNA Prep d'Illumina et une longueur de lecture 2 × 75 pb. Les analyses comprennent l'expression différentielle et l'identification d'autres produits de la transcription.

Trousses de préparation de librairies pour une variété d'applications

Illumina offre plusieurs trousse de préparation de librairies compatibles avec le système NextSeq 550. Les solutions comprennent des panels ciblés pour étudier des régions d'intérêt particulières et prennent en charge diverses méthodes. Pour voir la liste complète, consultez le site illumina.com.

Système au fonctionnement simple

Le système du NextSeq 550 est doté d'une interface utilisateur intuitive et de la conception charge-et-lance qui permettent aux utilisateurs de réaliser diverses applications de séquençage en réduisant au minimum le temps de formation et de configuration de l'instrument.

Le système NextSeq 550 offre :

- Des cartouches de réactifs prêtes à utiliser
- Des consommables dotés d'un code d'identification par radiofréquence (IRF)
- Des capacités intégrées de séquençage et de génération d'amplifiats
- Des commandes faciles à suivre

Les librairies préparées sont chargées dans le système NextSeq 550, qui effectue le séquençage automatiquement et rapidement. Les données sont générées en aussi peu que 6,5 heures pour une analyse de séquençage de 75 cycles et en moins de 30 heures pour des lectures appariées de 150 cycles.

« L'aspect le plus important du système NextSeq 550 est sa facilité d'utilisation. Il est vraiment devenu notre outil à toute épreuve au cours des cinq dernières années. »

— Dre Angie Fawkes, Genetics Core, installation de recherche clinique d'Édimbourg

Une bioinformatique rationalisée

Pour l'analyse des données, les commandes intégrées du système effectuent les définitions des bases et la détermination du score de qualité. Il existe plusieurs options disponibles pour une analyse secondaire, y compris la plateforme Bio-IT DRAGEN^{MC}, une suite de pipeline d'analyse de données rapide, précise et intuitive offerte à travers le BaseSpace^{MC} Sequence Hub infonuagique ou sur place via un serveur local. Un large écosystème d'outils logiciels d'analyse de données libres et commerciaux peut aussi être utilisé.

Une analyse rapide grâce à la plateforme DRAGEN Bio-IT sur BaseSpace Sequence Hub

La plateforme Bio-IT DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics [Analyse de lecture dynamique pour la GÉNomique]) offre des analyses secondaires ultrarapides. Cette solution informatique primée par PrecisionFDA^{*1} utilise des algorithmes optimisés avec accélération matérielle pour fournir une précision à la fine pointe de l'industrie² pour appeler de nombreux types de variants, y compris des petits variants, des variations du nombre de copies (CNV)[†] et des indels. Grâce aux meilleurs algorithmes de pipeline de DRAGEN, les utilisateurs novices et experts peuvent surmonter les congestions dans l'analyse des données et réduire les recours à des experts informatiques externes.

* Les distinctions Meilleure performance pour les régions difficiles à mapper et Meilleure performance pour toutes les régions de comparaison ont été accordées à la plateforme Bio-IT DRAGEN lors du 2020 PrecisionFDA Truth Challenge V2¹.

† CNV appelées dans les études de séquençage de l'exome entier germlinal.

La plateforme DRAGEN est disponible dans le nuage informatique par le biais de BaseSpace Sequence Hub, la plateforme de gestion des données infonuagiques d'Illumina facile à utiliser. À partir du nuage, les utilisateurs peuvent accéder à une large sélection d'outils de bioinformatique dans un format convivial et partager des données à travers le monde.

BaseSpace Sequence Hub est une plateforme dont la sécurité est une priorité qui comprend le chiffrement complet, la vérification et un contrôle des accès rigoureux. Elle est conforme avec la Health Insurance Portability and Accountability Act (HIPAA), ISO 27001 (Système de gestion de la sécurité de l'information) et le règlement général sur la protection des données (RGPD).

Local Run Manager

Sinon, les clients peuvent effectuer une analyse sur ou hors instrument à l'aide de Local Run Manager. Local Run Manager procure une solution intégrée pour la création et l'analyse des analyses de séquençage avec la possibilité de lier des modules de la configuration jusqu'à l'analyse.

D'une précision exceptionnelle

La chimie de séquençage par synthèse (SBS) éprouvée d'Illumina constitue le fondement du système NextSeq 550. Cette méthode brevetée, fondée sur un terminateur réversible, permet le séquençage parallèle de millions de fragments d'ADN et la détection des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN en formation. La méthode élimine les erreurs et les définitions de bases manquées associées aux chaînes de nucléotides répétées (homopolymères).

La Flow Cell dans les NextSeq v2.5 Reagent Kits optimisées maintient une intensité fluorescente de départ, améliorer davantage la performance à travers l'analyse³. De plus, la Flow Cell v2.5 est plus résiliente que ses prédécesseurs, capable de supporter plus d'humidité, de chaleur et de conservation prolongée que la Flow Cell v2, et peut être livrée à température ambiante. Grâce à la chimie de NextSeq v2.5, le système NextSeq 550 procure une précision exceptionnelle des données pour une vaste gamme de méthodes, dont le petit génome entier, des panels ciblés, des exomes et du transcriptome, à un large éventail de niveaux de couverture.

Un système, deux technologies

Le système NextSeq 550 intègre des capacités de séquençage et de balayage de microréseaux dans une seule plateforme (tableau 2). Ceci réduit le besoin d'instruments multiples, et permet d'économiser de l'argent et l'espace limité du laboratoire.

Flexibilité expérimentale grâce au balayage des puces à ADN

Le balayage de microréseaux sur le système NextSeq 550 crée des laboratoires à multiples facettes ayant un accès instantané à une technologie puissante pour une exploration plus en profondeur. Le balayage à puces à ADN est propulsé par la technologie à billes BeadArray^{MC} et la chimie éprouvée Infinium^{MC}. La chimie de confiance Infinium produit une qualité de données et des débits d'appel exceptionnels ainsi que des résultats reproductibles.

La capacité de balayer des microréseaux offre une méthode orthogonale rentable pour déterminer les régions à méthylation différentielle en utilisant la puce Infinium MethylationEPIC BeadChip et une confirmation rapide des CNV en utilisant la puce Infinium CytoSNP BeadChip. Le système NextSeq 550 optimise le menu d'applications de recherche de pointe tout en réduisant les coûts liés à l'instrument au minimum.

Analyse des données de puces à ADN

Les données des puces à ADN peuvent être analysées avec diverses solutions logicielles d'Illumina ou d'applications tierces. Pour les données de la puce Infinium MethylationEPIC BeadChip, Illumina offre le GenomeStudio^{MC} Methylation Module qui permet aux chercheurs de réaliser des analyses de méthylation différentielle pour les études à petite échelle. Dans le cas des études à grande échelle, de nombreux ensembles d'analyse sont offerts dans le marché et fonctionnent dans le cadriciel R pour la normalisation et l'analyse différentielle des données de méthylation^{4,5}.

« Basculer entre le séquençage et la méthylation est très simple. »

— Dr Mike Friez, directeur des laboratoires de diagnostic au Centre de génétique de Greenwood

Service et soutien de catégorie mondiale

Augmentation du contrôle des échantillons et réduction des interruptions

Illumina Proactive est un service de support de performance des instruments sécurisé et à distance conçu pour détecter les risques de défaillance de manière préventive, résoudre les problèmes d'analyses plus efficacement et prévenir les pannes pendant l'analyse. Le service aide à réduire les temps d'arrêt imprévus et à éviter la perte inutile d'échantillons.

Maximiser l'investissement, appuyer une performance optimale et minimiser les interruptions

Illumina fournit une équipe de soutien de catégorie mondiale composée de scientifiques expérimentés qui sont experts dans la préparation de bibliothèques, le séquençage et l'analyse. Cette équipe dévouée comprend des ingénieurs de service hautement qualifiés de terrain (FSE), des scientifiques des applications techniques (TAS), des scientifiques des applications de terrain (FAS), des ingénieurs de support système, des bio-informaticiens et des experts en réseaux informatiques, tous parfaitement familiarisés avec les applications que les clients d'Illumina exécutent à travers le monde entier. L'assistance technique est disponible de partout dans le monde et en plusieurs langues, par téléphone 5 jours par semaine ou en ligne 24/7.

Chaque achat de système comprend une garantie de service d'un an. Des solutions complètes de maintenance, de réparation et de qualification sont également disponibles. De plus, Illumina offre la formation sur place, le soutien continu, les consultations téléphoniques, des webinaires et des cours dans différents bureaux d'Illumina à travers le monde.

Résumé

Tirant profit de la chimie SBS, d'un fonctionnement convivial et d'un flux de travail de l'ADN aux données simplifié, le système NextSeq 550 est un partenaire de laboratoire idéal. Accédez au séquençage nouvelle génération et à des technologies de puces à ADN sur un seul système, obtenez le débit et la synchronisation nécessaires grâce aux différentes options de Flow Cell et constatez ce qui peut être accompli avec un système NextSeq 550 dès aujourd'hui.

Spécifications du système NextSeq 550

Paramètre	Spécification
Configuration de l'instrument	Suivi par RFID pour les consommables
Ordinateur de commande de l'instrument (interne) ^a	Unité de base : processeur bicœur Intel Xeon E5-2618L de 2,2 GHz Mémoire : 96 Go RAM Disque dur : 750 Go Système d'exploitation : Windows 10 Entreprise
Environnement de fonctionnement	Température : 19 °C à 25 °C (22 °C ± 3 °C) Humidité : humidité relative de 20 % à 80 % sans condensation Altitude : moins de 2 000 m (6 500 pieds) Qualité de l'air : classement pollution de niveau II Ventilation : jusqu'à 2 048 BTU/h à 600 W Réservé à un usage à l'intérieur
Diode électroluminescente (DEL)	Verte 510-525 nm, rouge 645-655 nm; Diode laser : 780 nm, classe IIIb
Dimensions	L × P × H : 53,3 cm × 63,5 cm × 58,4 cm (21,0 po × 25,0 po × 23,0 po) Poids : 83 kg (183 lb) Poids emballé : 151,5 kg (334 lb)
Exigences d'alimentation	100 à 120 VCA 15 A 220 à 240 VCA 10 A
Identification par radiofréquence (RFID)	Fréquence : 13,56 MHz Alimentation : courant d'alimentation de 120 mA, puissance de sortie RF de 200 mW
Sécurité et conformité du produit	Certifié NRTL CEI 61010-1 Certifié CE Conforme FCC/IC

a. Les spécifications informatiques sont susceptibles de changer.

En savoir plus

Système NextSeq 550, illumina.com/nextseq550

Plateforme DRAGEN Bio-IT d'Illumina, illumina.com/DRAGEN

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Système NextSeq 550	SY-415-1002
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (150 cycles)	20024904
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (300 cycles)	20024905
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (75 cycles)	20024906
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (150 cycles)	20024907
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (300 cycles)	20024908
NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (150 cycles)	20024909
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (300 cycles)	20024910
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (75 cycles)	20024911
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (150 cycles)	20024912
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (300 cycles)	20024913

Les consommables qui portent le code TG comprennent des caractéristiques qui aident les clients à réduire la fréquence de revalidation. Ces consommables sont remis uniquement en vertu d'une entente d'approvisionnement, et le client doit fournir une prévision à caractère contraignant. Communiquez avec votre gestionnaire de compte pour en obtenir plus.

Références

1. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. PrecisionFDA website. precision.fda.gov/challenges/10. Accessed January 8, 2021.
2. Illumina. [Accuracy Improvements in Germline Small Variant Calling with the DRAGEN Platform](#). Accessed January 8, 2021.
3. Data calculations on file. Illumina, Inc., 2018.
4. Morris TJ, Butcher LM, Feber A, et al. [ChAMP: 450K chip analysis methylation pipeline](#). *Bioinformatics*. 2014;30(3):428-430.
5. Assenov Y, Muller F, Lutsik P, et al. [Comprehensive analysis of DNA methylation with RnBeads](#). *Nat Methods*. 2015;11(11):1138-1140.



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809 4566 | Téléphone : + (1) 858 202 4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2022 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-01298 FRA v1.0