

# Sistemi di sequenziamento NextSeq™ 1000 e NextSeq 2000

Scoprite le nuove ed emergenti applicazioni dotate di efficienza più elevata e di minori limitazioni.

## Punti principali

- **Guardate al futuro sfruttando le efficienze di oggi**

Una piattaforma innovativa e scalabile che consente investigazione più approfondita, studi più ampi e risoluzione superiore su un sistema da banco

- **La soluzione che vi consente di fare scoperte e il supporto per sostenerle**

Un sistema a elevata processività ed efficiente in termini di costi che offre risultati accurati per le applicazioni emergenti sempre più complesse

- **Massimizzate il tempo e le risorse grazie a un'esperienza intuitiva**

Un sistema di facile utilizzo e informatica integrata semplificano il flusso di lavoro e l'analisi, rendendo la tecnologia NGS accessibile a novizi e utenti esperti



Capacità superiore per esplorazione più approfondita e scoperte rivoluzionarie grazie a una significativa riduzione dei costi del sequenziamento, a flussi di lavoro semplificati che riducono al minimo l'esigenza di ulteriori risorse e a una maggiore flessibilità per supportare applicazioni nuove ed emergenti.

Grazie alle innovazioni offerte dal sequenziamento di nuova generazione (Next-Generation Sequencing, NGS) la comunità genomica è in grado di porsi domande, e dare risposte, su quesiti scientifici sempre più complessi. In ambito oncologico, di ricerca del microbioma, degli studi di singole cellule e di altre applicazioni emergenti, i ricercatori hanno bisogno di un sequenziamento efficace per sviluppare studi più ampi su un numero di campioni più ampio a una profondità di sequenziamento superiore e a costi più bassi.

L'impegno di Illumina nel supportare questa espansione nella ricerca consente l'esplorazione del genoma, del trascrittoma e dell'epigenoma fornendo agli utenti tecnologia e sistemi dotati di progressi innovativi. Negli ultimi 20 anni, il lavoro di Illumina è stato dedicato a migliorare le funzionalità del sequenziamento sull'intero flusso di lavoro, facilitandone l'utilizzo e riducendone i costi. Questa tradizione prosegue con i sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 (Figura 1) (Tabella 1). Queste piattaforme hanno cambiato lo scenario offrendo sistemi dal design all'avanguardia, innovazioni nella chimica e compatibilità grazie a un'ampia gamma di opzioni per la preparazione delle librerie e informatica integrata sullo strumento che consente una rapida analisi secondaria.

**Il risultato:** i sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Illumina sono piattaforme scalabili che supportano la ricerca di oggi e di domani.

**Figura 1: Sistema di sequenziamento NextSeq 2000:** il più recente sistema NGS Illumina che offre design innovativo, chimica avanzata, bioinformatica semplificata e un flusso di lavoro intuitivo per la più ampia gamma di applicazioni su un sistema di sequenziamento da banco.



Tabella 1: Parametri delle prestazioni dei sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e 2000

Lunghezza lettura	Reagenti NextSeq 1000/2000 P2	Reagenti NextSeq 2000 P3
<b>Output per cella a flusso<sup>a</sup></b>		
1 × 50 bp (solo P3)		55 Gb
2 × 50 bp	40 Gb	110 Gb
2 × 100 bp	80 Gb	220 Gb
2 × 150 bp	120 Gb	330 Gb
Lecture CPF	400 milioni	1,1 miliardi
<b>Punteggi qualitativi<sup>b</sup></b>		
2 × 50 bp	oltre l'85% delle basi con punteggio superiore a Q30	
2 × 100 bp	oltre l'80% delle basi con punteggio superiore a Q30	
2 × 150 bp	≥ 75% delle basi con punteggio superiore a Q30	
<b>Durata della corsa</b>		
1 × 50 bp		circa 11 ore
2 × 50 bp	circa 13 ore	circa 19 ore
2 × 100 bp	circa 21 ore	circa 33 ore
2 × 150 bp	circa 29 ore	circa 48 ore

a. Le specifiche per gli output si basano su una singola cella a flusso utilizzando la libreria del campione di controllo PhiX Illumina a densità cluster supportate. CPF = cluster che attraversano il filtro.

b. I punteggi qualitativi si basano sull'utilizzo di una libreria di controllo PhiX Illumina. Le prestazioni possono variare in base al tipo e alla qualità della libreria, alla dimensione dell'inserito, alla concentrazione di caricamento e ad altri fattori sperimentali.

## Più scoperte grazie ai nostri sistemi da banco all'avanguardia

I sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sfruttano le ultime innovazioni nell'ottica, nel design dello strumento e nella chimica dei reagenti per ridurre al minimo il volume della reazione di sequenziamento aumentando al contempo l'output e riducendo i costi per corsa. Gli utenti dispongono oggi di un sistema di sequenziamento da banco che consente di ottenere la processività, la qualità dei dati e i costi necessari per ampliare la dimensione e lo scopo dei propri studi.

## Maggiore output grazie alla nostra visione più intuitiva

I sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 utilizzano celle a flusso preconfigurate (patterned) simili a quelle utilizzate dal sistema NovaSeq™ 6000. Il risultato è un sistema da banco altamente flessibile e scalabile che offre la cella a flusso dotata della più elevata densità dei cluster rispetto a qualsiasi sistema NGS attualmente disponibile sul mercato, facendo scendere il costo per gigabase (Gb) della corsa di sequenziamento.

Per sfruttare al massimo queste celle a flusso a elevata densità, i sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 offrono un innovativo sistema ottico dotato di straordinaria risoluzione in grado di ottenere dati di imaging altamente accurati, risoluzione superiore e sensibilità più elevata rispetto ai tradizionali sistemi da banco. La reazione di sequenziamento così ridotta permette di scalare in base a diverse quantità di output mantenendo al contempo gli stessi standard elevati della qualità dei dati di cui hanno fruito gli utenti del sistema NextSeq 550.

## Elevata qualità dei dati e inferiori costi per corsa grazie alla migliorata chimica dei reagenti

Grazie alla nostra decennale esperienza, i sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 utilizzano la nuova generazione di chimica di sequenziamento mediante sintesi (Sequencing By Synthesis, SBS) leader nel settore, ottimizzata per aumentare la nitidezza dei cluster, ridurre le interferenze tra i canali e migliorare il rapporto segnale-rumore. Grazie a questo avanzamento e alla formulazione migliorata è stata ridotta la dimensione dell'attuale reazione; in questo modo i reagenti NextSeq 1000/2000 consentono di ottenere dati di elevata qualità e una riduzione complessiva nel volume e negli scarti dei reagenti, riducendo al minimo i requisiti di conservazione fisica. Inoltre, la migliorata robustezza e stabilità consentono la spedizione a temperatura ambiente della cella a flusso.

## Protagonista di studi rivoluzionari grazie a funzionalità più ampie

Grazie a risultati accurati e veloci, alla possibilità di generare da 20 Gb a 330 Gb di dati e a opzioni informatiche flessibili, i sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sono l'ideale per un'ampia gamma di applicazioni (Tabella 2) dall'oncologia, alle malattie genetiche, alla salute riproduttiva, alla genomica e altro. Aggiungete un solido supporto esperto e i laboratori sono pronti per il carico di lavoro di oggi e per le applicazioni emergenti di domani.

**Tabella 2:** Alcune delle ulteriori applicazioni disponibili sui sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Applicazione	Reagenti NextSeq 1000/2000 P2		Reagenti NextSeq 2000 P3	
	N. di campioni	Durata	N. di campioni	Durata
Sequenziamento dell'intero genoma piccolo (300 cicli) 130 Mb genoma; > 30× copertura	30	circa 29 ore	82	circa 48 ore
Sequenziamento dell'intero esoma (200 cicli) 50× copertura media sul target; 90% di copertura sul target a 20×	16	circa 21 ore	44	circa 33 ore
Single-cell RNA-Seq (100 cicli) 4mila celle, 50mila letture/cella	2	circa 13 ore	5	circa 19 ore
Analisi miRNA-Seq o RNA piccolo (50 cicli) 11 milioni letture/campione			96	circa 11 ore

## Un flusso di lavoro efficace e semplificato trainato da un sistema integrato e informatica avanzata

Per Illumina, l'esperienza del cliente è al centro di ogni innovazione per semplificare il più possibile la preparazione dei campioni, il sequenziamento e l'analisi dei dati. Gli utenti novizi ed esperti possono avvalersi dei sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 che offrono un flusso di lavoro semplificato, un sistema "carica e vai" e informatica avanzata (Figure 2 e 3).

### Semplice piattaforma basata su cartuccia

I sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sfruttano una cartuccia integrata che include i reagenti, la fluidica e il supporto per gli scarti per semplificare il caricamento delle librerie e l'utilizzo degli strumenti. È sufficiente scongelare la cartuccia di reagenti, inserire la cella a flusso nella cartuccia, caricare la libreria nella cartuccia e inserire la cartuccia assemblata nello strumento.

Oltre alla semplicità, il design della cartuccia completamente integrata migliora l'efficienza per tutta la durata della corsa di sequenziamento. La riduzione di molte reazioni di sequenziamento permette al design unico di offrire:

- Costi di sequenziamento ridotti
- Riciclabilità migliorata e volume di scarto ridotto al minimo

### Opzioni flessibili per impostare la corsa

Gli utenti possono impostare una corsa in laboratorio o sul cloud. Per l'impostazione in laboratorio, gli utenti possono creare il proprio foglio campioni o sfruttare un conveniente modello preimpostato da Illumina. L'impostazione basata sul cloud utilizza l'applicazione Run Planner in BaseSpace™ Sequence Hub. Quando le informazioni sulle impostazioni della corsa sono pronte, queste vengono importate nei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Quindi gli utenti selezionano e avviano la corsa di interesse. Rispetto ai sistemi da banco precedenti, il software dello strumento è ottimizzato e fornisce una semplice interfaccia con schermate facili da leggere, metriche della corsa semplici da capire, visualizzazione dello strumento e stato della corsa migliorati. I formati di file per gli output dei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sono standard nel settore e sono utilizzati da diversi sistemi per la gestione delle informazioni del laboratorio (Laboratory Information Management System, LIMS) per il monitoraggio dei campioni e la gestione delle informazioni in modo sicuro e automatizzato.

### Analisi semplificata, opzioni flessibili

I sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 offrono accesso a software di analisi integrati disponibili in laboratorio o sul cloud, per analizzare i dati in modo flessibile e soddisfare le esigenze dei clienti.

**Figura 2: Flusso di lavoro intuitivo dalla libreria all'analisi:** i sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 forniscono un flusso di lavoro completo che include semplice impostazione della corsa, il più ampio ecosistema di kit di preparazione delle librerie compatibili, funzionamento "carica e vai" e analisi secondaria integrata sullo strumento.



### Analisi veloce con la piattaforma integrata DRAGEN™ Bio-IT

La piattaforma DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics, analisi dinamica delle letture per genomica) Bio-IT è integrata e offre una soluzione per l'analisi secondaria ultra veloce e accurata. La piattaforma DRAGEN utilizza algoritmi ottimizzati e accelerati da hardware per un'ampia gamma di soluzioni di analisi genomiche, inclusi conversione, compressione, BCL, mappatura, allineamento, ordinamento, marcatura dei duplicati e identificazione delle varianti. Le nuove pipeline saranno disponibili per diverse applicazioni nuove ed emergenti. La soluzione integrata consente di accedere a determinate pipeline informatiche DRAGEN (Tabella 3) e di generare risultati in appena due ore. Il sistema informatico DRAGEN utilizza i migliori algoritmi per aiutare utenti novizi ed esperti a superare le difficoltà dell'analisi dei dati riducendo il bisogno di affidarsi a esperti informatici esterni. Gli utenti possono così sprecare meno tempo e sforzi nella gestione delle pipeline a livello di produzione e concentrarsi invece sui risultati ottenuti.

### Un ecosistema di applicazioni in BaseSpace Sequence Hub

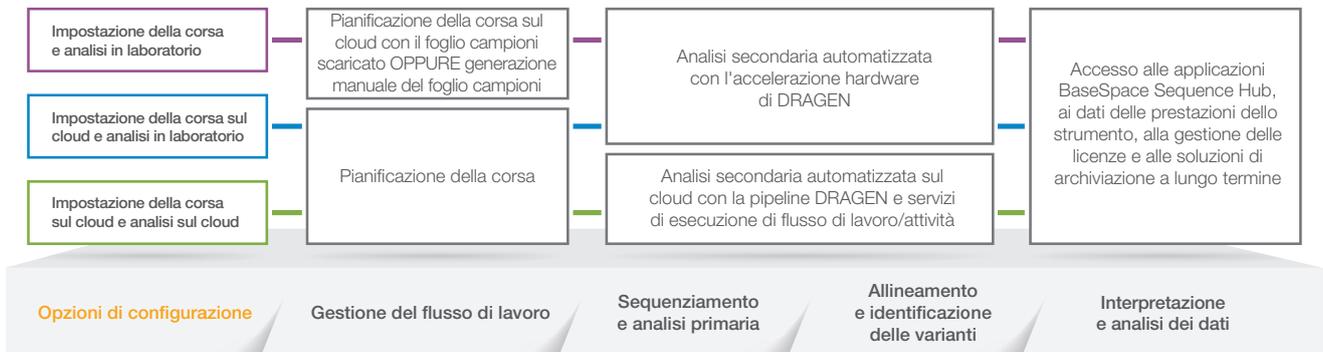
Gli utenti che preferiscono utilizzare una soluzione di analisi sul cloud possono utilizzare BaseSpace Sequence Hub, una piattaforma di calcolo per genomica sul cloud che offre, direttamente ai ricercatori, un formato di facile utilizzo per la gestione semplificata dei dati e strumenti di sequenziamento analitico. Sul cloud, gli utenti hanno a disposizione un'ampia selezione di strumenti bioinformatici per condividere i dati in tutto il mondo. I dati generati dai sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 sono compatibili con i formati standard del settore per poterli importare facilmente nella soluzione scelta.

**Tabella 3:** La semplice pipeline informatica DRAGEN è integrata nei sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Pipeline <sup>a</sup>	Applicazioni	Funzionalità principale
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> <li>Sequenziamento dell'intero esoma</li> <li>Risequenziamento mirato</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Allineamento</li> <li>Identificazione di varianti piccole</li> <li>Identificazioni di varianti somatiche</li> <li>Identificazione SV/CNV<sup>b</sup></li> <li>File manifest personalizzati</li> </ul>
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>Espressione genica dell'intero trascrittoma</li> <li>Rilevamento della fusione genica</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Allineamento</li> <li>Rilevamento della fusione</li> <li>Espressione genica</li> </ul>
DRAGEN Single-cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>Sequenziamento dell'intero trascrittoma di singola cellula</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Codici a barre delle cellule e correzione dell'errore</li> <li>Allineamento</li> <li>Espressione genica</li> <li>Filtraggio delle cellule</li> <li>Report di base e visualizzazione</li> </ul>
DRAGEN Compression	<ul style="list-style-type: none"> <li>Compressione di file FASTQ</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Compressione senza perdita</li> </ul>
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> <li>Sequenziamento dell'intero genoma</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Allineamento</li> <li>Identificazione di varianti piccole</li> <li>Identificazione SV/CNV</li> </ul>

a. Sul cloud sono disponibili ulteriori pipeline informatiche DRAGEN; per un elenco completo, visitate la pagina Web [www.illumina.com/DRAGEN](http://www.illumina.com/DRAGEN).  
 b. SV = variante strutturale; CNV = variante del numero di copie.

**Figura 3:** Suite informatica flessibile: i sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 dispongono di opzioni in laboratorio e sul cloud per l'impostazione della corsa, la gestione della corsa e l'analisi per consentire agli utenti di eseguire il proprio sequenziamento nel modo che desiderano.



## Architettura modulare per un supporto più facile e veloce

I sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000 presentano un'architettura modulare che semplifica il servizio e il supporto. I sensori integrati monitorano le prestazioni del sistema e avvisano gli utenti in caso di possibili problemi. In questo modo viene semplificata la risoluzione dei problemi e le riparazioni da parte degli ingegneri dei servizi che consentono così di risparmiare tempo e ridurre frustrazioni.

## Servizio all'avanguardia per un maggiore controllo dei campioni e una riduzione dei tempi di fermo

Il servizio proattivo Illumina è un servizio di supporto delle prestazioni del sistema sicuro e a distanza progettato per rilevare in anticipo il rischio di un guasto, per risolvere i problemi delle corse in modo più efficiente e per impedire fallimenti durante la corsa. Il servizio contribuisce a ridurre al minimo i tempi di fermo non programmati e a evitare perdite di campione non necessarie anticipando le riparazioni e avvertendo il personale Illumina al fine di programmare visite di manutenzione.

## Le vostre scoperte con il supporto per sostenerle

Per contribuire a massimizzare l'investimento, supportare le prestazioni durante i picchi di lavoro e per ridurre al minimo le interruzioni, Illumina fornisce un team di supporto all'avanguardia costituito da scienziati esperti nella preparazione delle librerie, nel sequenziamento e nell'analisi. Questo team dedicato include tecnici dell'assistenza (FSE) esperti, scienziati delle applicazioni tecniche (TAS), scienziati delle applicazioni (FAS), ingegneri per il supporto dei sistemi, bioinformatici ed esperti di reti informatiche, tutti formati in modo approfondito sul sequenziamento di nuova generazione e sulle applicazioni che i clienti Illumina utilizzano in tutto il mondo. L'Assistenza Tecnica è disponibile telefonicamente cinque giorni la settimana oppure è disponibile online 24/7 in tutto il mondo e in diverse lingue. In entrambi i casi, i team di supporto sono a vostra disposizione.

Ogni acquisto di un sistema include una garanzia di servizi per un anno. Sono disponibili anche manutenzione completa, riparazione e soluzioni di qualificazione. Illumina offre inoltre formazione in sede, assistenza continuativa, consulenze telefoniche, webinar e corsi in varie sedi Illumina in tutto il mondo. Abbiamo a disposizione tutte le risorse che occorrono per accelerare il progresso.

## Unitevi al più ampio ecosistema genomico

Con più di 13.000 sistemi attivi, Illumina sta creando lo standard per le soluzioni NGS. Unendovi a questa comunità avrete accesso a un ampio ecosistema di applicazioni, protocolli e informatica creato in collaborazione con migliaia di ricercatori e leader esperti nel settore in tutto il mondo.

## Guardate al futuro sfruttando le efficienze di oggi

Illumina ha una comprovata esperienza nella produzione di soluzioni genomiche che permettono ai ricercatori di portare avanti studi alla processività, alla scala e al costo che soddisfano gli obiettivi della loro ricerca. Con due sistemi a disposizione, gli utenti possono selezionare i requisiti degli output dei dati che soddisfano le proprie esigenze. Il sistema NextSeq 2000 fornisce opzioni di processività più elevate per andare incontro alle applicazioni nuove ed emergenti ottenendo al contempo corse più convenienti per le attuali applicazioni. Il sistema NextSeq 1000 offre una processività inferiore rispetto al sistema NextSeq 2000 ed è disponibile a un prezzo inferiore. Per assicurare una futura scalabilità flessibile, i clienti che hanno acquistato il sistema NextSeq 1000 possono facilmente passare al sistema NextSeq 2000.

## Riepilogo

I sistemi di sequenziamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000 rivoluzionano ciò che è possibile ottenere da un sistema di sequenziamento da banco. Grazie a tecnologia migliorata, chimica avanzata, flussi di lavoro semplificati e analisi secondaria integrata, i ricercatori avranno a disposizione una flessibilità senza precedenti per perseguire e scoprire di più.

## Maggiori informazioni

Per maggiori informazioni sui sistemi NextSeq 1000 e NextSeq 2000, visitate la pagina Web [www.illumina.com/NextSeq2000](http://www.illumina.com/NextSeq2000).

## Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
Sistema di sequenziamento NextSeq 2000	20038897
Sistema di sequenziamento NextSeq 1000	20038898
Aggiornamento da NextSeq 1000 a NextSeq 2000	20047256
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 cicli)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 cicli)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 cicli)	20046813
Reagenti NextSeq 2000 P3 (50 cicli)	20046810
Reagenti NextSeq 2000 P3 (100 cicli)	20040559
Reagenti NextSeq 2000 P3 (200 cicli)	20040560
Reagenti NextSeq 2000 P3 (300 cicli)	20040561

## Specifiche di NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Specifiche
<p><b>Configurazione dello strumento</b> Strumento "secco", compatto con analisi secondaria DRAGEN Bio-IT FPGA integrata</p>
<p><b>Computer di controllo dello strumento</b> Unità base: microserver 2U all'interno dello strumento Memoria: 288 GB Disco rigido: SSD da 3,8 TB Sistema operativo: Linux CentOS 7.6</p>
<p><b>Ambiente operativo</b> Temperatura: 15 °C-30 °C Umidità: 20%-80% senza condensa, umidità relativa Altitudine: 0-2.000 metri Per uso esclusivo in interni</p>
<p><b>Laser</b> Lunghezza d'onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm Sicurezza: prodotto laser di Classe 1</p>
<p><b>Dimensioni</b> L x P x A: 60 cm x 65 cm x 60 cm Peso: 141 kg <b>Dimensioni della cassa di spedizione</b> L x P x A imballato: 92 cm x 120 cm x 118 cm Peso con imballaggio: 232 kg</p>
<p><b>Requisiti di alimentazione</b> Tensione di entrata dello strumento: da 100 V c.a. a 240 V c.a. Frequenza di entrata dello strumento: 50/60 Hz</p>
<p><b>Larghezza di banda per la connessione di rete</b> 200 Mb/s/strumento per i caricamenti interni sulla rete 200 Mb/s/strumento per i caricamenti di BaseSpace Sequence Hub 5 Mb/s/strumento per i caricamenti operativi dello strumento</p>
<p><b>Sicurezza e conformità del prodotto</b> Certificato secondo IEC da un NRTL (Nationally Recognized Testing Laboratory) Marcatura 61010-1 CE Approvato FCC/IC</p>



illumina • N. verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) • Tel. +1.858.202.4566 • techsupport@illumina.com • [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2020 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati.

Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina Web [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html). 770-2019-030-B ITA QB9197