

NextSeq™ 500 システム 全ゲノムシーケンス (WGS) ソリューション

あらゆる生物種を対象に、利用しやすく質の高い全ゲノムシーケンスソリューションを提供

特長

- 高品質、高いゲノムカバレッジ**
 イルミナのケミストリーは、最高のリード品質とアライメント能力を発揮し、GC 含量の高い領域でも最高のカバレッジを取得
- 現在と将来にわたり限りのないゲノムデータの活用**
 新しい発見がされるたびに豊富なデータセットを繰り返し利用することが可能
- 拡張性のある、お手頃な全ゲノムシーケンス**
 お客様のラボで、複雑なゲノムの迅速かつ経済的なシーケンスを実現
- 簡単に利用しやすいデータ解析・保存ソリューション**
 ユーザーフレンドリーなインフォマティクスツールの豊富なエコシステムにより、データを解析・解釈
- イルミナのトータルサポート**
 イルミナのサイエンティストとエンジニアが、据付け、トレーニング、アプリケーションおよびデータ解析など、あらゆる段階でサポートを提供

図 1 : NextSeq 500 システム
サンプル調製から結果取得までの全ゲノム
シーケンスワークフロー

サンプル調製 5 時間のハンズオン	シーケンス 10 分間のハンズオン	解析 5 分間の ハンズオン オンサイトまたは クラウド	共有 安全でかつ 容量無制限の ストレージ
6 時間	29 時間	12 時間/サンプルあたり	同時にアクセス

NextSeq 500 システムの簡便なワークフローによって、高精度なシーケンスデータを産出します。データ解析にアライメントと変異コールが含まれます。

データ解析は、アライメントや変異コール、アノテーションなどを、イルミナのゲノミクスコンピューティング環境の BaseSpace® で行うことができます。NextSeq 500 システムは、業界をリードするイルミナ NGS ワークフローを利用しているため、世界最大規模の市販およびオープンソースのデータ解析ソフトウェアツールを利用できます (図 2)。

NextSeq 500 システムは、さまざまなアプリケーションに柔軟に対応できるため、研究者は容易に次のシーケンスプロジェクトに移行できます (図 3)。このシステムは、業界で最も幅広い製品ラインナップを持つイルミナのライブラリー調製キットおよびサードパーティ品と完全な互換性があるため、イルミナ全ゲノム、エクソームおよび RNA-Seq シーケンスの間の移行を容易にします。例えば全ゲノムシーケンスの結果をエクソームシーケンスでフォローアップすることで、ゲノムのコーディング領域について、より高深度のカバレッジや、稀な変異のコールが得られます。また、全ゲノムシーケンスと RNA-Seq を組合せて、同定されたコーディング領域や非コーディング領域に存在する変異が、転写産物

はじめに

NextSeq 500 システムの全ゲノムシーケンスソリューションにより、研究者や臨床専門家は、あらゆる生物種の全ゲノムを経済的に探索して、生物学的により深い知見を得ることができます。このソリューションは、世界的に全ゲノムシーケンスの大部分を占める業界標準のイルミナ次世代シーケンサー (NGS) テクノロジーを採用しているため、最高のデータ品質と最高のカバレッジが得られ、ゲノムのコーディング領域や非コーディング領域における変異を同定できます。高品質ライブラリー調製キットは、少ない必要サンプル量、バイアスのないカバレッジ、および迅速なワークフローになるよう最適化されています。NextSeq 500 システムの全ゲノムシーケンスソリューションにより、研究者は、ボタン操作によるシーケンス、簡便なデータ解析、および最短のハンズオン時間により、単純な原核生物や複雑な真核生物のゲノムのデータを迅速かつ効率的に得ることができます。

迅速で効率的な全ゲノムシーケンスワークフロー

NextSeq 500 システムの全ゲノムシーケンスワークフローは、あらゆるゲノムの特徴付けを可能にする簡便で迅速な、統一したソリューションを提供します (図 1)。このワークフローでは、まず、TruSeq® サンプル調製キットを用いた効率的なライブラリー調製を実施します。NextSeq 500 システム用の 2 種類のフローセルおよび付属の試薬キットにより、20Gb ~ 120Gb のデータが得られるため、研究者は原核生物および真核生物のゲノムサイズに合ったシーケンス出力結果を得ることができます。

図 2 : NextSeq 500 シーケンスシステム



NextSeq 500 システムは、1 塩基合成 (SBS) ケミストリーの最新の技術と業界で最も簡便なワークフローを活用しています。

図 3: NextSeq 500 システムのデータ保存と解析
BaseSpace クラウドにおけるデータ

NextSeq 500 システムデータは、確実かつスムーズに BaseSpace クラウドにアップロードでき、データの解析および保存が迅速かつ経済的に行えます。

BaseSpace で簡便なバイオインフォマティクス

イルミナは、典型的なインフォマティクスを持つ複雑なワークフローの多くを削減しました。NextSeq 500 システムで得られた塩基情報は、BaseSpace (クラウドまたはオンサイト) へ迅速かつ安全に転送、保存および解析され、アノテーションされた変異情報をイルミナ Isaac パイプライン 1 を用いればわずか 12 時間、業界標準の BWA/GATK を用いれば 45 時間で得られます。NextBio (イルミナ社) の解析ツールを用いれば、変異情報へのアノテーション付け、絞り込みをかけることができます。同様に、他の分子的データや表現型データとしてゲノムデータを統合・解析を行うことが可能です。カバレッジに関する統計情報、アノテーションされた SNP、Indel などの解析結果が、直観的で容易に解釈できるレポートとして提示されます。

BaseSpace 環境には、BaseSpace アプリが含まれます。これは、可視化、解析および共有のためのソフトウェアソリューションのためのコミュニティで、現在も拡大を続けています。イルミナ NGS テクノロジーは最も確立され、広く採用されているシーケンス

イルミナコミュニティに参加しよう

NextSeq 500 システムをラボに導入することで、イルミナテクノロジーを用いて研究をしている 6 万人以上の研究者からなる世界的なコミュニティに参加できます。イルミナは年間を通じてコミュニティイベントを開催しており、研究者が互いのアイデアを共有できる機会を提供しています。ユーザーグループミーティング、科学シンポジウムおよびブログフォーラムでは、新しい研究手法や画期的な研究を議論する場を提供します。

イルミナコミュニティを支えるのは、当社の専門サービスサポートチームです。世界で 300 名以上からなり、そのうちの 75% は修士または博士号取得者です。NextSeq 500 システムが納品された時点から、イルミナの技術サポートが始まります。イルミナのサイエンティストやエンジニアがシステムの据付けやセットアップ、およびラボスタッフを対象としたトレーニングを行います。こうしたスタッフは、グローバルに毎日 24 時間週 7 日体制で、あらゆる段階における質問に回答するため、研究者は安心して次の研究に集中できます。

研究者のニーズが変わるにつれて、新しいシステムがラボに導入されたり、新しい手法に取り組んだりしますが、イルミナのサポートおよびトレーニングチームはいつでも支援をいたします。現場でのサポートに加え、トレーニングコース (ウェビナーを介して、またはイルミナの施設にて) も利用できるため、ラボスタッフはすぐに習得することができます。

リユースであるため、研究者は最も豊富な全ゲノムシーケンス解析ソフトウェアを利用することができます。BaseSpace は、その直観的なユーザーインターフェースと、様々なサードパーティのツールやアプリを集約したエコシステムを通じて、生データから生物学的に意味のある結果を得ることができます。

NextSeq 500 システム性能パラメータ[†]

フローセル構成	リード長 (bp)	出力 (Gb)	ラン所要時間	データ品質	必要なサンプル量
高出力フローセル	150 × 2	100–120	29 時間	Q30 以上の塩基が 75% 以上	TruSeq [®] サンプル調製キットを用いた場合、100ng ~ 1µg。
シングルリードで最高 400M	75 × 2	50–60	18 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	
ペアエンドリードで最高 800M	75 × 1	25–30	11 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	
中出力フローセル	150 × 2	32–39	26 時間	Q30 以上の塩基が 75% 以上	
シングルリードで最高 130M	75 × 2	16–19	15 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	
ペアエンドリードで最高 260M					

[†] 全所要時間は、NextSeq 500 システムでのクラスター形成、シーケンスおよびベースコールを含みます。インストール仕様は、サポートされたクラスター濃度 (フィルター通過した 129 ~ 165k/mm² のクラスター) におけるイルミナ PhiX コントロールライブラリーを基にしています。実際の性能パラメータは、サンプルタイプ、サンプル品質およびフィルター通過したクラスターにより変わることがあります。Q30 を超えるベースの割合 (%) は、ラン全体にわたる平均値です。

まとめ

NextSeq 500 システムの全ゲノムシーケンスソリューションは、最高のデータ品質と精度をもたらすため、全ゲノムの特徴付けと探索に利用できます。この高スループットのデスクトップ型シーケンサーは、ハンズオン時間を最短にした効率的なワークフローにより、あらゆる生物種の全ゲノムシーケンスを経済的に行えます。BaseSpace における統合型データ解析は、数多くの市販およびオープンソースソフトウェアツールを備えているため、新しい発見がされたときも、研究者は現在および将来にわたり豊富な NextSeq 500 システム全ゲノムシーケンスデータセットを解析に利用することができます。

詳細情報

次なる革新的全ゲノムシーケンスシーケンスの詳細については、http://www.illumina.com/products/bytype/nextseq_500_sequencing/whole_genome_sequencing.ilmn をご覧ください。

参考文献

1. <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/early/2013/06/04/bioinformatics.btt314>

製品情報

製品名	カタログ番号
NextSeq 500 シーケンスシステム	SY-415-1001
出力キット製品名	カタログ番号
NextSeq 500 Mid Output Kit (150cycles)	FC-404-1001
NextSeq 500 Mid Output Kit (300cycles)	FC-404-1003
NextSeq 500 High Output Kit (75cycles)	FC-404-1005
NextSeq 500 High Output Kit (150cycles)	FC-404-1002
NextSeq 500 High Output Kit (300cycles)	FC-404-1004
NextSeq 500 Mid Output Kit v2 (150cycles)	FC-404-2001
NextSeq 500 Mid Output Kit v2 (300cycles)	FC-404-2003
NextSeq 500 High Output Kit v2 (75cycles)	FC-404-2005
NextSeq 500 High Output Kit v2 (150cycles)	FC-404-2002
NextSeq 500 High Output Kit v2 (300cycles)	FC-404-2004

NextSeq 500 システム仕様

装置の構成

RFIDトラッキング機能付きの試薬消耗品

装置コントロールコンピューター (内蔵) §

ベースユニット: Dual Intel Xeon E5-2448L 1.8GHz CPU

メモリー: 96GB RAM

ハードドライブ: 750GB

オペレーションシステム: Windows 7 標準

§ コンピューターの仕様更新されることがあります。

動作環境

温度: 19°C ~ 25°C (22°C ± 3°C)

湿度: 20% ~ 80% (相対湿度)、結露なきこと

高度: 2,000m (6,500ft) 以下

空気質: 汚染度評価 II

換気: 最大 2,048BTU / 時 (600W)

屋内で使用のこと

発光ダイオード (LED)

520NM、650NM: レーザーダイオード: 780 NM、クラス IIIB

寸法

幅 × 奥行き × 高さ: 58.5cm × 53.4cm × 63.5cm
(23.0in × 21.0in × 25in)

重量: 83kg (183lbs)

木箱重量: 151.5kg (334lbs)

所要電力

100 ~ 120VAC 15A

無線自動識別装置 (RFID)

周波数: 13.56MHz

電源: 供給電流 120mA、RF 出力 200mW

製品安全性

NRTL 認証 IEC 61010-1

CE マーク

FCC/IC 認証

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階

Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810

www.illumina.com

www.facebook.com/illumina

代理店

本製品の使用目的は研究に限定されます。 販売条件: www.illumina.com

© 2015 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, IlluminaDx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPRO, DASL, Design Studio, GAllx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NextSeq, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, VeraCode, the pumpkin orange color, the Genetic Energy streaming bases design は、Illumina, Inc. の商標または登録商標です。その他の会社名や商品名は、各社の商標または登録商標です。予告なしに仕様および価格を変更する場合があります。

Pub. No. 770-2013-J049 20FEB2015

illumina