

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
- 簡単で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ッ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



NextSeq 500 システムの簡単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ドが含まれます。

データ解析は、アライメントや変異コード、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ので、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プ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、稀な変異のコードが得られます。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

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単なワークフローを活用しています。

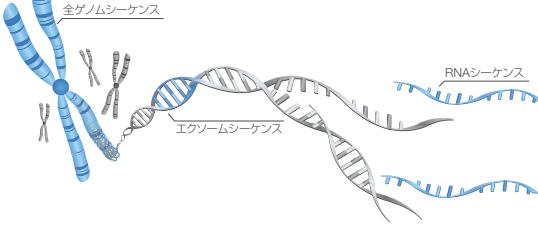
はじめに

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3: NextSeq 500システムシーケンスアブリケーション



アプリケーションへとスムーズに移行することができます。

イルミナのターゲットにフォーカスしたシーケンスソリューションを幅広く利用することで、あらゆるシーケンスアプリケーションで発見された変異を検証することもできます。

イルミナは、さまざまなサンプルタイプおよび

した多数のサンプル調製キットを提供しています。これらのキットはイルミナシステム用に開発され、テストされたものであり、サンプル調製に必要なものはすべて含みます。TruSeq DNA サンプル調製キットは、ハンズオン時間が最短で済み、迅速で効率的なワークフローにより卓越したデータ品質をもたらします（表 1）。

TruSeq サンプル調製キットは、NextSeq 500 システムを用いた

サンプルワード、ペニアエトおよびインアップス付を一ノ分のためのライブラリー作成に用いることができます。TruSeq DNA PCR フリーサンプル調製キットは、全ゲノムシーケンスアプリケーション用に最適化され、優れたカバレッジ特性が得られます。PCR 増幅の段階を除くことにより、ライブラリーバイアスおよびカバレッジギャップが大幅に低減し、GC 含量の多い領域のカバレッジが向上します。TruSeq Nano DNA サンプル調製キットは、DNA の必要サンプル量が少なくなるように最適化され（100ng 程度）、簡単なビーズでのサイズ選択を採用しているため、ゲルでのサイズ選択に伴うサンプルロスが低減します。

NextSeq 500 システムは、デスクトップ型シーケンサーの簡易性を備えた高スループットシーケンスの能力を発揮するため、研究

は全ゲノムシーケンス研究を1ゲノムから数百ゲノムへと拡大できます。NextSeq 500 システムの 20Gb～120Gb を出力する2種類のシーケンスマード、および付属の試薬により、全ゲノムシー

表1：イルミナ全ケノムシーケンスサンプル調製キット

仕様	TruSeq DNA PCR フリー	TruSeq Nano DNA
サンプル DNA 入力タイプ	ゲノム DNA	ゲノム DNA
全ゲノムシーケンス アプリケーション	ヒトまたは他の 大きな複雑なゲノム	ヒトまたは他の 大きな複雑なゲノム
DNA インプット量	1 ~ 2μg	100 ~ 200ng
典型的なインサート サイズ中央値	350bp	350bp
サポートリード長	全リード長	全リード長
DNA ライブライマー	シングル、 ペアエンドおよび インデックスシーケンス	シングル、 ペアエンドおよび インデックスシーケンス
アッセイ時間	約 6 時間	約 6 時間
ハンズオン時間	約 4 時間	約 5 時間

で最適化できます。このデスクトップシステムは、研究者が求める高いデータ品質を備えた経済的なヒト全ゲノム解析を1回のランで実現します。NextSeq 500 システムはイルミナ次世代シーケンサー技術を活用しており、75% を超える塩基配列について Q30* 超という業界屈指のシーケンス精度が得られます。

NextSeq 500 システムは、将来的に再解析が可能な豊

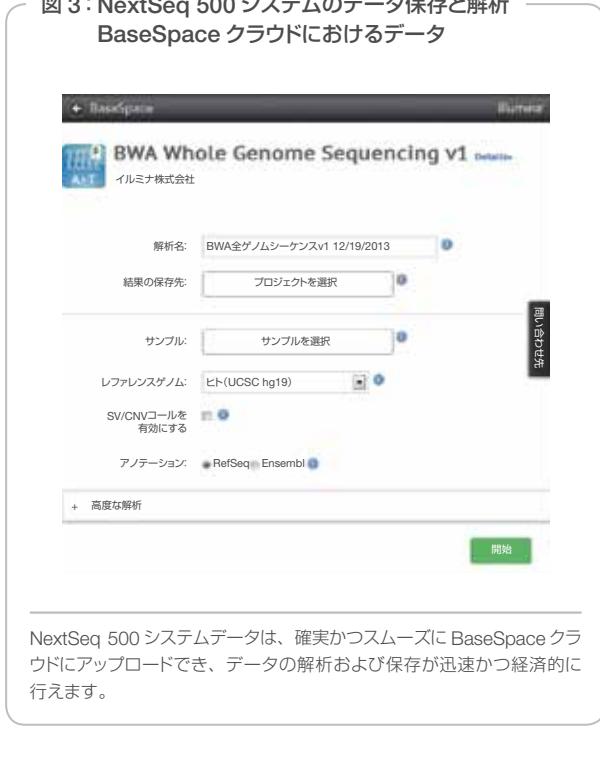
が得られるため、新たに遺伝子変異が発見されるような最新のゲノムの知見が得られます。このシステムは、最も解析困難な領域（GC 含量の多い領域、ホモポリマー）でさえもシーケンスできるため、ゲノムの特徴を明らかにするために必要なデータの出力と品質を実現します。NextSeq 500 システムでのペアエンドシーケンスは、さらに大きな分解能をもたらし、疾患の原因となる欠失、重複および大規模なコピー数多型といった構造多型を検出できます。

られたデータを他のイルミナシステムで行われた研究のデータと比較・統合することができます。例えば、NextSeq 500 システムから産出した全ゲノムシーケンスデータと、イルミナ MiSeq® システムで行われたフォローアップ研究のデータ、またはイルミナ HiSeq® システムを用いて行った大規模全ゲノムシーケンス研究のデータと統合することができます（表 2）。

イルミナシーケンスシステム

NextSeq 300 システム	高出力フローセル (400M)	2 × 150bp	120Gb	30× ヒトゲノム 1 サンプル
HiSeq 2500 システム	Rapid ランモード	2 × 100bp	100–120Gb	30× ヒトゲノム 1 サンプル
	高出力モード	2 × 125bp	900Gb–1Tb	30× ヒトゲノム 8 サンプル

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



イルミナは、典型的なインフォマティックスが持つ複雑なワークフ

塩基情報は、BaseSpace（クラウドまたはオンライン）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、直観的に容易に解釈できるレポートとして提示されます。

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ソリューションです。

フローセル構成

高出力フローセル シングルリードで最高 400M ペアエンドリードで最高 800M	75 × 2	50–60	18 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上
	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 シングルリードで最高 130M ペアエンドリードで最高 260M	150 × 2	32–39	26 時間	Q30 以上の塩基が 75% 以上
	75 × 2	16–19	15 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上

オルミナコミュニティに参加しよう

NextSeq 500 フロアムをフルに導入することで、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。

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。

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。

大解剖ソフトウェアと連携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。

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.illuminakk.co.jp/applications/sequencing/dna_sequencing/whole_genome_sequencing.ilmn をご覧ください。

参考文献

- <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.illuminakk.co.jp

 www.facebook.com/illuminakk

本製品の使用目的は研究に限定されます。販売条件：www.illuminakk.co.jp/tc

© 2015 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, IlluminaDx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPro, DASL, Design Studio, GAIx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NextSeq, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, TruSight, 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

代理店

