

NextSeq™ 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems

Scoprite le applicazioni nuove ed attuali con efficienza più elevata e minori limitazioni

- **Guardate al futuro sfruttando le efficienze di oggi**

Una piattaforma innovativa e scalabile che consente investigazione più approfondita, studi più ampi e risoluzione superiore su un sistema da banco

- **La soluzione che vi consente di fare scoperte e il supporto per sostenerle**

Un sistema a elevata processività ed efficiente in termini di costi che offre risultati accurati per le applicazioni emergenti sempre più complesse

- **Ottimizzate il tempo e le risorse grazie a un'esperienza intuitiva**

Un sistema di facile utilizzo e informatica integrata semplificano il flusso di lavoro e l'analisi, rendendo la tecnologia NGS accessibile a utenti principianti ed esperti



Avrete accesso a una capacità superiore di esplorazione approfondita e scoperte grazie a una significativa riduzione dei costi del sequenziamento, a flussi di lavoro semplificati e a una maggiore flessibilità per supportare applicazioni nuove ed emergenti qualunque sia il volume delle operazioni.

Grazie alle innovazioni offerte dal sequenziamento di nuova generazione (Next-Generation Sequencing, NGS) la comunità genomica è in grado di porsi domande, e dare risposte, su quesiti scientifici sempre più complessi. In ambito oncologico, di ricerca del microbioma, degli studi di singole cellule e di altre applicazioni emergenti, i ricercatori hanno bisogno di un sequenziamento efficace per sviluppare studi più ampi su un numero di campioni più ampio a una profondità di sequenziamento superiore e a costi più bassi.

L'impegno di Illumina nel supportare questa espansione nella ricerca consente l'esplorazione del genoma, del trascrittoma e dell'epigenoma fornendo agli utenti tecnologia e sistemi dotati di progressi innovativi. Negli ultimi 20 anni, il lavoro di Illumina è stato dedicato a migliorare le funzionalità del sequenziamento sull'intero flusso di lavoro, facilitandone l'utilizzo e riducendone i costi. Questa tradizione prosegue con i NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems (Figura 1, Tabella 1). Queste piattaforme hanno cambiato lo scenario offrendo sistemi dal design all'avanguardia, innovazioni nella chimica e compatibilità grazie a un'ampia gamma di opzioni per la preparazione delle librerie e informatica integrata sullo strumento che consente una rapida analisi secondaria.

Il risultato: gli Illumina NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems sono piattaforme scalabili che supportano la ricerca di oggi e di domani.



Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System: il sistema NextSeq 2000 offre design innovativo, chimica avanzata, bioinformatica semplificata e un flusso di lavoro intuitivo per la più ampia gamma di applicazioni e flessibilità di scala su un sistema di sequenziamento da banco.

Tabella 1: Parametri delle prestazioni per i NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems

Lunghezza lettura	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Output per cella a flusso^a			
1 × 50 bp (solo P3)	–	–	60 Gb
2 × 50 bp	–	40 Gb	120 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb
Lecture CPF	100 milioni	400 milioni	1,2 miliardi
Punteggi qualitativi^b			
1 × 50 bp	oltre il 90% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 50 bp	oltre il 90% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 100 bp	oltre l'85% delle basi con punteggio superiore a Q30		
2 × 150 bp	oltre l'85% delle basi con punteggio superiore a Q30		
Durata della corsa			
1 × 50 bp	–	–	circa 11 ore
2 × 50 bp	–	circa 13 ore	circa 19 ore
2 × 100 bp	–	circa 21 ore	circa 33 ore
2 × 150 bp	circa 19 ore	circa 29 ore	circa 48 ore

a. Specifiche per gli output basate su una singola cella a flusso utilizzando la libreria del campione di controllo PhiX Illumina a densità cluster supportate; CPF: clusters passing filter (cluster che attraversano il filtro).

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

Più scoperte grazie ai nostri sistemi da banco all'avanguardia

I NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems sfruttano le ultime innovazioni nell'ottica, nel design dello strumento e nella chimica dei reagenti per ridurre al minimo la reazione di sequenziamento aumentando al contempo l'output e riducendo i costi per corsa. Gli utenti dispongono oggi di un sistema di sequenziamento da banco che consente di ottenere la processività, la qualità dei dati e i costi necessari per ampliare la dimensione e lo scopo dei propri studi.

Maggiore output grazie alla nostra visione più intuitiva

I NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems utilizzano celle a flusso preconfigurate (patterned) simili a quelle utilizzate da NovaSeq™ 6000 System. Il risultato è un sistema da banco altamente flessibile, resistente e scalabile, che offre la cella a flusso dotata della più elevata densità dei cluster rispetto a qualsiasi sistema NGS attualmente disponibile sul mercato, facendo scendere il costo per gigabase (Gb) della corsa di sequenziamento.

Per sfruttare al massimo queste celle a flusso a elevata densità, i NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems offrono un innovativo sistema ottico dotato di straordinaria risoluzione, in grado di ottenere dati di imaging altamente accurati, risoluzione superiore e sensibilità più elevata rispetto ai tradizionali sistemi da banco. La reazione di sequenziamento così ridotta permette di scalare in base a diverse quantità di output, mantenendo gli stessi standard elevati a livello di qualità dei dati di cui fruiscono gli utenti di NextSeq 550 System.

Elevata qualità dei dati e costi inferiori per corsa grazie alla migliorata chimica dei reagenti

Traendo vantaggio dalla nostra lunga esperienza, i sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 utilizzano la nuova generazione di chimica di sequenziamento mediante sintesi (Sequencing By Synthesis, SBS) leader nel settore, ottimizzata per aumentare la nitidezza dei cluster, ridurre le interferenze tra i canali e migliorare il rapporto segnale-rumore. Grazie a questo avanzamento e alla formulazione migliorata è stata ridotta la dimensione dell'attuale reazione; in questo modo i reagenti NextSeq 1000/2000 consentono di ottenere dati di elevata qualità e una riduzione complessiva nel volume e negli scarti di reagenti, riducendo al minimo i requisiti di conservazione fisica. Inoltre, la migliorata robustezza e stabilità consentono la spedizione della cella a flusso a temperatura ambiente.

Protagonista di studi rivoluzionari grazie a funzionalità più ampie

Grazie a risultati accurati e veloci, alla possibilità di generare da 30 Gb a 360 Gb di dati e a opzioni informatiche flessibili, i NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems sono l'ideale per un'ampia gamma di applicazioni ([Tabella 2](#)), dall'oncologia alle malattie genetiche, fino alla salute riproduttiva, alla genomica e altro. Grazie a questo supporto esperto, i laboratori hanno gli strumenti adeguati al carico di lavoro odierno e alle applicazioni emergenti di domani.

Tabella 2: Alcune delle ulteriori applicazioni disponibili sui NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems

Applicazione	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata
Sequenziamento dell'intero genoma piccolo (300 cicli) 130 Mb genoma; > 30× copertura	7	circa 19 ore	30	circa 29 ore	90	circa 48 ore
Sequenziamento dell'intero esoma (200 cicli) 50× copertura media sul target; 90% di copertura sul target a 20×	4 (300 cicli)	circa 19 ore	16	circa 21 ore	48	circa 33 ore
Single-cell RNA-Seq (100 cicli) ^a 4.000 celle, 10.000-50.000 letture per cella	–	–	2-10	circa 13 ore	6-30	circa 19 ore
Analisi miRNA-Seq o RNA piccolo (50 cicli) 11 milioni di letture per campione	–	–	–	–	108	circa 11 ore

a. La profondità di sequenziamento raccomandata dipenderà in larga parte dal tipo di campione e dall'obiettivo sperimentale e dovrà essere ottimizzata per ogni studio.

Un flusso di lavoro efficace e semplificato gestito da un sistema integrato e informatica avanzata

Per Illumina, l'esperienza del cliente è al centro di ogni innovazione ed è quindi importante semplificare il più possibile la preparazione dei campioni, il sequenziamento e l'analisi dei dati. Gli utenti principianti ed esperti possono sfruttare i vantaggi dei NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems, che offrono un flusso di lavoro semplificato, un sistema "carica e vai" e informatica avanzata (Figure 2 e 3).

Semplice piattaforma basata su cartuccia

I NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems sfruttano una cartuccia integrata che include i reagenti, la fluidica e il supporto per gli scarti per semplificare il caricamento delle librerie e l'utilizzo degli strumenti. È sufficiente scongelare la cartuccia di reagenti, inserire la cella a flusso nella cartuccia, caricare la libreria nella cartuccia e inserire la cartuccia assemblata nello strumento. 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:

- Costi di sequenziamento ridotti
- Aumento della riciclabilità
- Riduzione del volume degli scarti

Poiché i reagenti non lasciano mai la cartuccia, lo strumento con procedimento "secco" non richiede lavaggi e consente una manutenzione semplificata ottimizzando l'efficienza.

Opzioni flessibili per impostare la corsa

È possibile impostare le corse in laboratorio o nel cloud. Per l'impostazione in laboratorio, gli utenti possono creare il loro foglio campioni o sfruttare un modello preimpostato da Illumina. L'impostazione sul cloud avviene tramite l'applicazione Run Planner in BaseSpace™ Sequence Hub. Quando le informazioni sull'impostazione della corsa sono pronte, queste vengono importate nei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Gli utenti possono quindi selezionare e avviare la corsa da eseguire. Rispetto ai sistemi da banco precedenti, il software dello strumento è ottimizzato e fornisce una semplice interfaccia con schermate facili da leggere e metriche della corsa semplici da capire, oltre a visualizzazione dello strumento e stato della corsa migliorati. I formati dei file degli output dei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 rispettano gli standard del settore e sono utilizzati da diversi sistemi informatici di laboratorio (Laboratory Information System, LIMS) per il monitoraggio dei campioni e la gestione delle informazioni in modo sicuro e automatizzato.

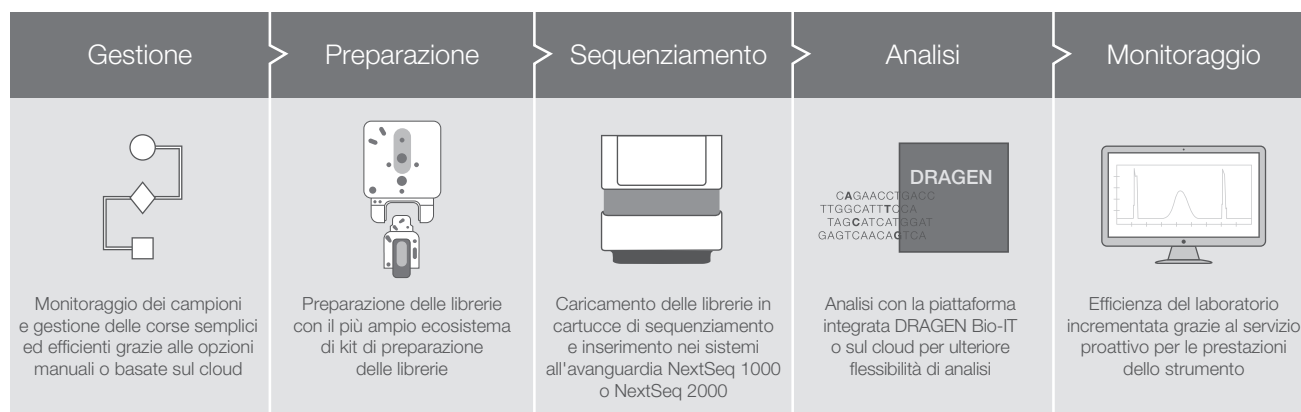


Figura 2: Flusso di lavoro intuitivo dalla libreria all'analisi: i NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems assicurano un flusso di lavoro completo che include impostazione semplice della corsa, il più ampio ecosistema di kit di preparazione delle librerie compatibili, funzionamento "carica e vai" e analisi secondaria integrata sullo strumento.

Analisi semplificata, opzioni flessibili

I sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 offrono accesso a software di analisi integrati disponibili in laboratorio o sul cloud, per analizzare i dati in modo flessibile e soddisfare le esigenze dei clienti.

Analisi veloce con la piattaforma integrata DRAGEN™ Bio-IT

La piattaforma DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics, analisi dinamica delle letture per genomica) Bio-IT integrata offre una soluzione per l'analisi secondaria ultra veloce e accurata. Utilizza algoritmi ottimizzati e accelerati da hardware per un'ampia gamma di soluzioni di analisi genomiche, inclusi conversione BCL, compressione, mappatura, allineamento, ordinamento, marcatura dei duplicati e identificazione di varianti. Le nuove pipeline saranno disponibili per diverse applicazioni nuove ed emergenti. La soluzione integrata consente di accedere a determinate pipeline informatiche DRAGEN (Tabella 3) e di generare risultati in appena due ore. Il sistema informatico DRAGEN utilizza i migliori algoritmi per aiutare utenti novizi ed esperti a superare le difficoltà dell'analisi dei dati riducendo il bisogno di affidarsi a esperti informatici esterni. Gli utenti possono così sprecare meno tempo e sforzi nella gestione delle pipeline a livello di produzione e concentrarsi invece sui risultati ottenuti.

Un ecosistema di applicazioni in BaseSpace Sequence Hub

Gli utenti che preferiscono utilizzare una soluzione di analisi sul cloud possono utilizzare BaseSpace Sequence Hub, una piattaforma di calcolo per genomica sul cloud che offre, direttamente ai ricercatori, un formato di facile utilizzo per la gestione semplificata dei dati e strumenti di sequenziamento analitico. Sul cloud, gli utenti hanno a disposizione un'ampia selezione di strumenti bioinformatici per condividere i dati in tutto il mondo. I dati generati dai sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sono compatibili con i formati standard del settore per poterli importare facilmente nella soluzione scelta.

Tabella 3: La semplice pipeline informatica DRAGEN è integrata nei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Pipeline ^a	Applicazioni	Funzionalità principale
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero esoma Risequenziamento mirato 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Modalità germinale e somatica (solo tumori) Identificazione di varianti strutturali File manifest personalizzati
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> Espressione genica dell'intero trascrittoma Rilevamento della fusione genica 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Rilevamento della fusione Espressione genica Espressione differenziale
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero trascrittoma di singola cellula 	<ul style="list-style-type: none"> Codici a barre delle cellule e correzione dell'errore Allineamento Espressione genica Filtraggio delle cellule Report di base e visualizzazione
DRAGEN ORA ^b Compression	<ul style="list-style-type: none"> Compressione di file FASTQ 	<ul style="list-style-type: none"> Compressione senza perdita Riduzione della dimensione del file fino a 5 volte
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> Sequenziamento dell'intero genoma 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Identificazione SV/CNV^c Espansione di ripetizioni^c Regioni di omozigotà^c Genotipizzazione CYP2D6^c
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> Pannelli degli ampliconi di DNA Risequenziamento mirato 	<ul style="list-style-type: none"> Allineamento Identificazione di varianti piccole Modalità germinale e somatica (solo tumori)

a. Sul cloud sono disponibili ulteriori pipeline informatiche DRAGEN; per un elenco completo, visitate la pagina Web www.illumina.com/DRAGEN
 b. ORA, original read archive (archivio di lettura originale)
 c. Funzione disponibile solo per genomi umani; CNV: copy number variant (variante del numero di copie)
 d. Supportato solo per campioni di DNA; disponibile a partire dalla versione 3.8 di DRAGEN

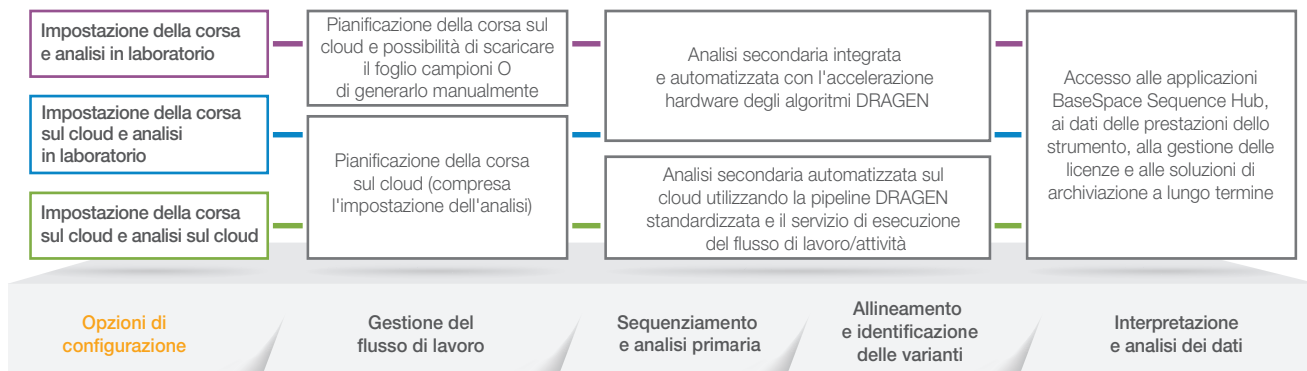


Figura 3: Suite informatica flessibile: i sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 dispongono di opzioni in locale e sul cloud per l'impostazione e la gestione della corsa e l'analisi dei dati, per consentire agli utenti di eseguire il sequenziamento nel modo che desiderano.

Architettura modulare per un supporto più facile e veloce

I sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 presentano un'architettura modulare che semplifica il servizio e il supporto. I sensori integrati monitorano le prestazioni del sistema e avvisano gli utenti in caso di eventuali problemi. In questo modo viene semplificata la risoluzione dei problemi e le riparazioni da parte degli ingegneri dei servizi che consentono così di far risparmiare tempo e ridurre frustrazioni.

Servizio all'avanguardia per un maggiore controllo dei campioni e una riduzione dei tempi di fermo

Illumina Proactive è un servizio di supporto delle prestazioni del sistema sicuro e a distanza progettato per rilevare in anticipo il rischio di un guasto, per risolvere i problemi delle corse in modo più efficiente e per impedire fallimenti durante la corsa. Il servizio contribuisce a ridurre al minimo i tempi di fermo non programmati e a evitare perdite di campione non necessarie anticipando le riparazioni e avvertendo il personale Illumina al fine di programmare visite di manutenzione.

Le vostre scoperte con il supporto per sostenerle

Per contribuire a massimizzare l'investimento, supportare le prestazioni durante i picchi di lavoro e per ridurre al minimo le interruzioni, Illumina fornisce un team di supporto all'avanguardia costituito da scienziati esperti nella preparazione delle librerie, nel sequenziamento e nell'analisi. Questo team dedicato include tecnici dell'assistenza in loco (FSE), referenti tecnici delle applicazioni (TAS), tecnici delle applicazioni in loco (FAS), ingegneri per il supporto dei sistemi, bioinformatici ed esperti di reti informatiche, tutti formati in modo approfondito sul sequenziamento di nuova generazione e sulle applicazioni che i clienti Illumina utilizzano in tutto il mondo. L'Assistenza Tecnica è disponibile telefonicamente cinque giorni la settimana oppure è disponibile online 24/7 in tutto il mondo e in diverse lingue. In entrambi i casi, i team di supporto sono a vostra disposizione.

Ogni acquisto di un sistema include una garanzia di servizi 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 Illumina in tutto il mondo. Abbiamo a disposizione tutte le risorse che occorrono per accelerare il progresso.

Unitevi al più ampio ecosistema genomico

Con più di 17.000 sistemi attivi, Illumina sta creando lo standard per le soluzioni NGS. Unendovi a questa comunità avrete 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.

Guardate al futuro sfruttando le efficienze di oggi

Illumina ha una comprovata esperienza nella produzione di soluzioni genomiche che permettono ai ricercatori di portare avanti studi alla processività, alla scala e al costo che soddisfano gli obiettivi della loro ricerca. Con due sistemi e tre configurazioni della cella a flusso a disposizione, gli utenti possono selezionare i requisiti degli output dei dati che soddisfano le proprie esigenze. Il sistema NextSeq 2000 fornisce opzioni di processività più elevate per adeguarsi alle applicazioni nuove ed emergenti e ottimizzare l'utilizzo delle applicazioni attuali. Il sistema NextSeq 1000 offre una processività inferiore rispetto al sistema NextSeq 2000 ed è disponibile a un prezzo inferiore. Per garantirsi una scalabilità flessibile per il futuro, i clienti che acquistano il sistema NextSeq 1000 sanno che potranno poi facilmente passare al sistema NextSeq 2000.

Riepilogo

I NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems rivoluzionano ciò che è possibile ottenere da un sistema di sequenziamento da banco. Grazie a tecnologia migliorata, chimica avanzata, flussi di lavoro semplificati e analisi secondaria integrata, i ricercatori avranno a disposizione una flessibilità senza precedenti per perseguire e scoprire di più.

Maggiori informazioni

NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Sequencing Systems,
illumina.com/NextSeq2000

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 Reagents (300 cicli)	20050264
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 cicli)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 cicli)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 cicli)	20046813
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 cicli)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 cicli)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 cicli)	20040560
NextSeq 1000/2000 Read and Index Primers	20046115
NextSeq 1000/2000 Index Primer Kit	20046116
NextSeq 1000/2000 Read Primer Kit	20046117

Specifiche di sistema di NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Specifiche
Configurazione dello strumento Strumento "secco", compatto con analisi secondaria DRAGEN Bio-IT FPGA (Field-Programmable Gate Array, matrici di porte logiche programmabili sul campo) integrata
Computer di controllo dello strumento Unità base: microserver 2U all'interno dello strumento Memoria: 288 GB Disco rigido: 3,8 TB SSD Sistema operativo: Linux CentOS 7.6
Ambiente operativo Temperatura: 15 °C-30 °C Umidità: 20%-80% senza condensa, umidità relativa Altitudine: 0-2.000 metri Per uso esclusivo in interni
Laser Lunghezza d'onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm Sicurezza: prodotto laser di Classe 1
Dimensioni L × P × A: 60 cm × 65 cm × 60 cm Peso: 141 kg Dimensioni della cassa di spedizione L × P × A imballato: 92 cm × 120 cm × 118 cm Peso con imballaggio: 232 kg
Requisiti di alimentazione Tensione di 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 NRTL (Nationally Recognized Testing Laboratory) Marcatura 61010-1 CE Approvato FCC/IC



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

© 2021 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 v3.0