

Sequenziersysteme NextSeq™ 1000 und NextSeq 2000

Höhere Effizienz und weniger Einschränkungen für aktuelle und künftige Anwendungen.

Vorteile

- **Kapazitäten für die Zukunft und höhere Effizienz für Aufgaben von heute**

Innovative, skalierbare Plattform für eingehendere Untersuchungen, umfangreichere Studien und höhere Auflösung auf einem Tischsystem

- **Kapazitäten für wissenschaftliche Durchbrüche und deren praktische Anwendung**

Kostengünstiges System mit hohem Durchsatz, das hochpräzise Ergebnisse für künftige und immer komplexere Anwendungen liefert

- **Perfekte Nutzung von Zeit und Ressourcen dank intuitiver Steuerung**

Benutzerfreundliches System mit geräteinterner Informatiklösung zur Optimierung von NGS-Workflow und -Analyse für neue und erfahrene Anwender



Höhere Kapazität für eingehendere Untersuchungen und bahnbrechende Entdeckungen dank deutlich geringerer Kosten für die Sequenzierung, vereinfachter Workflows, durch die weniger zusätzliche Ressourcen erforderlich sind, sowie Flexibilität für den Einsatz in neuen sowie künftigen Anwendungen.

Innovationen bei der Sequenzierung der nächsten Generation (Next-Generation Sequencing, NGS) helfen bei der Formulierung und Beantwortung immer komplexerer wissenschaftlicher Fragestellungen im Bereich Genomik. Ob Onkologie, Mikrobiomforschung, Einzelzellstudien oder andere in Entwicklung befindliche Anwendungen: Forscher benötigen kostengünstigere Sequenzierungskapazitäten für umfangreichere Studien mit mehr Proben bei höherer Sequenzierungstiefe.

Illumina unterstützt diesen Fortschritt in der Forschung mit innovativen Technologien und Systemen zur Analyse von Genom, Transkriptom und Epigenom. In den vergangenen 20 Jahren hat Illumina entscheidende Beiträge zur Erhöhung der Sequenzierungskapazitäten im gesamten Workflow geleistet, die die Anwendung vereinfachen und die Kosten senken. Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 setzen diese Entwicklung fort (Abbildung 1 und Tabelle 1). Diese vollkommen neuartigen Plattformen zeichnen sich durch einen bahnbrechenden Systemaufbau ebenso aus wie durch Innovationen bei der Chemie, die Kompatibilität mit zahlreichen Bibliotheksvorbereitungsvarianten sowie eine Informatiklösung für die schnelle Sekundäranalyse im Gerät.

Das Ergebnis: Die Sequenziersysteme Illumina NextSeq 1000 und NextSeq 2000 sind skalierbare Plattformen für aktuelle und künftige Forschungsaufgaben.

Abbildung 1: Das NextSeq 2000-Sequenziersystem: Das neueste NGS-System von Illumina zeichnet sich durch innovative Merkmale, fortschrittliche Chemie, vereinfachte Bioinformatik und einen intuitiven Workflow aus, wodurch ein bislang unerreichtes Spektrum an Aufgaben auf einem Tischsequenziersystem erledigt werden kann.



Tabelle 1: Leistungsparameter der Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000

Read-Länge	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Ausgabe pro Fließzelle^a		
1 × 50 bp (nur P3)		55 Gb
2 × 50 bp	40 Gb	110 Gb
2 × 100 bp	80 Gb	220 Gb
2 × 150 bp	120 Gb	330 Gb
Reads CPF	400 Mio.	1,1 Mrd.
Qualitäts-Scores^b		
2 × 50 bp	≥ 85 % der Basen über Q30	
2 × 100 bp	≥ 80 % der Basen über Q30	
2 × 150 bp	≥ 75 % der Basen über Q30	
Laufzeit		
1 × 50 bp		ca. 11 Stunden
2 × 50 bp	ca. 13 Stunden	ca. 19 Stunden
2 × 100 bp	ca. 21 Stunden	ca. 33 Stunden
2 × 150 bp	ca. 29 Stunden	ca. 48 Stunden

a. Die Ausgabespezifikationen basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten. CPF = Clusters Passing Filter (Cluster nach Filterung).
 b. Die Qualitäts-Scores basieren auf der Verwendung einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren.

Bahnbrechende Tischsysteme für den erweiterten Einsatz in der Forschung

Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 sind mit aktuellen Entwicklungen in den Bereichen Optik, Gerätekonstruktion und Reagenzienchemie ausgestattet, die den Umfang der Sequenzierungsreaktion verkleinern und zugleich die Ausgabeleistung erhöhen sowie die Kosten pro Lauf reduzieren. Anwender profitieren ab sofort von Durchsatz, Datenqualität und Kosten auf einem Niveau, das die Ausweitung von Größe und Umfang ihrer Studien auf allen Tischsequenziersystemen ermöglicht.

Höhere Ausgabeleistung mit unerreicht einfacher Bedienung

Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 verwenden strukturierte Fließzellen, vergleichbar mit denen des NovaSeq™ 6000-Systems. Hieraus ergibt sich ein hochgradig flexibles und skalierbares Tischsystem, das sich durch die Fließzelle mit der höchsten Clusterdichte aller derzeit erhältlichen NGS-Systeme auszeichnet und damit die Kosten pro Gigabase (Gb) beim Sequenzierungslauf senkt.

Um die Vorteile dieser Fließzellen mit höherer Dichte voll ausnutzen zu können, sind die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 mit einem neuen optischen System ausgestattet, das Bilddaten mit hoher Auflösung und höherer Sensitivität liefert als herkömmliche Tischsysteme. Die Verkleinerung ermöglicht eine Erhöhung des Ausgabevolumens bei einer Datenqualität, die der des NextSeq 550-Systems entspricht.

Moderne Reagenzienchemie für hohe Datenqualität und geringere Kosten pro Lauf

Die Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 beruhen auf jahrzehntelanger Erfahrung und bieten die aktuelle SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese), die die Cluster-Helligkeit erhöht, Kanalüberlagerungen reduziert und das Signal-Rausch-Verhältnis verbessert. Durch die Kombination aus diesen Fortschritten und Verbesserungen bei der Zusammensetzung, die die Größe der Reaktion verringern, erzielen Anwender der NextSeq 1000/2000-Reagenzien eine hohe Datenqualität, während zugleich weniger Lagerkapazitäten erforderlich sind, da weniger Reagenzien benötigt werden und damit auch weniger Abfälle entstehen. Die verbesserte Robustheit und die höhere Stabilität ermöglichen zudem den Versand der Fließzelle bei Umgebungstemperatur.

Bahnbrechende Studien mit erweiterten Kapazitäten

Mit schnellen, genauen Ergebnissen, der Erweiterbarkeit von 20 Gb auf 330 Gb sowie flexiblen Informatikoptionen eignen sich die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 für einen breit gefächerten Anwendungsbereich (Tabelle 2), der u. a. Onkologie, Erbkrankheiten, Fortpflanzungsmedizin und Agrargenomik umfasst. Mit dem zugehörigen fachkundigen Support erhalten Labors alles, was sie zur Bewältigung aktueller und künftiger Aufgaben benötigen.

Tabelle 2: Beispiele für die umfassenden Anwendungsmöglichkeiten der Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000

Anwendung	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit
Sequenzierung kleiner Gesamtgenome (300 Zyklen) Genom mit 130 Mb; > 30-fache Coverage	30	ca. 29 Stunden	82	ca. 48 Stunden
Gesamtexom-Sequenzierung (200 Zyklen) 50-fache mittlere Ziel-Coverage; 90 % Ziel-Coverage (20-fach)	16	ca. 21 Stunden	44	ca. 33 Stunden
RNA-Sequenzierung einzelner Zellen (100 Zyklen) 4.000 Zellen, 50.000 Reads/Zelle	2	ca. 13 Stunden	5	ca. 19 Stunden
miRNA-Seq oder Analyse kleiner RNA (50 Zyklen) 11 Mio. Reads/Probe			96	ca. 11 Stunden

Leistungsstarker, vereinfachter Workflow auf Basis eines integrierten Systems sowie einer modernen Informatiklösung

Die Kundenerfahrung steht bei allen Innovationen von Illumina im Mittelpunkt. Damit werden die Probenvorbereitung, die Sequenzierung und die Analyse von Daten so einfach wie möglich. Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 bieten einen vereinfachten Workflow, der zum Vorteil von neuen und fortgeschrittenen Anwendern einfachen Load-and-Go-Betrieb mit einer modernen Informatiklösung (Abbildungen 2 und 3) vereint.

Anwenderfreundliche kartschenbasierte Plattform

Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 verfügen über eine Kombikartusche, die Reagenzien, Fluidik und Abfallaufnahme enthält und damit das Laden von Bibliotheken und die Verwendung des Geräts vereinfacht. Tauen Sie einfach die Reagenzienkartusche auf, setzen Sie die Fließzelle in die Kartusche ein, laden Sie die Bibliothek in die Kartusche und legen Sie die zusammengesetzte Kartusche in das Gerät ein.

Zusätzlich zu der einfachen Bedienung verbessert der vollständig integrierte Aufbau der Kartusche die Effizienz des gesamten Sequenzierungslaufs. Dank der Verkleinerung zahlreicher Sequenzierungsreaktionen bietet die einzigartige Konstruktion folgende Vorteile:

- Verringerung der Kosten für die Sequenzierung
- Verbesserte Recyclbarkeit und Verringerung der Abfallmengen

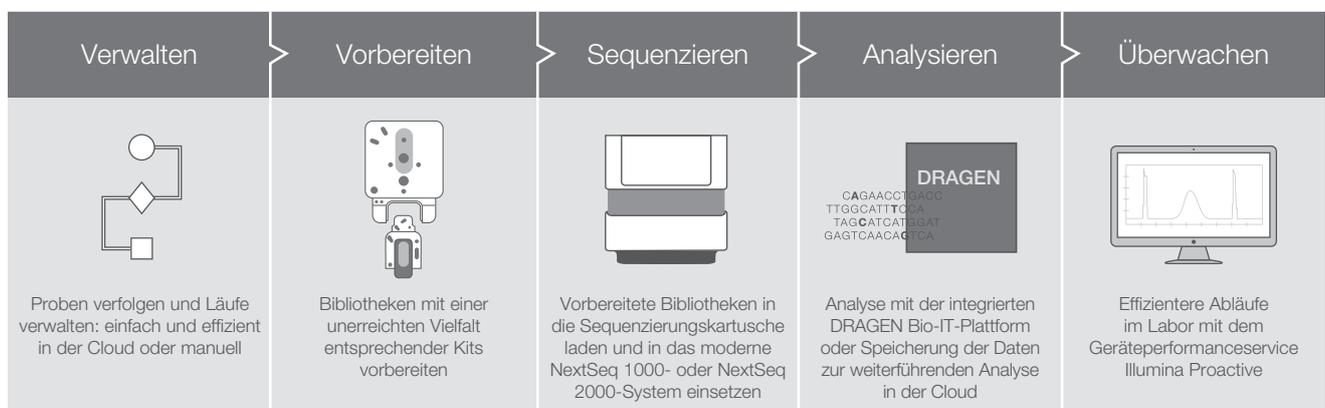
Flexibilität bei der Laufkonfiguration

Benutzer können Läufe lokal oder in der Cloud konfigurieren. Bei der lokalen Konfiguration können Benutzer ein eigenes Probenblatt erstellen oder eine praktische, vorausgefüllte Vorlage von Illumina verwenden. Die Konfiguration in der Cloud erfolgt mithilfe der Run Planner-App in BaseSpace™ Sequence Hub. Nach der Fertigstellung werden die Laufkonfigurationsdaten in die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 importiert. Anschließend starten Benutzer den gewünschten Lauf. Die optimierte Gerätesoftware zeichnet sich gegenüber früheren Tischsystemen durch eine übersichtlichere Benutzeroberfläche mit leicht ablesbaren Bildschirmen, verständlicheren Laufmetriken und einer verbesserten Darstellung von Geräte- und Laufstatus aus. Die Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 stellen Dateien in branchenüblichen Formaten bereit, die in zahlreichen LIMS (Laboratory Information Management Systems, Laborinformationsmanagementsystemen) zur Anwendung kommen, und ermöglichen so die automatische Probenverfolgung sowie ein automatisches Datenmanagement.

Einfachere Analyse, flexible Optionen

Die Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 ermöglichen den Zugriff auf geräteeigene, lokale und cloudbasierte Analysesoftware, sodass Anwender Daten wie gewünscht analysieren können.

Abbildung 2: Intuitiver Workflow von der Bibliothek zur Analyse: Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 zeichnen sich durch einen umfassenden Workflow mit anwenderfreundlicher Laufkonfiguration, unerreichter Kompatibilität mit Bibliotheksvorbereitungskits, Load-and-Go-Betrieb und integrierter Sekundäranalyse auf dem Gerät aus.



Schnelle Analyse mit der geräteeigenen DRAGEN™ Bio-IT-Plattform

Die geräteeigene DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT-Plattform bietet eine ultraschnelle, präzise Lösung für die Sekundäranalyse. Die DRAGEN-Plattform verwendet Hardwarebeschleunigung und optimierte Algorithmen für zahlreiche Genomanalyselösungen wie BCL-Konvertierung, Komprimierung, Mapping, Alignment, Sortierung, Dublettenmarkierung und Varianten-Calling. Für zahlreiche neue und künftige Anwendungen werden neue Pipelines bereitgestellt. Die geräteeigene Lösung bietet Zugriff auf ausgewählte DRAGEN-Informatikpipelines (Tabelle 3), mit denen Anwender in nur zwei Stunden Ergebnisse erhalten. Die DRAGEN-Informatiklösungen nutzen unerreichte Pipelinealgorithmen, mit denen neue und erfahrene Benutzer Schwierigkeiten bei der Datenanalyse bewältigen können und somit weniger abhängig von externen Informatikexperten sind. Anwender können Pipelines im praktischen Einsatz schneller und mit weniger Aufwand ausführen und sich so eingehender mit den Ergebnissen beschäftigen.

Zahlreiche Apps in BaseSpace Sequence Hub

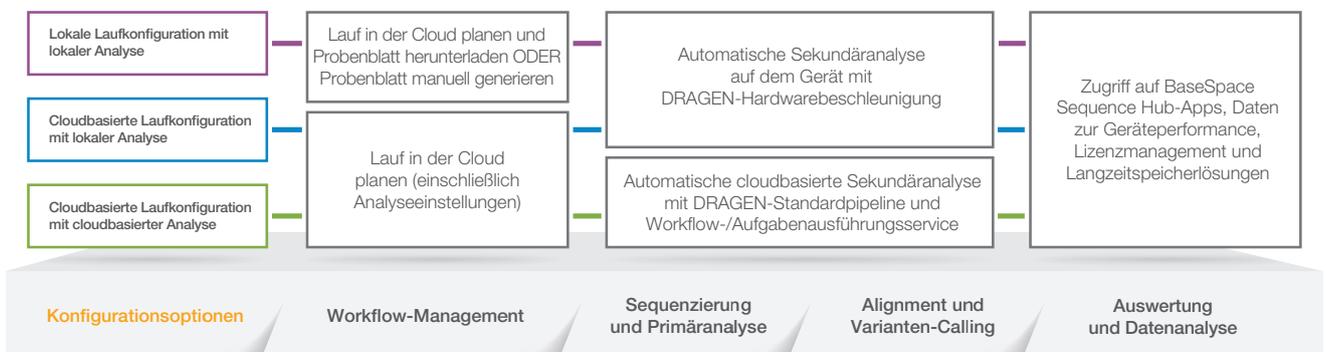
Anwender, die eine cloudbasierte Analyselösung bevorzugen, erhalten Zugriff auf BaseSpace Sequence Hub, eine Cloud-Computing-Plattform für Genomik, die das Datenmanagement vereinfacht und Forschern benutzerfreundliche Analysesequenzierungstools bietet. In der Cloud finden Anwender zahlreiche Bioinformatiktools und können Daten weltweit teilen. Die mit den Systemen NextSeq 1000 und NextSeq 2000 generierten Daten sind kompatibel mit branchenüblichen Formaten und lassen sich so problemlos in die gewünschte Lösung importieren.

Tabelle 3: Sofort einsatzbereite DRAGEN-Informatikpipelines in den Systemen NextSeq 1000 und NextSeq 2000

Pipeline ^a	Anwendungen	Wichtigste Funktionen
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> • Gesamtexom-Sequenzierung • Gezielte Resequenzierung 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Calling kleiner Varianten • Calling somatischer Varianten • Calling von SV/CNV^b • Anwendungs-spezifische Manifestdateien
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Genexpression (Gesamtgenom) • Erkennung von Genfusionen 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Erkennung von Fusionen • Genexpression
DRAGEN Single-cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Gesamttranskriptom-Sequenzierung bei Einzelzellen 	<ul style="list-style-type: none"> • Zellen-Barcodes und Fehlerkorrektur • Alignment • Genexpression • Zellfilterung • Grundlegende Berichts- und Visualisierungsfunktionen
DRAGEN Compression	<ul style="list-style-type: none"> • Komprimieren von FASTQ-Dateien 	<ul style="list-style-type: none"> • Verlustfreie Komprimierung
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> • Gesamtgenom-Sequenzierung 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Calling kleiner Varianten • Calling von SV/CNV

a. In der Cloud sind weitere DRAGEN-Informatikpipelines verfügbar; vollständige Liste unter www.illumina.com/DRAGEN.
 b. SV = Strukturelle Variante; CNV = Copy Number Variant (Kopienzahlvariante).

Abbildung 3: Flexible Informatiksuite: Die Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 bieten Optionen für Laufkonfiguration, Laufmanagement und Analyse lokal sowie in der Cloud, sodass Benutzer die Sequenzierung ganz nach Wunsch durchführen können.



Einfacherer, schnellerer Support dank modularem Aufbau

Der modulare Aufbau der Systeme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 vereinfacht Wartung und Support. Geräteeigene Sensoren überwachen die Systemperformance und warnen die Anwender bei möglichen Problemen. Wartungstechniker können Fehlerbehebungen und Reparaturen einfacher durchführen, was Zeit und Aufwand spart.

Optimierte Probenkontrolle und weniger Ausfallzeiten dank Service von Weltklasse

Bei Illumina Proactive handelt es sich um einen sicheren Gerätesupportservice per Fernzugriff, mit dem sich das Ausfallrisiko präventiv bestimmen, Lauffehler effizienter beheben und Ausfälle während Läufen verhindern lassen. Durch den Hinweis auf anstehende Reparaturen an Illumina-Servicetechniker, die dann einen Wartungstermin vereinbaren können, trägt der Service dazu bei, ungeplante Ausfallzeiten auf ein Minimum zu reduzieren und den unnötigen Verlust von Proben zu verhindern.

Kapazitäten für wissenschaftliche Durchbrüche und deren praktische Anwendung

Mit dem weltweit unerreichten Support, für den bei Illumina ein Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse zuständig ist, profitieren Sie jederzeit optimal von Ihrem Kauf und halten Betriebsunterbrechungen auf minimalem Niveau. Dieses engagierte Team besteht aus hochqualifizierten Servicetechnikern, Technical Applications Scientists (TAS), Field Application Scientists (FAS), Systemsupporttechnikern, Bioinformatikern und IT-Netzwerkexperten, die alle bestens mit NGS und den Anwendungen der Illumina-Kunden weltweit vertraut sind. Den technischen Support erreichen Sie telefonisch an fünf Tagen in der Woche. Der Onlinesupport steht weltweit rund um die Uhr in zahlreichen Sprachen zur Verfügung. Für welche Option Sie sich auch entscheiden: Die Support-Teams sind für Sie da, wenn Sie sie benötigen.

Bei jedem Systemkauf ist eine einjährige Servicegarantie inbegriffen. Zusätzlich sind umfassende Wartungs-, Reparatur- und Qualifikationslösungen erhältlich. Neben Vor-Ort-Schulungen, fortlaufender Unterstützung und Telefonsupport bietet Illumina Webinare und Schulungen an verschiedenen Standorten von Illumina weltweit an. Wir verfügen über alle Ressourcen, die Sie benötigen, um den Fortschritt zu beschleunigen.

Profitieren Sie im weltweit größten Genomikökosystem

Mit über 13.000 aktiven Systemen setzt Illumina den Standard für NGS-Lösungen. Wenn Sie Teil dieser Community werden, erhalten Sie Zugriff auf ein umfassendes Ökosystem aus Anwendungen, Protokollen und Informatiklösungen, die gemeinsam mit Tausenden Forschern und Branchenführern aus aller Welt entwickelt wurden.

Kapazitäten für die Zukunft und höhere Effizienz für Aufgaben von heute

Illumina bietet seit langem Genomiklösungen, die die kostengünstige Durchführung von Studien mit dem Durchsatz und Umfang ermöglichen, die zum Erreichen von Forschungszielen erforderlich sind. Anwender stehen zwei Systeme passend zu den jeweiligen Anforderungen an die Ausgabeleistung zur Verfügung. Das NextSeq 2000-System zeichnet sich durch einen höheren Durchsatz für neue und künftige Anwendungen aus, während sich aktuelle Anwendungen zugleich wirtschaftlicher durchführen lassen. Der Durchsatz des NextSeq 1000-Systems ist zwar geringer als beim NextSeq 2000-System. Dafür ist das NextSeq 1000 jedoch kostengünstiger. Kunden, die ein NextSeq 1000-System erwerben, können dieses bei Bedarf auf ein NextSeq 2000-System aufrüsten.

Zusammenfassung

Die Sequenziersysteme NextSeq 1000 und NextSeq 2000 setzen neue Maßstäbe für Tischsequenziersysteme. Mit verbesserter Technologie, fortschrittlicher Chemie, vereinfachten Workflows und geräteinterner Sekundäranalyse profitieren Forscher von nie dagewesener Flexibilität bei Aufgaben wie Suche, Bestimmung und vielen mehr.

Weitere Informationen

Weitere Informationen zu den Systemen NextSeq 1000 und NextSeq 2000 finden Sie unter www.illumina.com/NextSeq2000.

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 2000-Sequenziersystem	20038897
NextSeq 1000-Sequenziersystem	20038898
Aufrüstung von NextSeq 1000 auf NextSeq 2000	20047256
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 Zyklen)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 Zyklen)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 Zyklen)	20046813
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 Zyklen)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 Zyklen)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 Zyklen)	20040560
NextSeq 2000 P3 Reagents (300 Zyklen)	20040561

NextSeq 1000 und NextSeq 2000 – technische Daten

Spezifikationen
<p>Lieferumfang Eigenständiges Gerät ohne Verbrauchsmaterialien mit DRAGEN Bio-IT FPGA-Sekundäranalyse</p>
<p>Gerätesteuerungscomputer Basiseinheit: 2U-Mikroserver im Gerät Arbeitsspeicher: 288 GB Festplatte: 3,8-TB-SSD Betriebssystem: Linux CentOS 7.6</p>
<p>Betriebsbedingungen Temperatur: 15 °C bis 30 °C Luftfeuchtigkeit: 20 bis 80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend) Höhe: 0 bis 2.000 m Nur für den Innengebrauch</p>
<p>Laser Wellenlängen: 449 nm, 523 nm, 820 nm Sicherheit: Laserprodukt der Klasse 1</p>
<p>Abmessungen B × T × H: 60 cm × 65 cm × 60 cm Gewicht: 141 kg</p> <p>Maße der Transportkiste B × T × H (verpackt): 92 cm × 120 cm × 118 cm Verpacktes Gewicht: 232 kg</p>
<p>Leistungsbedarf Geräteeingangsspannung: 100 V AC bis 240 V AC Geräteeingangsfrequenz: 50/60 Hz</p>
<p>Bandbreite für Netzwerkverbindung 200 MB/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads 200 MB/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-Uploads 5 MB/s je Gerät für Uploads von Betriebsdaten des Geräts</p>
<p>Produktsicherheit und Compliance NRTL-Zertifizierung IEC CE-Kennzeichnung gemäß 61010-1 FCC/IC-Zulassung</p>



illumina • 1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) • +1.858.202.4566
(Tel. außerhalb der USA) • techsupport@illumina.com •
www.illumina.com

© 2020 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten.

Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Weitere Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html. 770-2019-030-B DEU QB9197