

Systemes de séquençage NextSeq^{MC} 1000 et NextSeq 2000

Explorez les applications actuelles et émergentes avec plus d'efficacité et moins de contraintes.

- **Adaptés pour le futur tout en augmentant l'efficacité aujourd'hui**

Plate-forme innovante et évolutive permettant une enquête plus approfondie, des études plus importantes et une résolution plus élevée sur un système de paillasse

- **La capacité de générer des avancées tout en ayant le support pour les réaliser**

Système économique fournissant des résultats précis pour les applications émergentes de plus en plus complexes

- **Optimisez temps et ressources grâce à une expérience intuitive.**

Système facile à utiliser et analyse et flux de travail simplifiés à l'informatique intégrée, rendant le SNG accessible aux utilisateurs experts et novices



Acquérez une plus grande capacité pour une exploration et des découvertes plus approfondies grâce à des coûts de séquençage considérablement réduits, des flux de travail simplifiés et plus de flexibilité pour soutenir les applications nouvelles et émergentes à pratiquement toutes les échelles.

Les innovations dans le séquençage de nouvelle génération (SNG) aident la communauté génomique à poser et à répondre à des questions scientifiques de plus en plus complexes. À travers le domaine d'oncologie, de la recherche sur le microbiome, des études monocellulaires et d'autres applications émergentes, les chercheurs ont besoin de séquençage avancé pour pouvoir contribuer plus d'échantillons au séquençage approfondi à des études plus importantes et ce à moindre coût.

Pour soutenir cet essor dans la recherche, Illumina s'engage à permettre l'exploration du génome, du transcriptome et de l'épigénome en offrant aux utilisateurs des avancées innovantes de la technologie et des systèmes. Au cours des 20 dernières années, Illumina a pris les devants pour améliorer les capacités de séquençage sur l'ensemble du flux de travail, en facilitant l'utilisation tout en réduisant les coûts. Cette pratique se poursuit avec les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 (figure 1, tableau 1). Ces plates-formes révolutionnaires offrent une conception de système innovante, des innovations chimiques, une compatibilité avec un large éventail d'options de préparation de librairie et une informatique intégrée pour une analyse secondaire rapide.

Le résultat : les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 d'Illumina sont des plates-formes évolutives qui soutiendront la recherche d'aujourd'hui et de demain.



Figure 1 : Le système de séquençage NextSeq 2000 : le système NextSeq 2000 offre des fonctionnalités de conception innovantes, une chimie avancée, une bioinformatique simplifiée et un flux de travail intuitif opérant la plus large gamme d'applications et offrant une souplesse d'adaptation sur un système de séquençage de paillasse.

Tableau 1 : Paramètres de performance pour les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et 2000

Longueur de lecture	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Rendement par Flow Cell^a			
1 × 50 pb (P3 uniquement)	–	–	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
Lectures APF	100 M	400 M	1,2 B
Scores de qualité^b			
1 × 50 pb	≥ 90 % des bases supérieures à Q30		
2 × 50 pb	≥ 90 % des bases supérieures à Q30		
2 × 100 pb	≥ 85 % des bases supérieures à Q30		
2 × 150 pb	≥ 85 % des bases supérieures à Q30		
Durée de l'analyse			
1 × 50 pb	–	–	Env. 11 heures
2 × 50 pb	–	Env. 13 heures	Env. 19 heures
2 × 100 pb	–	Env. 21 heures	Env. 33 heures
2 × 150 pb	Env. 19 heures	Env. 29 heures	Env. 48 heures

a. Les données sur le rendement sont fondées sur le mode Flow Cell simple et l'utilisation d'une librairie de contrôle PhiX d'Illumina aux densités d'amplifiats prises en charge; APF, amplifiats passant le filtre

b. Les scores de qualité sont fondés sur l'utilisation d'une librairie de contrôle PhiX d'Illumina; la performance peut varier selon le type et la qualité de la librairie, la taille de l'insert, la concentration de chargement et autres facteurs expérimentaux.

Allez plus loin avec nos systèmes de paillasse révolutionnaires

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 exploitent les dernières avancées en matière d'optique, de conception d'instruments et de chimie des réactifs pour miniaturiser le volume de la réaction de séquençage tout en augmentant le rendement et en réduisant le coût par cycle. Désormais, les utilisateurs peuvent obtenir le débit, la qualité des données et les coûts nécessaires pour étendre la taille et la portée de leurs études, le tout à partir du système de séquençage de paillasse.

Augmentation du rendement grâce à notre expérience la plus intuitive à ce jour

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 utilisent des Flow Cell à motifs similaires à ceux qui alimentent le système NovaSeq™ 6000. Le résultat est un système de paillasse hautement flexible, robuste et évolutif qui offre les Flow Cell à la densité d'amplifiats la plus élevée de tous les systèmes de SNG sur le marché à ce jour, réduisant ainsi le coût par gigabase (Gb) de l'analyse de séquençage.

Pour tirer pleinement parti de ces Flow Cell à densité élevée, les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 disposent d'un nouveau système d'optique de super résolution qui produit des données d'imagerie très précises avec une résolution et une sensibilité plus élevées que les systèmes de paillasse traditionnels. Cette miniaturisation offre une évolutivité pour un éventail de quantités de débit tout en maintenant les mêmes normes élevées de qualité des données que celles utilisées par les utilisateurs du système NextSeq 550.

Données de haute qualité et coûts de fonctionnement réduits avec une chimie des réactifs améliorée

S'appuyant sur des décennies d'expertise, les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent la prochaine itération de la chimie de séquençage par synthèse (SBS), optimisée pour augmenter la luminosité de l'amplifiat, réduire la diaphonie des canaux et améliorer le rapport signal/bruit. La combinaison de cette évolution avec des améliorations de formulation qui réduisent la taille réelle de la réaction permet aux utilisateurs de réactifs NextSeq 1000/2000 de réaliser des données de haute qualité et une réduction globale du volume et des déchets de réactifs, minimisant ainsi les exigences de stockage physique. De plus, la robustesse et la stabilité améliorées permettent un transport ambiant de la Flow Cell.

Des études révolutionnaires pionnières avec accès à des capacités plus larges

Avec des résultats rapides et précis, une extensibilité de 30 Gb à 360 Gb et des options informatiques flexibles, les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont idéaux pour des applications de grande envergure ([tableau 2](#)) en oncologie, maladies génétiques, santé génésique, agrigénomique et plus encore. Ajoutez une assistance technique inébranlable et les laboratoires sont parés pour la charge de travail d'aujourd'hui et les futures applications émergentes.

Tableau 2 : Certaines des applications générales disponibles sur les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Application	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	Nombre d'échantillons	Durée	Nombre d'échantillons	Durée	Nombre d'échantillons	Durée
Séquençage d'un petit génome entier (300 cycles) génomique 130 Mb; couverture > 30x	7	Env. 19 heures	30	Env. 29 heures	90	Env. 48 heures
Séquençage d'un exome entier (200 cycles) couverture ciblée moyenne 50x; couverture ciblée 90 % à 20x	4 (300 cycles)	Env. 19 heures	16	Env. 21 heures	48	Env. 33 heures
ARN-Seq Cell unique (100 cycles) ^a 4 000 cellules, 10 000/50 000 lectures/cellule	–	–	2-10	Env. 13 heures	6-30	Env. 19 heures
Séquençage de l'ARNmi ou analyse de petits ARN (50 cycles) 11 M de lectures par échantillon	–	–	–	–	108	Env. 11 heures

a. La profondeur de séquençage recommandée va dépendre en grande partie du type d'échantillon et de l'objectif de la recherche, et devra être optimisée pour chaque étude.

Un flux de travail puissant et simplifié piloté par un système intégré et informatique de pointe

Chez Illumina, l'expérience client est au centre de toute innovation, ce qui facilite la préparation des échantillons, le séquençage et l'analyse des données. Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent un flux de travail simplifié, combinant facilité de chargement et informatique avancée (figures 2 et 3) profitant aux utilisateurs nouveaux et avancés.

Plate-forme à base de cartouches facile à utiliser

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 bénéficient d'une cartouche intégrée qui comprend les réactifs, la fluidique et le support de déchets, simplifiant le chargement de la librairie et l'utilisation des instruments. Décongelez simplement la cartouche de réactifs, insérez la Flow Cell dans la cartouche, chargez la librairie dans la cartouche et insérez la cartouche assemblée dans l'instrument. Les étapes de dénaturation et de dilution sont effectuées automatiquement.

En plus d'être facile à utiliser, la conception de la cartouche entièrement intégrée améliore l'efficacité tout au long de l'analyse de séquençage. En miniaturisant de nombreuses réactions de séquençage, la conception unique :

- Réduit les coûts de séquençage
- Améliore le niveau de recyclabilité
- Minimise le volume des déchets

Dans la mesure où les réactifs ne quittent jamais la cartouche, la conception de l'instrument sec ne nécessite aucun lavage, ce qui permet de simplifier la maintenance et d'optimiser le rendement de l'instrument.

Options flexibles pour configurer l'analyse

Les analyses peuvent être configurées localement ou sur le nuage. Pour la configuration locale, les utilisateurs peuvent créer leur propre feuille d'échantillons ou utiliser un modèle Illumina pratique et préconçu. La configuration à partir du nuage utilise l'application Run Planner dans BaseSpace™ Sequence Hub. Une fois que les renseignements de configuration de l'analyse sont prêts, ils sont importés dans les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000. Les utilisateurs sélectionnent et démarrent l'analyse en question. Le logiciel de l'instrument optimisé offre une interface plus soignée avec des écrans faciles à lire, des indicateurs métriques d'analyse plus faciles à comprendre, ainsi qu'une visualisation améliorée de l'instrument et de l'état de l'analyse par rapport aux systèmes de paillasse antérieurs. Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 produisent des formats de fichiers conformes aux standards de l'industrie utilisés par divers systèmes de gestion des informations de laboratoire (SGIL) pour un suivi des échantillons et une gestion des données sécurisés et automatisés.

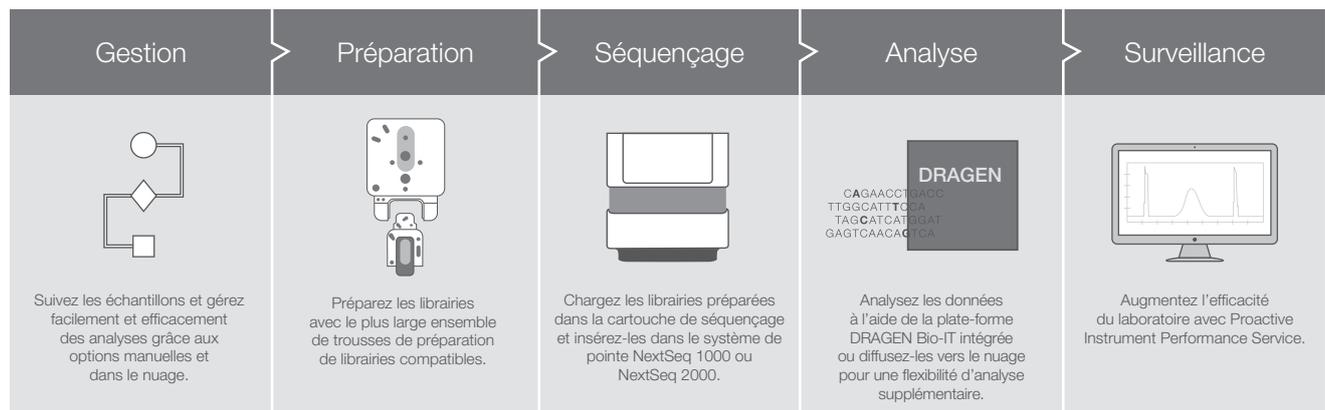


Figure 2 : Flux de travail intuitif de la librairie à l'analyse : les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 fournissent un flux de travail complet qui comprend une configuration conviviale de l'analyse, le plus large ensemble de trousseaux de préparation de librairie compatibles, un fonctionnement de chargement et de lancement ainsi que l'analyse secondaire intégrée.

Analyse simplifiée, options flexibles

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent un accès aux logiciels d'analyse intégrés, locaux et basés sur le nuage, offrant aux utilisateurs la flexibilité d'analyser les données d'une manière qui répond à leurs besoins.

Analyse rapide avec la plate-forme intégrée DRAGEN^{MC} Bio-IT

La plate-forme intégrée DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics (Analyse de lecture dynamique pour la GÉNomique)) Bio-IT offre une solution ultra-rapide et précise pour l'analyse secondaire. La plate-forme DRAGEN utilise des algorithmes optimisés et accélérés matériellement pour une grande variété de solutions d'analyse génomique, y compris la conversion de fichiers de définitions des bases (BCL), la compression, la cartographie, l'alignement, le tri, le marquage en double et l'appel de variants. De nouveaux pipelines seront disponibles pour diverses applications nouvelles et émergentes. La solution intégrée donne accès à certains pipelines informatiques DRAGEN (tableau 3), permettant aux utilisateurs de générer des résultats en aussi peu que deux heures. L'informatique DRAGEN utilise les meilleurs algorithmes de pipeline pour aider les utilisateurs novices et experts à surmonter les congestions dans l'analyse des données et à réduire les recours à des experts informatiques externes. Les utilisateurs passent moins de temps et d'efforts à exécuter des pipelines au niveau de la production et peuvent se concentrer davantage sur les résultats.

Un ensemble d'applications à partir de BaseSpace Sequence Hub

Les utilisateurs qui préfèrent utiliser une solution d'analyse sur le nuage peuvent le faire avec BaseSpace Sequence Hub, une plate-forme infonuagique de génomique qui offre aux chercheurs des outils de gestion des données simplifiés et de séquençage analytique dans un format convivial. À partir du nuage, les utilisateurs peuvent accéder à une large sélection d'outils de bioinformatique et partager des données à travers le monde. Les données générées à l'aide des systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont compatibles avec les formats standard de l'industrie pour permettre leur importation de façon pratique vers la solution de votre choix.

Tableau 3 : Bouton des pipelines de l'informatique DRAGEN intégré aux systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Pipeline ^a	Applications	Fonctionnalité clé
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> Séquençage d'un exome entier Reséquençage ciblé 	<ul style="list-style-type: none"> Alignement Appel des variants petits Modes germinale et somatique (tumeur seulement) Définition de variants structurels (VS) Fichiers de manifeste personnalisés
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> Expression génique du transcriptome entier Détection des fusions géniques 	<ul style="list-style-type: none"> Alignement Détection des fusions Expression génique Expression différentielle
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> Séquençage du transcriptome entier à cellule unique 	<ul style="list-style-type: none"> Codes à barres des cellules et correction des erreurs Alignement Expression génique Filtrage des cellules Rapports et visualisations de base
DRAGEN ORA ^b Compression	<ul style="list-style-type: none"> Compression des fichiers FASTQ 	<ul style="list-style-type: none"> Compression sans perte Réduction de la taille des fichiers de jusqu'à 5x
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> Séquençage du génome entier 	<ul style="list-style-type: none"> Alignement Appel des variants petits Appel de VS/VNC^c Expansion de répétition^c Régions d'homozygoté^c Génotypage CYP2D6^c
Amplicon DRAGEN ^d	<ul style="list-style-type: none"> Panels d'amplicons d'ADN Reséquençage ciblé 	<ul style="list-style-type: none"> Alignement Appel des variants petits Modes germinale et somatique (tumeur seulement)

a. D'autres pipelines de l'informatique DRAGEN sont disponibles dans le nuage; visitez illumina.com/DRAGEN pour une liste complète.
 b. ORA, archive des lectures d'origine
 c. Fonctionnalité disponible pour les génomes humains seulement; VNC, variant du nombre de copies
 d. Pris en charge pour les échantillons d'ADN seulement; disponible à partir de DRAGEN v3.8

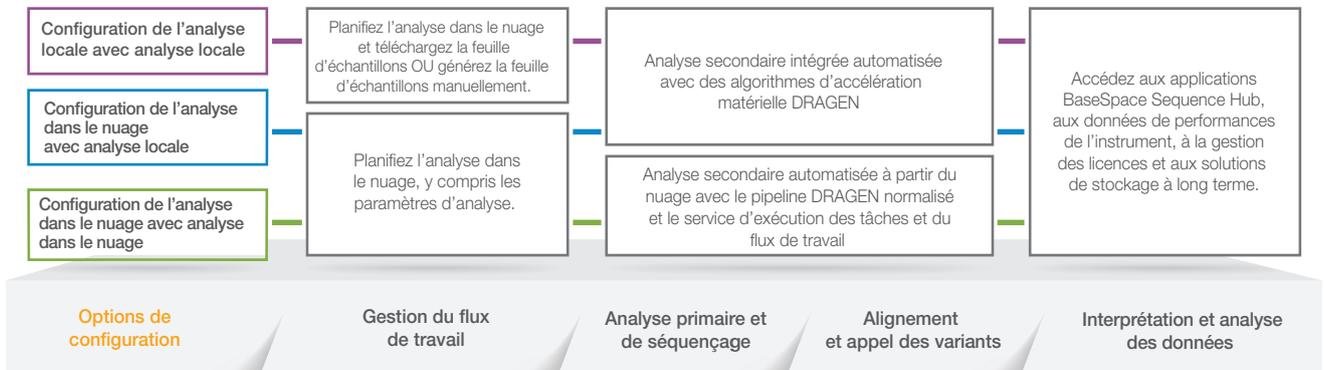


Figure 3 : Suite d'informatique flexible : les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent des options locales et sur le nuage pour la configuration de l'analyse, la gestion de l'analyse et l'analyse des données, permettant aux utilisateurs d'exécuter leur séquençage à leur façon.

Construction modulaire pour un support plus simple et plus rapide

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont construits en modules, simplifiant le service et le support. Les capteurs intégrés surveillent les performances du système et alertent les utilisateurs de tout problème possible. Le dépannage et les réparations sont plus faciles à réaliser pour l'ingénieur de service, ce qui permet de gagner du temps et de réduire la frustration.

Un service de classe mondiale pour plus de contrôle des échantillons et des temps d'arrêt réduits

Illumina Proactive est un service de soutien à la performance des instruments à distance et sécuritaire conçu pour détecter un risque de défaillance de façon préventive, dépanner les analyses plus efficacement et éviter les défaillances en cours d'analyse. Le service permet de minimiser les temps d'arrêt imprévus et d'éviter les pertes d'échantillon inutiles en anticipant les réparations et en alertant le personnel de service Illumina pour planifier des visites de maintenance.

La capacité de générer des avancées tout en ayant le support pour les réaliser

Pour vous aider à maximiser vos investissements, à assurer des performances optimales et à minimiser les interruptions, Illumina met à disposition une équipe d'assistance de renommée mondiale composée de scientifiques expérimentés qui sont experts dans la préparation de bibliothèques, le séquençage et l'analyse. Cette équipe dévouée comprend des techniciens d'assistance sur le 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 le séquençage de nouvelle génération ainsi que les applications que les clients d'Illumina exécutent à travers le monde entier. L'assistance technique est disponible par téléphone 5 jours par semaine ou vous pouvez accéder à l'assistance en ligne 24/7, de partout dans le monde et en plusieurs langues. Quoi qu'il en soit, les équipes d'assistance sont disponibles lorsque vous en avez besoin.

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. Nous sommes là, avec toutes les ressources dont vous avez besoin pour accélérer les progrès.

Rejoignez le plus grand écosystème de génomique au monde

Avec plus de 17 000 systèmes actifs, Illumina établit la norme pour les solutions de SNG. Rejoindre cette communauté donne accès à un grand ensemble d'applications, de protocoles et d'informatique qui ont été construits en collaboration avec des milliers de chercheurs et de visionnaires de l'industrie à travers le monde.

Adaptés pour le futur tout en augmentant l'efficacité aujourd'hui

Illumina a une expérience éprouvée de la production de solutions de génomique qui permettent aux chercheurs de réaliser des études au niveau du débit, à l'échelle et au prix correspondant à leurs objectifs de recherche. Avec deux systèmes et trois configurations de Flow Cell parmi lesquels choisir, les utilisateurs peuvent sélectionner le rendement de données nécessaire adapté à leurs besoins. Le système NextSeq 2000 offre des options de débit plus élevé pour répondre aux besoins des applications nouvelles et émergentes tout en réalisant une meilleure rentabilité pour les applications actuelles. Le système NextSeq 1000 a un débit plus bas que celui du système NextSeq 2000 et est disponible à un prix inférieur. Pour assurer une évolutivité flexible à l'avenir, les clients qui achètent un système NextSeq 1000 peuvent facilement passer au système NextSeq 2000.

Résumé

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 révolutionnent ce qui peut être accompli avec un système de séquençage de paillasse. Grâce à la technologie améliorée, la chimie de pointe, les flux de travail simplifiés et l'analyse secondaire intégrée, les chercheurs auront une flexibilité sans précédent pour chercher, et découvrir, plus.

En savoir plus

Systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000, illumina.com/NextSeq2000

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
Mise à niveau de NextSeq 1000 vers 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

Spécifications des systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Spécifications
<p>Configuration de l'instrument Instrument sec et autonome avec analyse secondaire de réseau prédéfini programmable par l'utilisateur (FPGA) DRAGEN Bio-IT intégrée</p>
<p>Ordinateur de commande de l'instrument Unité de base : microserveur 2U situé à l'intérieur de l'instrument Mémoire vive : 288 Go Disque dur : 3,8 To, SSD Système opérateur : Linux CentOS 7.6</p>
<p>Environnement de fonctionnement Température : 15 °C à 30 °C Humidité : humidité relative de 20 % à 80 %, sans condensation Altitude : de 0 à 2 000 mètres Réservé à un usage en intérieur</p>
<p>Laser Longueurs d'ondes : 449 nm, 523 nm, 820 nm Sécurité : produit laser de classe 1</p>
<p>Dimensions L × P × H : 60 cm × 65 cm × 60 cm Poids : 141 kg Dimensions de la caisse Caisse L × P × H : 92 cm × 120 cm × 118 cm Poids avec emballage : 232 kg</p>
<p>Exigences d'alimentation Tension d'entrée de l'instrument : 100 V CA à 240 V CA Fréquence d'entrée de l'instrument : 50/60 Hz</p>
<p>Bande passante pour la connexion réseau 200 Mb/s par instrument pour les téléversements à l'intérieur du réseau 200 Mb/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub 5 Mb/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument</p>
<p>Sécurité et conformité du produit Certifié NRTL CEI Certifié CE 61010-1 Conforme FCC/IC</p>



Illumina • + (1) 800 809 4566 numéro sans frais (États-Unis) •
Tél. : + (1) 858 202 4566 • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

© 2021 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-NA-00008 FRA v3.0