

NextSeq™ 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System

Gran amplitud de aplicaciones y simplicidad operativa con un rendimiento probado

- Gran utilidad de la plataforma gracias a su capacidad de adaptación y flexibilidad para ampliar las aplicaciones de sobremesa
- Flujo de trabajo optimizado gracias a la química XLEAP-SBS™ y al análisis secundario integrado de DRAGEN™
- Rendimiento sólido y datos de alta calidad de un líder mundial probado

illumina®



Introducción

La secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing) ha revolucionado la investigación biológica, ampliando la diversidad y la profundidad de las aplicaciones de secuenciación que los laboratorios pueden llevar a cabo. La comunidad investigadora puede plantear y dar respuesta a preguntas científicas cada vez más complejas. En el espectro de la investigación oncológica y del microbioma, así como en otras aplicaciones emergentes, hay cada vez más científicos que buscan aprovechar la potencia de la tecnología de NGS.

Illumina es una empresa con un historial probado de soluciones que permiten a los científicos hacer avanzar y lograr sus objetivos de secuenciación más rápidamente. Durante décadas, Illumina ha estado al frente de la mejora de las capacidades de secuenciación gracias a la ampliación de aplicaciones de sobremesa, la optimización de los flujos de trabajo y a una precisión excelente.

Con NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System, Illumina mantiene este compromiso con la innovación (figura 1, tabla 1). Estas plataformas de sobremesa líderes del mercado utilizan la química de secuenciación por síntesis (SBS, sequencing by synthesis) de Illumina de alto rendimiento y la informática integrada en el instrumento. Los usuarios pueden obtener la productividad, la calidad de los datos y el coste necesarios para cubrir sus necesidades, desde lotes pequeños hasta grandes y para aplicaciones sencillas o con una elevada cantidad de datos, todo ello en un sistema de secuenciación de sobremesa. 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.

Rendimiento sólido y flujo de trabajo optimizado

Química de SBS de alto rendimiento

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System se basan en la química XLEAP-SBS, una química SBS más rápida, de mayor calidad y más sólida, fundamentada en la química de SBS estándar probada de Illumina. Los nucleótidos de XLEAP-SBS emplean colorantes de última generación y conectores y bloques novedosos que son más resistentes al calor, muestran una reducción de 50× en la hidrólisis y una escisión del bloque 2,5 veces más rápida para reducir la fase de hebra retrasada y la fase de hebra adelantada. La polimerasa de XLEAP-SBS está diseñada para incorporar nucleótidos más rápido y con mayor fidelidad



Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System. NextSeq 2000 System ofrece características de diseño innovadoras, una química avanzada, una bioinformática simplificada y un flujo de trabajo intuitivo que posibilita la más amplia gama de aplicaciones y versatilidad para los sistemas de secuenciación de sobremesa.

que nunca. Los tiempos de respuesta más rápidos con la química XLEAP-SBS pueden dar como resultado un ahorro de tiempo de un día completo* en comparación con los tiempos de ejecución con SBS estándar.

Innovaciones que permiten aumentar la productividad

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System hacen uso de los avances en óptica, diseño de instrumentos y 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. Esta miniaturización proporciona flexibilidad para diversas cantidades de resultados, al tiempo que mantiene los mismos altos estándares de calidad de datos que se experimentan con otras plataformas de Illumina. Otras innovaciones incluyen celdas de flujo con patrones de alta densidad de grupos y un sistema óptico de superresolución que produce datos de adquisición de imágenes de alta precisión con mayor resolución y sensibilidad que los sistemas de sobremesa tradicionales.

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System ofrecen un flujo de trabajo simplificado con facilidad de carga y uso (figura 2). El hardware DRAGEN integrado en el instrumento permite un rápido análisis secundario y compresión de datos. El instrumento incluye la generación de grupos integrada y prepara archivos FASTQ como parte del experimento de secuenciación. No se requieren equipos ni pasos adicionales.

* Por ejemplo, los tiempos para la ejecución de una celda de flujo P3 de 2×150 pb son ocho horas más rápidos con reactivos XLEAP-SBS que con la SBS estándar.

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

Longitud de lectura	Reactivos NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS	Reactivos NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS	Reactivos NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS ^a	Reactivos NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS ^a
Rendimiento por celda de flujo^b				
Lecturas individuales	100 M	400 M	1200 M	1800 M
1 × 50 pb	–	–	–	90 Gb
2 × 50 pb	10 Gb	40 Gb	120 Gb	180 Gb
2 × 100 pb	–	80 Gb	240 Gb	360 Gb
2 × 150 pb	30 Gb	120 Gb	360 Gb	540 Gb
2 × 300 pb	60 Gb	240 Gb	–	–
Puntuaciones de calidad^c				
1 × 50 pb, 2 × 50 pb, 2 × 100 pb, 2 × 150 pb	≥90 % de bases superior a Q30			
2 × 300 pb	≥85 % de bases superior a Q30			
Duración del experimento				
1 × 50 pb	–	–	–	12 h
2 × 50 pb	8 h	12 h	18 h	20 h
2 × 100 pb	–	19 h	31 h	34 h
2 × 150 pb	17 h	22 h	40 h	44 h
2 × 300 pb	34 h	42 h	–	–

- a. Las celdas de flujo P3 y P4 solo están disponibles en NextSeq 2000 System.
- b. Las especificaciones de rendimiento se basan en un modo de funcionamiento con una sola celda de flujo gracias a la librería de control PhiX de Illumina con densidades de grupos compatibles.
- c. Las puntuaciones de calidad se basan en una librería de control de PhiX de Illumina; el rendimiento puede variar en función del tipo de librería y su calidad, el tamaño del fragmento, la concentración de la carga y otros factores del experimento.



Figura 2: Flujo de trabajo intuitivo desde la librería hasta el análisis. NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System proporcionan un flujo de trabajo exhaustivo que incluye la configuración sencilla de los experimentos, el ecosistema más amplio de kits de preparación de librerías compatibles, la operación de carga y descarga y el análisis secundario integrado en el instrumento.

Rendimiento excepcional en el mundo real

Además de las especificaciones del sistema, es importante tener en cuenta el rendimiento en el mundo real a la hora de evaluar qué sistema de secuenciación de Illumina es el más adecuado para necesidades experimentales específicas. Las especificaciones de los productos de Illumina se configuran tradicionalmente para garantizar un rendimiento igual o superior a las especificaciones. Cuando el resultado supera las especificaciones, el coste real por muestra disminuye.

Los laboratorios que utilizan tanto kits SBS estándar como XLEAP-SBS logran de forma sistemática datos muy por encima de las especificaciones, tanto para el rendimiento como para el porcentaje de bases en o por encima de Q30 (% ≥Q30) en sus NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System. Una revisión del rendimiento histórico de las especificaciones de los kits SBS estándar en miles de experimentos demuestra que más del 89 % de los experimentos del mundo real lograron resultados, con un % ≥Q30 por encima de las especificaciones (tabla 2). Del mismo modo, una revisión de cientos de experimentos del mundo real muestra que los datos generados con los kits XLEAP-SBS funcionan de forma sistemática por encima de las especificaciones (tabla 3). Además, los estudios internos de Illumina demuestran que se obtienen datos de alta calidad con un 80 % o más de bases en o por encima de Q40 con los reactivos P4 XLEAP-SBS (figura 3).

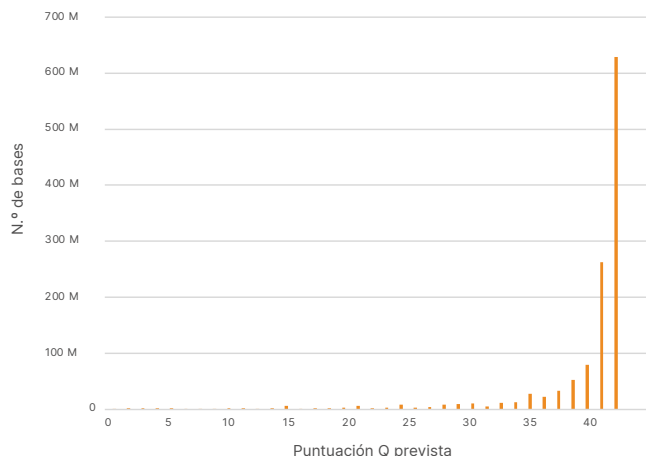


Figura 3: Datos de alta calidad generados en NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System utilizando la química XLEAP-SBS. Este histograma de puntuación Q filtrado generado por Illumina demuestra que los reactivos P4 XLEAP-SBS tienen un 80 % o más de bases en o por encima de Q40. Q40 se midió utilizando un software de análisis interno en tiempo real que proporciona puntuaciones Q no vinculadas.

Tabla 2: Ejemplos de datos del mundo real generados con reactivos SBS estándar

Reactivos NextSeq 1000/2000	Parámetro	Especificación	Promedio en experimentos recientes	Promedio en el 10 % superior de los experimentos
Kits de reactivos P2 NextSeq 1000/2000 (200 y 300 ciclos)	Grupos que superan el filtro	400 M	498 M	558 M
	Puntuación Q30	85 %	90 %	96 %
Kits de reactivos P3 NextSeq 1000/2000 (200 y 300 ciclos)	Grupos que superan el filtro	1200 M	1300 M	1400 M
	Puntuación Q30	85 %	90 %	94 %

Tabla 3: Ejemplos de datos del mundo real generados con reactivos XLEAP-SBS

Reactivos NextSeq 1000/2000	Parámetro	Especificación	Promedio en experimentos recientes
Kits de reactivos P2 XLEAP-SBS NextSeq 1000/2000	Grupos que superan el filtro	400 M	523 M
	Puntuación Q30	90 %	93 %
Kits de reactivos P3 XLEAP-SBS NextSeq 2000	Grupos que superan el filtro	1200 M	1300 M
	Puntuación Q30	90 %	94 %
Kits de reactivos P4 XLEAP-SBS NextSeq 2000	Grupos que superan el filtro	1800 M	1900 M
	Puntuación Q30	90 %	93 %

Plataforma integrada fácil de usar

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System utilizan un cartucho de reactivos integrado que incluye la flúidica y el recipiente de residuos, facilitando la carga de la librería y el uso del instrumento (figura 4). Descongele y prepare el cartucho de reactivos, cargue la celda de flujo y las librerías preparadas en el cartucho y, a continuación, introduzca el cartucho ensamblado 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 eficaz. Mediante la miniaturización de muchas de las reacciones de secuenciación, el diseño único:

- Reduce los costes operativos.
- Mejora la capacidad de reciclaje.
- Reduce al mínimo el volumen de residuos.

Los reactivos se mantienen siempre dentro del cartucho, obteniéndose un diseño sin líquido del instrumento que no necesita lavarse. Esto se traduce en un mantenimiento optimizado y en una eficacia mejorada del mismo.



Figura 4: Cartucho de reactivos NextSeq 1000 y NextSeq 2000. El cartucho integrado incluye reactivos, flúidica y el soporte de residuos. Solo tiene que descongelar y preparar el cartucho de reactivos, insertar la celda de flujo, cargar la librería y colocarla en el instrumento.

Adaptabilidad para hacer más, flexibilidad para crecer más

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System ofrecen una amplia utilidad de plataforma con la flexibilidad para ampliar las aplicaciones y una adaptabilidad eficiente. Gracias a sus rápidos y precisos resultados, a los rendimientos de 10 Gb a 540 Gb y a las opciones informáticas integradas, NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System resultan ideales para una gran variedad de aplicaciones (tabla 4, tabla 5) en metagenómica, transcriptómica espacial, estudios de células individuales, etc.

Amplitud de aplicaciones

NextSeq 2000 System ofrece cuatro tipos de celdas de flujo (P1, P2, P3 y P4) y 14 configuraciones de kits, mientras que NextSeq 1000 System ofrece† dos tipos de celdas de flujo (P1 y P2) y siete configuraciones de kits (tabla 1). Las longitudes de lectura de 1 × 50 pb a 2 × 300 pb admiten una amplia variedad de aplicaciones y tamaños de estudio (tabla 4):

- Kits de 600 ciclos para aplicaciones dependientes de la longitud de lectura, como el montaje *de novo* de genomas completos pequeños, la metagenómica selectiva, la metagenómica indiscriminada, la metatranscriptómica y la creación de perfiles de repertorio inmunitario.
- Kits de 300 o 200 ciclos para la secuenciación de paneles específicos, exomas y paneles grandes, transcriptomas, ADN tumoral circulante y genomas completos grandes.
- Kits de 100 o 50 ciclos para aplicaciones centradas en el recuento, como la expresión genética, la generación de perfiles de células individuales y espaciales.

La celda de flujo NextSeq 2000 P4 ofrece hasta 1800 millones de lecturas individuales por experimento, lo que maximiza el procesamiento por lotes y potencia proyectos ricos en datos como la secuenciación de exomas, la multiómica, las células individuales y el análisis espacial.

† Con el fin de garantizar una flexibilidad para el futuro, los clientes que adquieren NextSeq 1000 System pueden actualizarlo fácilmente a NextSeq 2000 System.

Opciones de análisis optimizadas

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System permiten acceder al software de análisis en el instrumento, a nivel local y en la nube, proporcionando a los usuarios la versatilidad necesaria para analizar los datos de forma acorde a sus necesidades (figura 5).

Los experimentos se pueden configurar a nivel local o en la nube. En el caso de la configuración local, los usuarios pueden crear su propia hoja de muestras o usar una cómoda plantilla de Illumina ya preestablecida. La configuración en la nube usa la aplicación Run Planner en BaseSpace™ Sequence Hub. Una vez que está lista, la información de la configuración del experimento se importa a los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000. y, a continuación, los usuarios seleccionan e inician el experimento que les interesa.

El software optimizado del instrumento proporciona una interfaz más despejada y una mejor visualización del estado del instrumento y del experimento en comparación con los sistemas de sobremesa anteriores.

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System generan los formatos de archivo estándar del sector que usan los diferentes sistemas de gestión de información de laboratorio (LIMS, laboratory information management systems) para el seguimiento seguro y automatizado de las muestras y para gestionar la información. El análisis secundario se puede configurar como parte de la configuración del experimento, lo que reduce el número de puntos de contacto del usuario necesarios.

Análisis preciso y eficaz con el análisis secundario de DRAGEN en el instrumento

El análisis secundario de DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) en el instrumento ofrece una solución precisa y eficiente para realizar la llamada de variantes. La plataforma DRAGEN usa algoritmos optimizados acelerados por hardware para una gran variedad de soluciones de análisis genómico, lo que incluye conversión de archivo de llamada de bases (BCL, base call), compresión, asignación, alineación, clasificación, marcado, duplicado y llamada de variantes.

Tabla 4: Algunas de las aplicaciones más exhaustivas disponibles en NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System

Aplicación ^a	P1 XLEAP-SBS		P2 XLEAP-SBS		P3 XLEAP-SBS		P4 XLEAP-SBS	
	N.º de muestras	Tiempo	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 >30×	7	17 h	30	22 h	92	40 h	138	44 h
Secuenciación del exoma completo (200 ciclos) Aprox. 8 Gb por exoma, cobertura media de 100×	~2 ^b	17 h ^b	10	19 h	30	31 h	45	34 h
Creación de perfiles genómicos completa de tejidos FFPE con tumores sólidos (200 ciclos)	–	–	8	19 h	24	31 h	36	34 h
ARN-Seq total (200 ciclos) 50 M de pares de lectura por muestra	2 ^{b,c}	17 h ^b	8	19 h	24	31 h	36	34 h
ARNm-Seq (200 ciclos) 25 M de pares de lectura por muestra	4 ^{b,c}	17 h ^b	16	19 h	48	31 h	72	34 h
RNA-Seq de células individuales (100 ciclos) 5000 celdas, 20 000 lecturas/celda	1 ^d	8 h	4	12 h	12	18 h	18	20 h
miARN-Seq o análisis de ARN de tamaño pequeño (50 ciclos) 11 M de lecturas por muestra	9 ^e	8 h ^e	36 ^e	12 h ^e	108 ^e	18 h ^e	163	12 h
Secuenciación de ARN de 16S (600 ciclos)	384 ^f	34 h	384 ^f	42 h	–	–	–	–

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.

b. Kits de 200 ciclos no disponibles para celdas de flujo P1. Use el kit P1 de 300 ciclos.

c. Las longitudes de lectura recomendadas son 2 × 75 pb para Illumina Stranded Total RNA Prep e Illumina Stranded mRNA Prep, y 2 × 100 pb para Illumina RNA Prep with Enrichment.

d. Los reactivos P1 son una buena opción para los experimentos de control de calidad de celdas únicas.

e. Kits de 50 ciclos no disponibles para las celdas de flujo P1, P2 o P3 XLEAP-SBS. Use el kit de 100 ciclos.

f. Se dispone de un máximo de 384 índices dobles únicos.

La solución integrada en el instrumento permite acceder a algunos procesos informáticos de DRAGEN (tabla 5), de forma que los usuarios puedan generar resultados en tan solo dos horas. La informática de DRAGEN usa los mejores algoritmos de proceso de su categoría para ayudar a los usuarios a superar los cuellos de botella que se produzcan en el análisis de datos y reducir así la dependencia de expertos informáticos externos. El análisis de DRAGEN en el instrumento está incluido en el coste del instrumento y no requiere la compra de una licencia adicional.

Integración automática con la nube

Para los usuarios que prefieren una solución de análisis basada en la nube, NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System se integran con BaseSpace Sequence Hub e Illumina Connected Analytics, nuestras plataformas de genómica de computación en la nube. El análisis DRAGEN en BaseSpace Sequence Hub e Illumina Connected Analytics cuenta con funciones avanzadas de visualización de resultados y análisis incluidas en una interfaz intuitiva. 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 NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System son compatibles con los formatos estándar del sector para poder importarlos cómodamente a la solución elegida.

Tabla 5: Procesos informáticos de DRAGEN integrados en NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System

Proceso ^a	Aplicaciones
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del exoma completo • Resecuenciación selectiva
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Expresión genética del transcriptoma completo • Detección de fusiones génicas
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del transcriptoma completo de células individuales
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del genoma completo
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> • Paneles de amplicones de ADN • Resecuenciación selectiva
DRAGEN ORA ^c Compression	<ul style="list-style-type: none"> • Compresión de archivos FASTQ

- a. Hay disponibles procesos informáticos de DRAGEN adicionales en la nube; visite illumina.com/DRAGEN para ver la lista completa.
- b. Solo compatible con muestras de ADN.
- c. ORA, archivo de lectura original (original read archive); la compresión ORA de DRAGEN se puede activar con cualquiera de los procesos de DRAGEN.

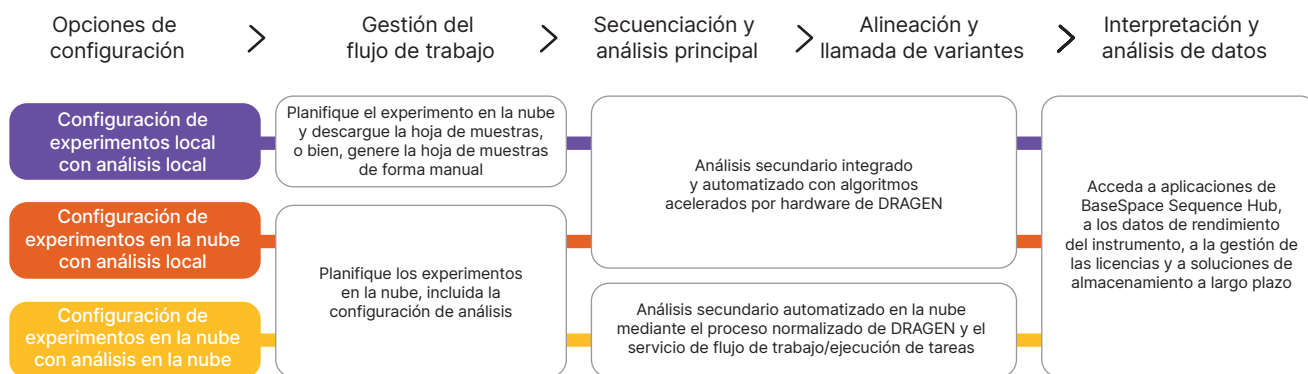


Figura 5: Conjunto de programas informáticos versátil. NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System ofrecen opciones locales y en la nube para configurar y gestionar experimentos y para el análisis de datos, lo que permite a los usuarios procesar su secuenciación como deseen.

Líder mundial probado

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System ofrecen la certeza de una solución probada en campo proporcionada por un socio de secuenciación fiable. Desde su lanzamiento en el año 2020, se han instalado más de dos mil instrumentos y se han utilizado para generar miles de publicaciones. Con una infraestructura de fabricación y calidad global y madura, Illumina proporciona asistencia completa y la mejor uniformidad de producto de su clase, estableciendo el estándar para 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.

Confianza en la innovación continua

Illumina tiene un historial probado de desarrollo de soluciones para genómica que proporcionan a los investigadores las herramientas que necesitan para realizar estudios con la productividad, la flexibilidad y el precio que se ajustan a sus objetivos de investigación. 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.

Soporte sencillo y rápido

Construcción modular

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System se han concebido de forma modular, lo que simplifica el servicio y la asistencia técnica. Los sensores en el instrumento supervisan el rendimiento del sistema y alertan a los usuarios de posibles problemas. La solución de problemas y las reparaciones son más sencillas para el ingeniero de servicio, lo que en última instancia ahorra tiempo.

Illumina Proactive

Illumina Proactive es un servicio de asistencia técnica de rendimiento del instrumento remoto y seguro, que se ha diseñado para detectar fallos de riesgo de forma preventiva, para solucionar problemas de los experimentos de forma más eficaz y para evitar fallos durante los experimentos. Este servicio complementario 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.

Compromiso con su éxito

Con la adquisición 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.

Nuestro equipo de asistencia técnica de primer nivel está compuesto por científicos expertos en la preparación, la secuenciación y el análisis de librerías, para ayudarle a aprovechar al máximo la inversión y lograr el mejor rendimiento. Este equipo específico incluye ingenieros de servicio de campo (FSE, field service engineers) altamente cualificados, científicos de aplicaciones técnicas (TAS, technical applications scientists), científicos de aplicaciones de campo (FAS, field application scientists), ingenieros de asistencia técnica de sistemas, bioinformáticos y expertos en redes informáticas, todos ellos ampliamente familiarizados con la NGS y las aplicaciones que los clientes de Illumina llevan a cabo en todo el mundo. [El servicio de asistencia técnica](#) está disponible por teléfono cinco 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.

Resumen

NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System amplían el concepto de lo que se puede lograr con un sistema de secuenciación de sobremesa. La alta adaptabilidad y flexibilidad, combinadas con un rendimiento mejorado mediante la química XLEAP-SBS, permiten una amplia gama de aplicaciones. NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System ofrecen la tecnología de NGS probada con simplicidad operativa, un flujo de trabajo optimizado, que incluye el análisis, y un soporte integral.

Más información

[NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System](#)

Especificaciones de NextSeq 1000 System y NextSeq 2000 System

Especificaciones
<p>Configuración del instrumento Instrumento completo y sin líquidos con análisis secundario de matriz de puertas programables in situ (FPGA, field-programmable gate array) con DRAGEN integrado</p>
<p>Ordenador de control del instrumento Unidad base: microservidor de 2 U ubicado en el interior del instrumento Memoria: 288 GB Unidad de disco duro: SSD de 3,8 TB Sistema operativo: Linux CentOS 7.6</p>
<p>Entorno operativo Temperatura: 15 °C-30 °C Humedad: humedad relativa entre el 20 % y el 80 %, sin condensación Altitud: 0-2000 metros Para uso exclusivo en interiores</p>
<p>Láser Longitudes de onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm Seguridad: producto láser de clase 1</p>
<p>Dimensiones Anchura x profundidad x altura: 55 cm x 65 cm x 60 cm Peso: 141 kg</p> <p>Dimensiones del embalaje Anchura x profundidad x altura embalado: 92 cm x 120 cm x 118 cm Peso de embalaje: 232 kg</p>
<p>Requisitos de alimentación Tensión de entrada del instrumento: de 100 V de CA a 240 V de CA Frecuencia de entrada del instrumento: 50/60 Hz</p>
<p>Ancho de banda para la conexión de red 200 Mb/s por instrumento para cargas de red interna 200 Mb/s por instrumento para cargas de BaseSpace Sequence Hub 5 Mb/s por instrumento para cargas de datos operativos del instrumento</p>
<p>Seguridad y cumplimiento del producto NRTL con certificación IEC Marcado CE 61010-1 Aprobado por FCC/IC</p>

Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de catálogo
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859

a. Los kits de reactivos XLEAP-SBS para los instrumentos NextSeq 1000 y NextSeq 2000 se envían y almacenan a la misma temperatura que los kits de reactivos SBS estándar.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-NA-00008 ESP v13.0