

# NextSeq™ 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System

Explore las aplicaciones actuales y emergentes  
con más eficiencia y menos restricciones

- **Flexibilidad para el futuro mientras gestiona las eficiencias ahora**  
Una plataforma innovadora y flexible que fomenta el desarrollo de investigaciones en mayor profundidad, estudios a mayor escala y un nivel resolutivo más alto en un sistema de sobremesa
- **Disponga de la capacidad de realizar innovaciones y asistencia para mantenerlas**  
Un sistema rentable y de gran rendimiento que proporciona resultados precisos en aplicaciones emergentes de creciente complejidad
- **Aproveche al máximo el tiempo y los recursos con una experiencia intuitiva**  
Un sistema de fácil uso con informática integrada optimiza el flujo de trabajo y el análisis. Por ello, la secuenciación de nueva generación (NGS, *next-generation sequencing*) es un recurso accesible tanto para usuarios principiantes como para usuarios más expertos



illumina®

Ofrecen una mayor capacidad para realizar exploraciones más profundas y descubrimientos con menores costes de secuenciación, flujos de trabajo simplificados y más versatilidad para admitir aplicaciones nuevas y emergentes en casi cualquier escala.

Las innovaciones en la secuenciación de próxima generación (NGS) ayudan a la comunidad genómica a formular y dar respuesta a preguntas científicas cada vez más complejas. En todo el espectro de la oncología, la investigación de microbiomas, los estudios de células únicas y en otras aplicaciones emergentes, los investigadores necesitan potencia de secuenciación para poder realizar estudios más grandes, con más muestras y con más profundidad de secuenciación a un menor coste.

Con el objetivo de apoyar esta mejora en la investigación, Illumina es una empresa comprometida en fomentar la exploración del genoma, el transcriptoma y el epigenoma proporcionando a los usuarios avances innovadores de la tecnología y los sistemas. Durante los últimos 20 años, Illumina ha estado a la vanguardia a la hora de mejorar las capacidades de secuenciación en todo el flujo de trabajo, facilitando su uso y reduciendo los costes. Esta tradición continúa con NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System (figura 1, tabla 1). Estas revolucionarias plataformas ofrecen un diseño innovador del sistema, innovaciones en los procesos químicos, compatibilidad con una lista cada vez más amplia de opciones de preparación de bibliotecas e informática integrada para realizar análisis secundarios rápidos.

**El resultado:** NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System de Illumina son plataformas flexibles para la investigación de hoy y de mañana.



**Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System:** El sistema NextSeq 2000 ofrece características de diseño innovadoras, procesos químicos avanzados, una bioinformática simplificada y un flujo de trabajo intuitivo que posibilita la más amplia gama de aplicaciones y flexibilidad para los sistemas de secuenciación de sobremesa.

**Tabla 1:** Parámetros de rendimiento de NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System

Longitud de lectura	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
<b>Productividad por celda de flujo<sup>a</sup></b>			
1 × 50 pb (P3 solo)	–	–	60 Gb
2 × 50 pb	–	40 Gb	120 Gb
2 × 100 pb	–	80 Gb	240 Gb
2 × 150 pb	30 Gb	120 Gb	360 Gb
Lee grupos que superan el filtro	100 M	400 M	1,2 B
<b>Puntuaciones de calidad<sup>b</sup></b>			
1 × 50 pb		≥ 90 % de bases superior a Q30	
2 × 50 pb		≥ 90 % de bases superior a Q30	
2 × 100 pb		≥ 85 % de bases superior a Q30	
2 × 150 pb		≥ 85 % de bases superior a Q30	
<b>Duración del experimento</b>			
1 × 50 pb	–	–	~11 horas
2 × 50 pb	–	~13 horas	~19 horas
2 × 100 pb	–	~21 horas	~33 horas
2 × 150 pb	~19 horas	~29 horas	~48 horas

a. Las especificaciones de rendimiento se basan en un modo de funcionamiento con una sola celda de flujo gracias a la biblioteca de control PhiX de Illumina con densidades de grupos compatibles; CPF (grupos que superan el filtro)

b. Las puntuaciones de calidad se basan en una biblioteca de control PhiX de Illumina; el rendimiento puede variar en función del tipo de biblioteca y su calidad, el tamaño del fragmento, la concentración de la carga y otros factores del experimento

## Más descubrimientos gracias a nuestros avanzados sistemas de sobremesa

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System hacen uso de los últimos avances en óptica, de diseño de instrumentos y de la química de los reactivos para miniaturizar el volumen de la reacción de secuenciación al tiempo que mejoran el rendimiento y reducen el coste por experimento. Ahora, los usuarios pueden lograr el rendimiento, la calidad de datos y los costes que necesitan para ampliar el volumen y el alcance de sus estudios, todo ello con un sistema de secuenciación de sobremesa.

## Mayor rendimiento con la experiencia más intuitiva hasta la fecha

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System utilizan celdas de flujo de trama parecidas a las que alimentan el sistema NovaSeq™ 6000. El resultado es un sistema de sobremesa de gran flexibilidad, robusto y ampliable, que ofrece las celdas de flujo con la mayor densidad de grupos que cualquier otro sistema NGS del mercado hasta la fecha, lo que permite reducir el coste por gigabase (Gb) del experimento de secuenciación.

Para aprovechar al máximo estas celdas de flujo de mayor densidad, NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System incorporan un novedoso sistema óptico de gran resolución que proporciona datos de imágenes de alta precisión con una mayor resolución y sensibilidad que los sistemas de sobremesa tradicionales. Esta miniaturización proporciona la flexibilidad necesaria para toda una variedad de cantidades de resultados a la vez que tiene los mismos y elevados estándares de calidad de datos que disfrutaron los usuarios de NextSeq 550 System.

## Datos de alta calidad y menos costes por experimento gracias a la mejorada química de los reactivos

Gracias a décadas de experiencia, los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 ofrecen la próxima iteración de la secuenciación líder del sector mediante química de secuenciación por síntesis (SBS), optimizada, para aumentar el brillo del grupo, reducir la diafonía de canales y mejorar la relación señal/ruido. Combinando este avance con mejoras en la formulación que reducen el tamaño real de la reacción, los usuarios de reactivos de NextSeq 1000 y NextSeq 2000 pueden obtener datos de alta calidad y una reducción global del volumen y de los desperdicios de reactivo, reduciendo al mínimo los requisitos físicos de almacenamiento. Además, la mayor robustez y estabilidad de la celda de flujo permiten el transporte a temperatura ambiente.

## Sitúese a la vanguardia con estudios innovadores y con más capacidades

Gracias a sus rápidos y precisos resultados, la capacidad de ampliación de 30 Gb a 360 Gb y a las versátiles opciones informáticas, NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System resultan ideales para aplicaciones de gran alcance (tabla 2) en oncología, enfermedades genéticas, salud reproductiva, agrigenómica y otras. Añada un sólido soporte por expertos y los laboratorios estarán preparados para la carga de trabajo actual y para las aplicaciones que surjan en el futuro.

**Tabla 2:** Algunas de las aplicaciones más exhaustivas disponibles en los sistemas de secuenciación NextSeq 1000 y NextSeq 2000

Aplicación	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	N.º de muestras	Tiempo	N.º de muestras	Tiempo	N.º de muestras	Tiempo
Secuenciación del genoma completo de tamaño pequeño (300 ciclos) Genoma de 130 Mb; cobertura de > 30x	7	~19 horas	30	~29 horas	90	~48 horas
Secuenciación del exoma completo (200 ciclos) Cobertura objetiva promedio de 50x; Cobertura objetivo del 90 % a 20x	4 (300 ciclos)	~19 horas	16	~21 horas	48	~33 horas
Secuenciación de ARN de células únicas (100 ciclos) <sup>a</sup> 4000 celdas, entre 10 000 y 50 000 lecturas/celda	–	–	2-10	~13 horas	6-30	~19 horas
Secuenciación de ARNm o análisis de ARN pequeño (50 ciclos) 11 millones de lecturas/muestra	–	–	–	–	108	~11 horas

a. La profundidad de secuenciación recomendada dependerá en gran medida del tipo de muestra y del objetivo del experimento, y deberá optimizarse para cada estudio

## Un flujo de trabajo potente y sencillo con un sistema integrado e informática avanzada

En Illumina, situamos la experiencia del cliente en el centro de cada innovación, facilitando todo lo posible la preparación de muestras, la secuenciación y el análisis de datos. NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System proporcionan un flujo de trabajo sencillo que combina facilidad para cargar y usar e informática avanzada (figuras 2 y 3), lo que beneficia tanto a los nuevos usuarios como a los más avanzados.

### Plataforma con cartuchos de fácil uso

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System utilizan un cartucho integrado que incluye los reactivos, la flúidica y el recipiente de residuos, facilitando la carga de la biblioteca y el uso del instrumento. Simplemente necesita descongelar el cartucho de reactivo, introducir la celda de flujo en el cartucho, cargar la biblioteca en el cartucho e introducir el cartucho montado en el instrumento. Los pasos de desnaturalización y dilución se producen de manera automática en el instrumento.

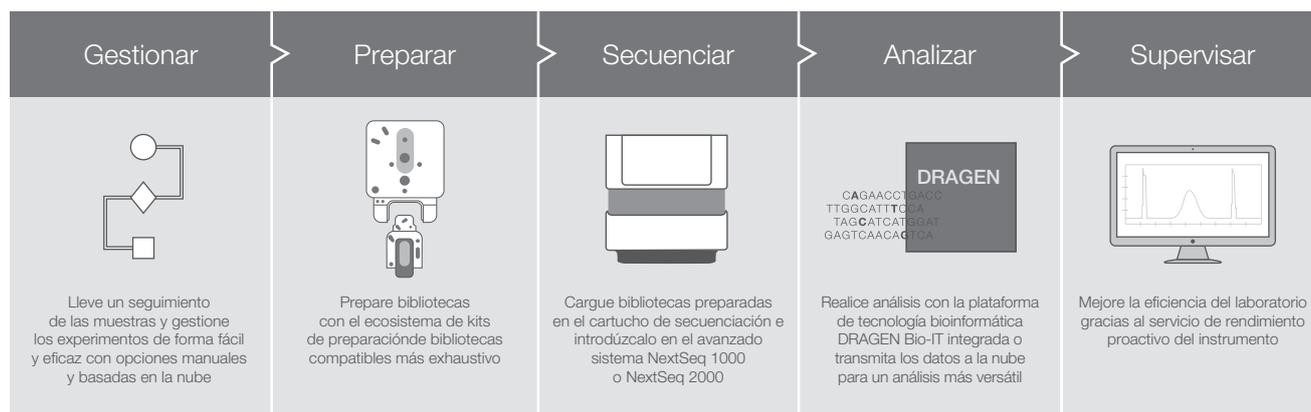
Además de la facilidad de uso, el diseño del cartucho, totalmente integrado, hace que el experimento de secuenciación sea más eficiente. Mediante la miniaturización de muchas de las reacciones de secuenciación, el diseño único:

- Costes de secuenciación más bajos
- Mejora la capacidad de reciclaje
- Reduce al mínimo el volumen de residuos

Dado que los reactivos se mantienen siempre dentro del cartucho, el diseño sin líquido del instrumento no necesita lavarse, lo que se traduce en un mantenimiento optimizado y en una eficacia mejorada del mismo.

### Opciones versátiles para configurar el experimento

Los experimentos pueden configurarse localmente o en la nube. Para la configuración localmente, los usuarios pueden crear su propia hoja de muestras o utilizar una cómoda plantilla de Illumina ya preestablecida. Para la configuración basada en la nube, se necesita la aplicación Run Planner en BaseSpace™ Sequence Hub. Cuando la información de configuración del experimento está lista, esta se importa en los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000. Los usuarios pueden seleccionar el experimento que deseen e iniciarlo. El software optimizado del instrumento proporciona una interfaz más despejada, con pantallas fáciles de leer, métricas del experimento más sencillas de entender y una mejor visualización del estado del instrumento y del experimento en comparación con los sistemas de sobremesa anteriores. Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 generan los formatos de archivo estándar del sector que utilizan los diferentes sistemas de gestión de información de laboratorio (LIMS) para el seguimiento seguro y automatizado de las muestras y para gestionar la información.



**Figura 2: Flujo de trabajo** intuitivo desde la biblioteca al análisis. NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System proporcionan un flujo de trabajo exhaustivo que incluye la configuración sencilla de los experimentos, el ecosistema más amplio de kits de preparación de bibliotecas compatibles, el funcionamiento "cargar y listo" y análisis secundario integrado.

### Análisis simplificados, opciones versátiles

Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 permiten acceder al software de análisis integrado, al local y al basado en la nube, proporcionando a los usuarios la versatilidad necesaria para analizar los datos de forma acorde a sus necesidades.

### Análisis rápido con la plataforma integrada de tecnología bioinformática DRAGEN™ Bio-IT

La plataforma integrada de tecnología bioinformática DRAGEN (Análisis de lectura dinámica para GENómica, por sus siglas en inglés) Bio-IT ofrece una solución ultrarrápida y precisa para realizar análisis secundarios. La plataforma DRAGEN utiliza algoritmos optimizados acelerados por hardware para una gran variedad de soluciones de análisis genómico, lo que incluye conversión de archivo BCL (llamada de bases), compresión, asignación, alineación, clasificación, marcado, duplicado y llamadas de variantes. Habrá disponibles nuevos procesos para toda una variedad de aplicaciones nuevas y emergentes. La solución integrada permite acceder a algunos procesos informáticos de DRAGEN (tabla 3), de forma que los usuarios puedan generar resultados en tan solo dos horas. La informática de DRAGEN utiliza los mejores algoritmos de proceso de su categoría para ayudar a los usuarios novatos y expertos a superar los cuellos de botella que se produzcan en el análisis de los datos y reducir así la dependencia de expertos informáticos externos. Los usuarios pueden dedicar menos tiempo y esfuerzo para ejecutar procesos de producción y pueden dedicarse más a los resultados.

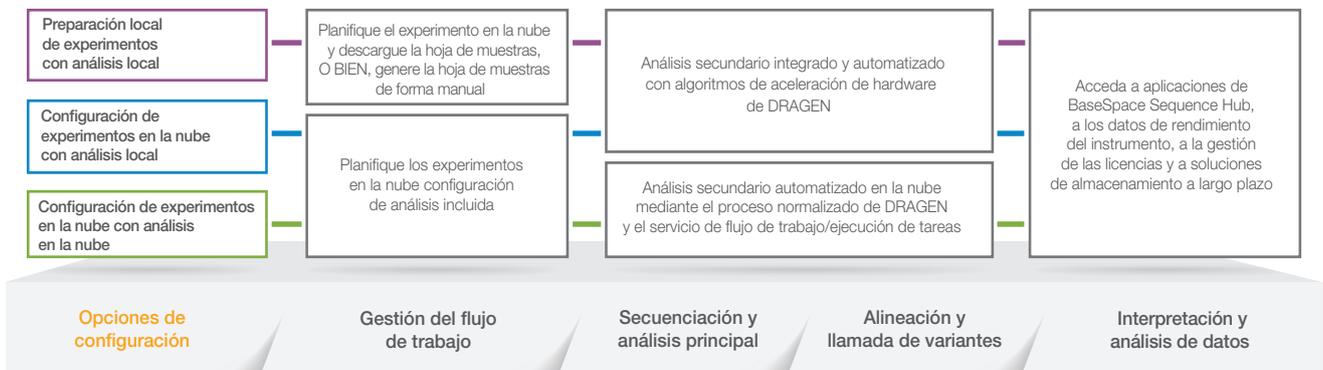
### Un ecosistema de aplicaciones en BaseSpace Sequence Hub

Los usuarios que prefieran usar una solución de análisis basada en la nube pueden hacerlo con BaseSpace Sequence Hub, una plataforma informatizada de genómica en la nube que proporciona herramientas sencillas de gestión de datos y de secuenciación analítica directamente a los investigadores en un formato de fácil uso. Los usuarios pueden acceder en la nube a una amplia selección de herramientas de bioinformática y compartir los datos a escala global. Los datos generados con los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 son compatibles con los formatos estándar del sector a la hora de importar cómodamente a la solución elegida.

**Tabla 3:** Procesos informáticos DRAGEN integrados en los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 con solo pulsar un botón

Proceso <sup>a</sup>	Aplicaciones	Funcionalidad clave
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Secuenciación del exoma completo</li> <li>• Resecuenciación selectiva</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Alineación</li> <li>• Llamadas de variantes pequeñas</li> <li>• Modos germinal y somático (solo para tumores)</li> <li>• Llamada de variantes estructurales (SV)</li> <li>• Archivos de manifiesto personalizados</li> </ul>
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Expresión genética del transcriptoma completo</li> <li>• Detección de fusión de genes</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Alineación</li> <li>• Detección de fusión</li> <li>• Expresión genética</li> <li>• Expresión diferencial</li> </ul>
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Secuenciación del transcriptoma completo de células únicas</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Códigos de barras de las celdas y corrección de errores</li> <li>• Alineación</li> <li>• Expresión genética</li> <li>• Filtrado en celdas</li> <li>• Generación de informes básicos y visualización</li> </ul>
DRAGEN ORA <sup>b</sup> Compression	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Compresión de archivos FASTQ</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Compresión sin pérdidas</li> <li>• Reducción del tamaño del archivo en hasta 5 veces</li> </ul>
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Secuenciación del genoma completo</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Alineación</li> <li>• Llamadas de variantes pequeñas</li> <li>• Llamada de SV/CNV<sup>c</sup></li> <li>• Expansión repetida<sup>c</sup></li> <li>• Regiones de homocigosis<sup>c</sup></li> <li>• Genotipado CYP2D6<sup>c</sup></li> </ul>
DRAGEN Amplicon <sup>d</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Paneles de amplicones de ADN</li> <li>• Resecuenciación selectiva</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Alineación</li> <li>• Llamadas de variantes pequeñas</li> <li>• Modos germinal y somático (solo para tumores)</li> </ul>

a. Hay disponibles procesos informáticos DRAGEN adicionales en la nube; visite [www.illumina.com/DRAGEN](http://www.illumina.com/DRAGEN) para ver la lista completa  
 b. ORA, archivo de lectura original  
 c. Función disponible únicamente para genomas humanos; CNV, variante del número de copias  
 d. Válido únicamente para muestras de ADN; disponibilidad a partir de DRAGEN v3.8



**Figura 3:** Versátil conjunto de programas informáticos. Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 ofrecen opciones locales y basadas en la nube para configurar y gestionar experimentos y para el análisis, lo que permite a los usuarios procesar su secuenciación como deseen.

## Construcción modular para una asistencia técnica más sencilla y rápida

Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 se han concebido de forma modular, lo que simplifica el servicio y la asistencia técnica. Los sensores integrados supervisan el funcionamiento del sistema y alertan a los usuarios de cualquier posible problema. La solución de problemas y las reparaciones son más sencillas para el ingeniero de servicio, lo que en última instancia ahorra tiempo y reduce frustraciones.

## Servicio de primera clase para un mayor control de las muestras y tiempos de inactividad más reducidos

Illumina Proactive es un servicio de asistencia de rendimiento de instrumentos remoto y seguro que se ha diseñado para detectar fallos de riesgo de forma preventiva, para solucionar problemas de forma más eficiente y para evitar fallos durante el experimento. Este servicio permite reducir al mínimo el tiempo de inactividad no planificado y evitar la pérdida innecesaria de muestras anticipando las reparaciones y alertando al personal de campo de Illumina para que programen visitas de mantenimiento.

## Capacidad para realizar innovaciones y asistencia para mantenerlas

Para que pueda aprovechar al máximo la inversión, lograr el mejor rendimiento y reducir al mínimo las interrupciones, Illumina proporciona un equipo de asistencia técnica de primera clase compuesto por científicos expertos en la preparación, la secuenciación y el análisis de bibliotecas. Este equipo dedicado incluye ingenieros de servicio de campo (FSE) altamente cualificados, científicos de aplicaciones técnicas (TAS), científicos de aplicaciones de campo (FAS), ingenieros de asistencia técnica de sistemas, bioinformáticos y expertos en redes informáticas, todos ellos ampliamente familiarizados con la secuenciación de próxima generación y con las aplicaciones que los clientes de Illumina llevan a cabo en todo el mundo. La asistencia técnica está disponible por teléfono 5 días a la semana; también puede acceder a esta en línea las 24 horas del día y los 7 días de la semana, en todo el mundo y en varios idiomas. Sea cual sea el método elegido, los equipos de asistencia técnica estarán disponibles cuando los necesite.

Con la compra de cada sistema se incluye una garantía de servicio de un año. También hay disponibles soluciones integrales de mantenimiento, reparación y calificación. Además, Illumina ofrece formación en sus instalaciones, asistencia técnica continuada, consultas telefónicas, seminarios web y cursos en diferentes centros de Illumina en todo el mundo. Contamos con todos los recursos que necesita para acelerar el progreso.

## Únase al ecosistema de genómica más grande del mundo

Con más de 17 000 sistemas activos, Illumina se está convirtiendo en la norma de las soluciones de NGS. Únase a esta comunidad para acceder al extenso ecosistema de aplicaciones, protocolos y sistemas informáticos creado en colaboración con miles de investigadores y líderes del sector de todo el mundo.

## Flexibilidad para el futuro mientras gestiona las eficiencias ahora

Illumina tiene un historial probado de producción de soluciones para genómica que proporcionan a los investigadores las herramientas que necesitan para realizar estudios con el rendimiento, flexibilidad y precio que se ajustan a sus objetivos de investigación. Con dos sistemas y tres configuraciones de celda de flujo para elegir, los usuarios pueden seleccionar los requisitos de generación de datos adecuados para sus necesidades. El sistema NextSeq 2000 proporciona opciones de mayor rendimiento para satisfacer las necesidades de aplicaciones nuevas y emergentes, mejorando al mismo la economía de los experimentos para las aplicaciones actuales. El rendimiento del sistema NextSeq 1000 es más bajo que el del sistema NextSeq 2000 y está disponible a un precio también más asequible. Con el fin de garantizar una escalabilidad más versátil para el futuro, los clientes que adquieren un sistema NextSeq 1000 pueden actualizarlo fácilmente al sistema NextSeq 2000.

## Resumen

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System revolucionan el concepto de lo que se puede lograr con un sistema de secuenciación de sobremesa. Gracias a la mejor tecnología, a la química avanzada, a los flujos de trabajo simplificados y al análisis secundario integrado, los investigadores dispondrán de una versatilidad sin precedentes para buscar y descubrir mejor.

## Información adicional

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System, [illumina.com/NextSeq2000](https://illumina.com/NextSeq2000)

## Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de referencia
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
Actualización de NextSeq 1000 a NextSeq 2000	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (300 cycles)	20050264
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 cycles)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 cycles)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 cycles)	20046813
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 cycles)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 cycles)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 cycles)	20040560
NextSeq 1000/2000 Read and Index Primers	20046115
NextSeq 1000/2000 Index Primer Kit	20046116
NextSeq 1000/2000 Read Primer Kit	20046117

## Especificaciones de los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000

Especificaciones
<p><b>Configuración del instrumento</b> Instrumento completo y sin líquidos con análisis secundario de FPGA (matriz de puertas programables en campo) con tecnología bioinformática DRAGEN Bio-IT integrado</p>
<p><b>Ordenador de control del instrumento</b> Unidad base: microservidor de 2 U en el interior del instrumento Memoria: 288 GB Disco duro: 3,8 TB, estado sólido (SSD) Sistema operativo: Linux CentOS 7.6</p>
<p><b>Entorno operativo</b> Temperatura: 15 °C-30 °C Humedad: humedad relativa entre el 20 % y el 80 %, sin condensación Altitud: entre 0 y 2000 metros Para uso exclusivo en interiores</p>
<p><b>Láser</b> Longitudes de onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm Seguridad: Producto láser de clase 1</p>
<p><b>Dimensiones</b> Anchura × fondo × altura: 60 cm × 65 cm × 60 cm Peso: 141 kg</p> <p><b>Dimensiones del embalaje</b> Anchura × fondo × altura embalado: 92 cm × 120 cm × 118 cm Peso de embalaje: 232 kg</p>
<p><b>Requisitos de alimentación</b> Voltaje de entrada del instrumento: 100 V de CA a 240 V de CA Frecuencia de entrada del instrumento: 50/60 Hz</p>
<p><b>Ancho de banda para la conexión de red</b> 200 Mb/s/instrumento para cargas de red interna 200 Mb/s/instrumento para cargas de BaseSpace Sequence Hub 5 Mb/s/instrumento para cargas de datos operativos del instrumento</p>
<p><b>Seguridad y cumplimiento del producto</b> NRTL con certificación IEC Marcado CE 61010-1 Aprobado por FCC/IC</p>



Illumina • 1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) •  
Tel.: +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2021 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Para obtener información específica sobre la marca comercial, visite [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-NA-00008 ESP v3.0