

Redéfinir le possible

Systèmes de séquençage d'Illumina



Vous êtes guidés par l'innovation. Nous aussi.

La puissance du séquençage de nouvelle génération (SNG) n'a jamais été aussi vaste, prometteuse et passionnante. Vos objectifs les plus audacieux ont toutes leurs chances d'être réalisés. Chez Illumina, nous vous fournissons les outils et les innovations dont vous avez besoin pour tirer parti de la puissance du génome.

Dans plusieurs domaines, notamment des maladies génétiques, de la santé reproductive, de l'oncologie, de la microbiologie et de l'agriculture, les chercheurs et les cliniciens se fient aux systèmes d'Illumina pour fournir des données qui alimentent des idées révolutionnaires.

Dans notre gamme complète de systèmes, vous trouverez la solution adaptée à vos besoins en constante évolution.

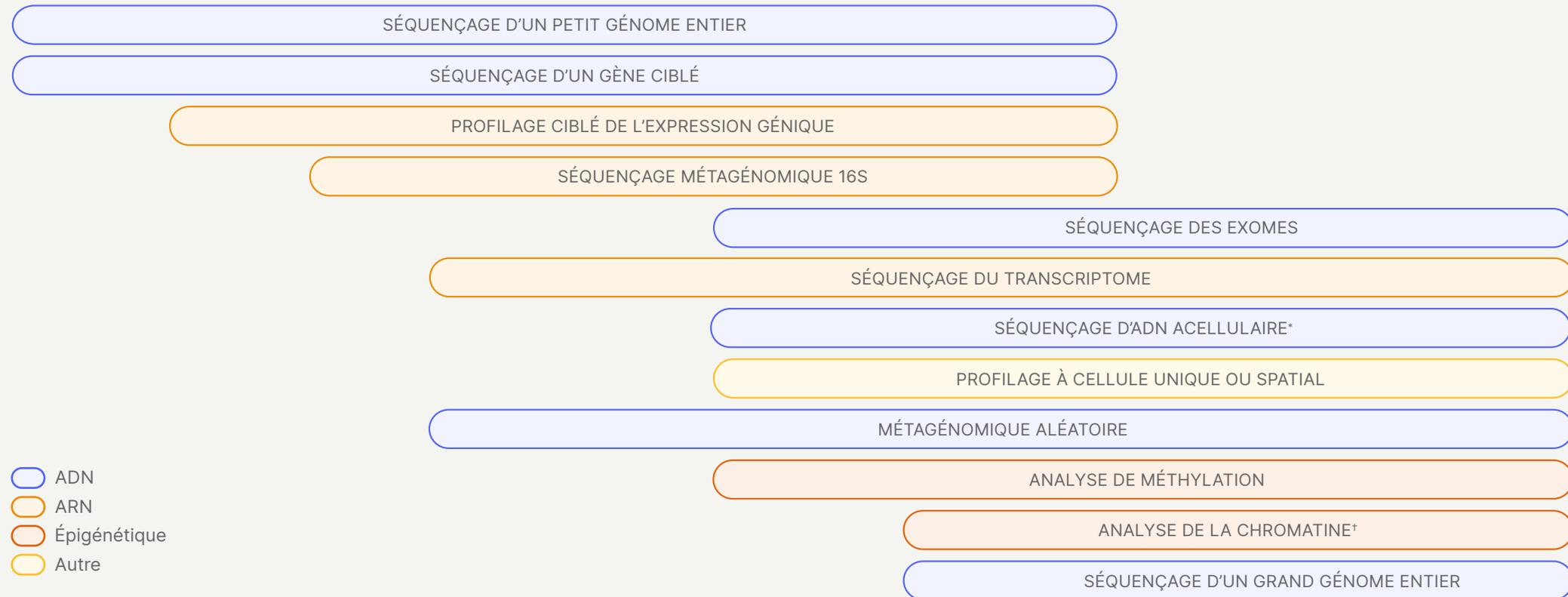
Table des matières

- 4 Présentation des systèmes
- 6 Systèmes de paillasse
- 10 Systèmes à échelle de production
- 12 Instruments pour les diagnostics *in vitro*
- 14 Solutions informatiques intégrées
- 17 Assistance de renommée mondiale



Un éventail de solutions. Tout un monde de réponses.

iSeq^{MC} 100 MiniSeq^{MC} MiSeq^{MC} MiSeq^{MC} i100/i100 Plus NextSeq^{MC} 550 NextSeq^{MC} 1000/2000 NovaSeq^{MC} 6000 NovaSeq^{MC} X/X Plus



* Le séquençage de l'ADN acellulaire inclut les tests prénataux non invasifs (TPNI) et la biopsie liquide.

† L'analyse de la chromatine inclut le test de la chromatine accessible à la transposase (ATAC-Seq), l'immunoprécipitation de la chromatine (ChIP-Seq) et la capture de conformation de la chromatine (Hi-C).

De vos tâches quotidiennes à vos projets les plus audacieux, il existe un système de séquençage Illumina pour répondre à vos besoins et atteindre vos objectifs‡.

Recherche

Nos solutions de séquençage de paillasse, y compris la série MiSeq i100 et le NextSeq 2000 Sequencing System, vous offrent la puissance de la technologie de séquençage de nouvelle génération (SNG) d'Illumina dans une conception hautement accessible et flexible. Cités dans plus de 200 000 publications évaluées par les pairs, nos systèmes de séquençage de paillasse sont réputés pour leur fiabilité depuis plus d'une décennie§.

Nos systèmes de séquençage à échelle de production rendent possibles les applications à grand volume de données et à débit élevé. La série NovaSeq X est tout simplement une révolution dans le domaine de la génomique, offrant à vos études une précision et un débit exceptionnels. Les projets jugés jusque-là impossibles à réaliser le sont désormais.

Diagnostic

Pour les applications de diagnostic *in vitro* (DIV), les tests cliniques effectués sur les instruments MiSeqDx**, NextSeq 550Dx** et NovaSeq 6000Dx** ont permis d'obtenir des renseignements précis pour améliorer les résultats pour les patients.

‡ Le débit et l'intensité des données déterminent les recommandations du système en ce qui concerne les méthodes et les applications.

§ Calculs des données internes, Illumina, Inc., 2022.

** Destiné au diagnostic *in vitro*. N'est pas proposé dans tous les pays ni toutes les régions.



Le SNG à portée de main



iSeq 100 System



MiniSeq System



MiSeq System

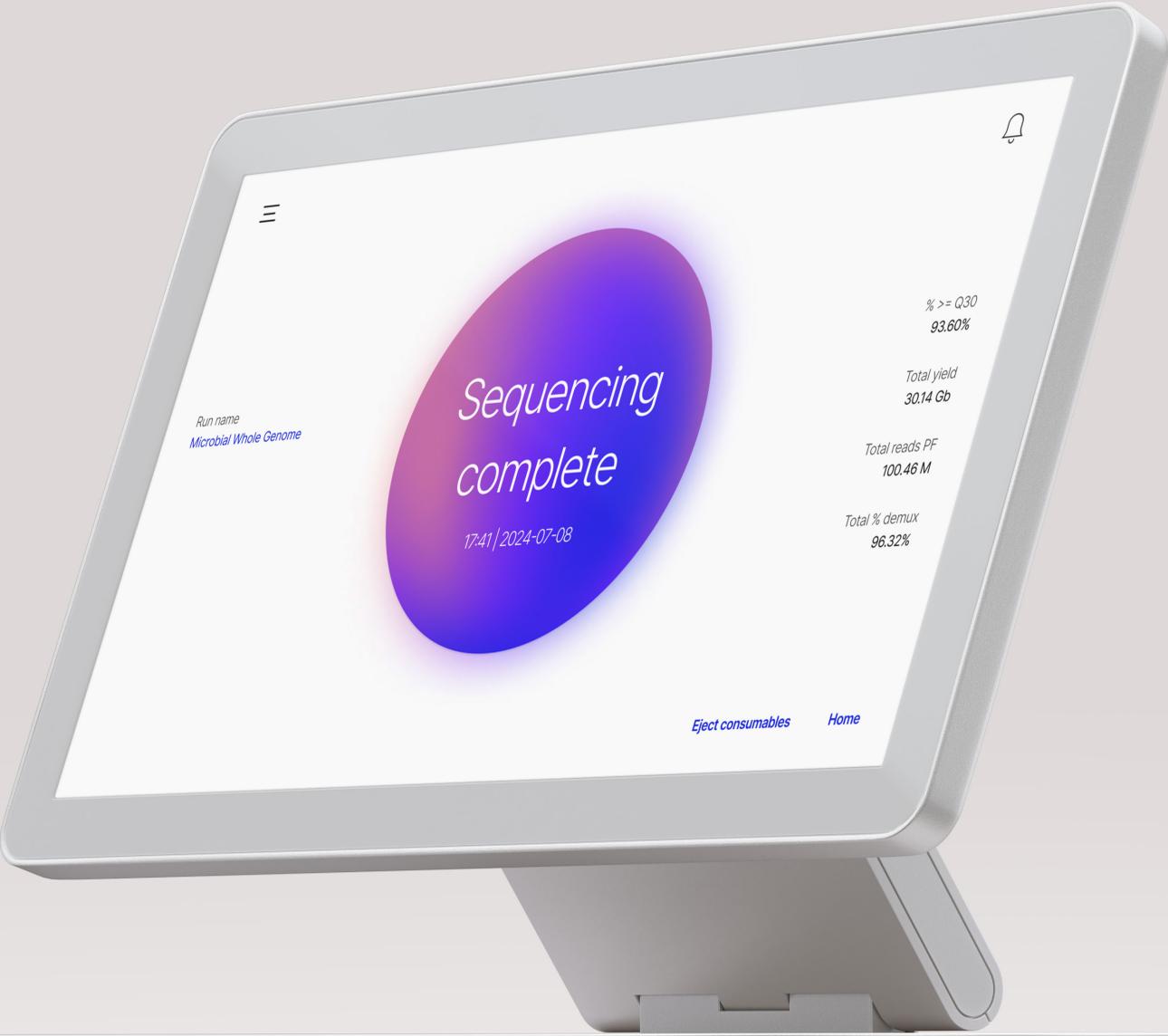


MiSeq i100 System et MiSeq i100 Plus System^a

Flow Cell	i1	Débit moyen			Débit élevé				Débit élevé			
		Rapide			Nano	Micro	v2	v3	5M	25M	50M	100M
Fourchette de débit	144 Mb à 1,2 Gb	2,1 à 2,4 Gb	2 Gb	1,65 à 7,5 Gb	300 à 500 Mb	1,2 Gb	750 Mb à 8,5 Gb	3,8 à 15 Gb	1,5 à 3 Gb	2,5 à 15 Gb	5 à 30 Gb	10 à 30 Gb
Lectures uniques par analyse	4 millions	8 millions	20 millions	25 millions	1 million	4 millions	15 millions	25 millions	5 millions	25 millions	50 millions	100 millions
Durée d'analyse (h) ^b	9 à 19	17	< 5	7 à 24	17 à 28	19	5,5 à 39	21 à 56	7 à 15	4 à 15	4 à 15	5 à 8
Longueur de lecture maximale (pb)	2 × 150	2 × 150	1 × 100	2 × 150	2 × 250	2 × 150	2 × 250	2 × 300	2 × 300	2 × 300	2 × 300	2 × 150
Analyse des données incluse	Local Run Manager	Local Run Manager			Local Run Manager				Logiciel DRAGEN ^{MC}			

a. Le MiSeq i100 System prend en charge les Flow Cell 5M et 25M uniquement; le MiSeq i100 Plus System prend en charge les quatre Flow Cell.

b. Les durées d'analyse indiquées sont des estimations.



Run name
Microbial Whole Genome



% >= Q30
93.60%

Total yield
30.14 Gb

Total reads PF
100.46 M

Total % demux
96.32%

Eject consumables Home



Puissance et souplesse sur votre paillasse



NextSeq 550 System^a



Systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Flow Cell	NextSeq 550 System ^a		Systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000			
	Débit moyen	Débit élevé	P1 ^b	P2 ^b	P3 ^c	P4 ^c
Fourchette de débit	16 à 39 Gb	25 à 120 Gb	10 à 60 Gb	40 à 240 Gb	120 à 360 Gb	90 à 540 Gb
Lectures uniques par analyse	130 millions	400 millions	100 millions	400 millions	1,2 milliard	1,8 milliard
Durée d'analyse (h)	15 à 26	11 à 29	8 à 34	12 à 42	18 à 40	12 à 44
Longueur de lecture maximale (pb)	2 × 150	2 × 150	2 × 300	2 × 300	2 × 150	2 × 150
Analyse des données incluse	Local Run Manager		Analyse secondaire DRAGEN intégrée			

a. Le système NextSeq 550 inclut une fonctionnalité de balayage de puces à ADN pour les applications de cytogénomique, de méthylation et de cartographie du caryotype.

b. Les spécifications indiquées sont celles des réactifs NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS^{MC}.

c. Les spécifications indiquées sont celles des réactifs NextSeq 2000 XLEAP-SBS. Les Flow Cell P3 et P4 sont disponibles pour le NextSeq 2000 System uniquement.



illumina

Des systèmes à échelle de production pour optimiser le débit



NovaSeq 6000 System



NovaSeq X System



NovaSeq X Plus System

	NovaSeq 6000 System				NovaSeq X System			NovaSeq X Plus System		
Flow Cell	SP	S1	S2	S4	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Flow Cell traitées par analyse	1 ou 2	1 ou 2	1 ou 2	1 ou 2	1	1	1	1 ou 2	1 ou 2	1 ou 2
Fourchette de débit	65 à 800 Gb	134 Gb à 1 Tb	333 Gb à 2,5 Tb	280 Gb à 6 Tb	165 à 500 Gb	1 à 3 Tb	8 Tb	165 Gb à 1 Tb	1 à 6 Tb	8 à 16 Tb
Lectures uniques par Flow Cell	800 millions	1,6 milliard	4,1 milliards	10 milliards	1,6 milliard	10 milliards	26 milliards	1,6 milliard	10 milliards	26 milliards
Durée d'analyse (h)	13 à 38	13 à 25	16 à 36	< 44	17 à 23	18 à 25	~ 48	17 à 23	18 à 25	~ 48
Longueur de lecture maximale (pb)	2 × 250	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 150
Analyse des données incluse	—				Analyse secondaire DRAGEN intégrée					



A
Read 2: completing cycle 82 of 151
Completing today at

06:23

Run name
20220809_WGS_WES_RNA_LocalAnalysis
% >= Q30
89.72%
Projected yield
3,084.72 Gb
Total reads PF
10,24 B
Cancel run A



Ros

B
Read 2: completing cycle 43 of 151
Completing today at

09:38

Run name
20220809_Methylation_FastQ_CloudAnalysis
% >= Q30
91.23%
Projected yield
3,065.61 Gb
Total reads PF
10,14 B
Cancel run B

illumina

Plus d'options cliniques. Plus de réponses pertinentes.



Instrument MiSeqDx^a



Instrument NextSeq 550Dx^a



Instrument NovaSeq 6000Dx^a

	MiSeqDx v3 (300 cycles)		NextSeq 550Dx High Output v2.5 (300 cycles)			NovaSeq 6000Dx S2 v1.5 (300 cycles)		
	Capacités en mode recherche ^a		NextSeq 550Dx High Output v2.5 (75 cycles)	NextSeq 550Dx High Output v2.5 (75 cycles)	Capacités en mode recherche ^a	NovaSeq 6000Dx S4 v1.5 (300 cycles)	NovaSeq 6000Dx S4 v1.5 (300 cycles)	Capacités en mode recherche ^a
Flow Cell traitées par analyse	1	1	1	1	1	1 ou 2	1 ou 2	1 ou 2
Fourchette de débit	≥ 5 Gb	300 Mb à 15 Gb	≥ 90 Gb	≥ 22,5 Gb	16 à 120 Gb	1 à 2 Tb	3 à 6 Tb	80 Gb à 6 Tb
Lectures uniques par Flow Cell	≥ 15 millions	25 millions	≥ 300 millions	400 millions	400 millions	4,1 milliards	10 milliards	10 milliards
Durée d'analyse (h)	24	5,5 à 56	< 35	< 11	11 à 29	≤ 40	≤ 45	13 à 44
Longueur de lecture maximale (pb)	2 × 150 ^b	2 × 300 ^b	2 × 150	1 × 75	2 × 150	2 × 150	2 × 150	2 × 250
Analyse des données incluse	Local Run Manager		Local Run Manager			Serveur DRAGEN apparié		

a. En mode recherche (RUO), les instruments MiSeqDx, NextSeq 550Dx et NovaSeq 6000Dx ont les mêmes spécifications de performance que les systèmes MiSeq, NextSeq 550 et NovaSeq 6000, respectivement.

b. Reportez-vous à la notice d'accompagnement pour connaître les spécifications en fonction du test.

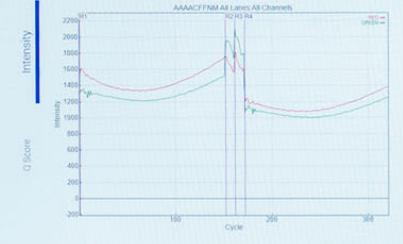


- Dashboard
- Sequencing
- Runs
- Applications

Completed On: 2022, Sept 29 02:15

Home

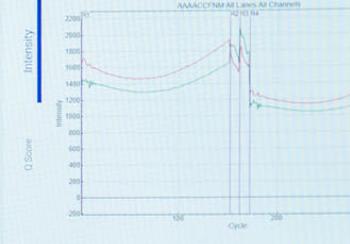
Run Name: 220418A0110A_BR_S2_12mo_AgedNFE_Germline



Clusters Passing Filter	Projected Total Yield	Q30
87.07 %	1595.28 Gb	93.41 %

Completed On: 2022, Sept 29 02:15

Run Name: 220418A0110A_BR_S2_12mo_AgedNFE_Germline



Clusters Passing Filter	Projected Total Yield	Q30
85.78 %	1571.60 Gb	93.5 %

NovaSeq™ 6000Dx



Relier les données aux renseignements

Dans un système Illumina, l'efficacité est intégrée. Nos solutions logicielles complètes permettent de réduire les congestions en bioinformatique et de rationaliser votre flux de travail de génomique. Que vous en soyez à vos débuts ou que vous évoluiez rapidement, Illumina Connected Software** libère le pouvoir de vos données dans de nombreuses applications, notamment l'oncologie, les maladies rares et les maladies infectieuses.

Intégré à nos systèmes de séquençage, Illumina Connected Software aide les chercheurs cliniques et en génomique de l'analyse primaire à l'analyse tertiaire, optimise la gestion du laboratoire et des échantillons et définit de manière précise les variations génétiques. Équilibrant accessibilité et personnalisation, Illumina Connected Software permet d'obtenir des renseignements dans le cadre d'études à échantillon unique ou portant sur l'ensemble de la population.

Allant à la rencontre de vos données, Illumina offre des solutions pour l'analyse sur site et en nuage. Nous sommes engagés à innover constamment, à créer de nouvelles technologies de bioinformatique qui élargissent l'accès à la génomique à tout le monde.

** En savoir plus sur Illumina Connected Software, illumina.com/products/by-type/informatics-products.html.

Précision éprouvée

La chimie de séquençage par synthèse (SBS) hautement précise ainsi que l'analyse secondaire DRAGEN fournissent un appel des variants somatiques et germinaux de pointe[‡]. Grâce à l'analyse DRAGEN intégrée disponible sur certains instruments, les utilisateurs peuvent réaliser d'importantes économies grâce à une analyse de SNG précise, complète et efficace.

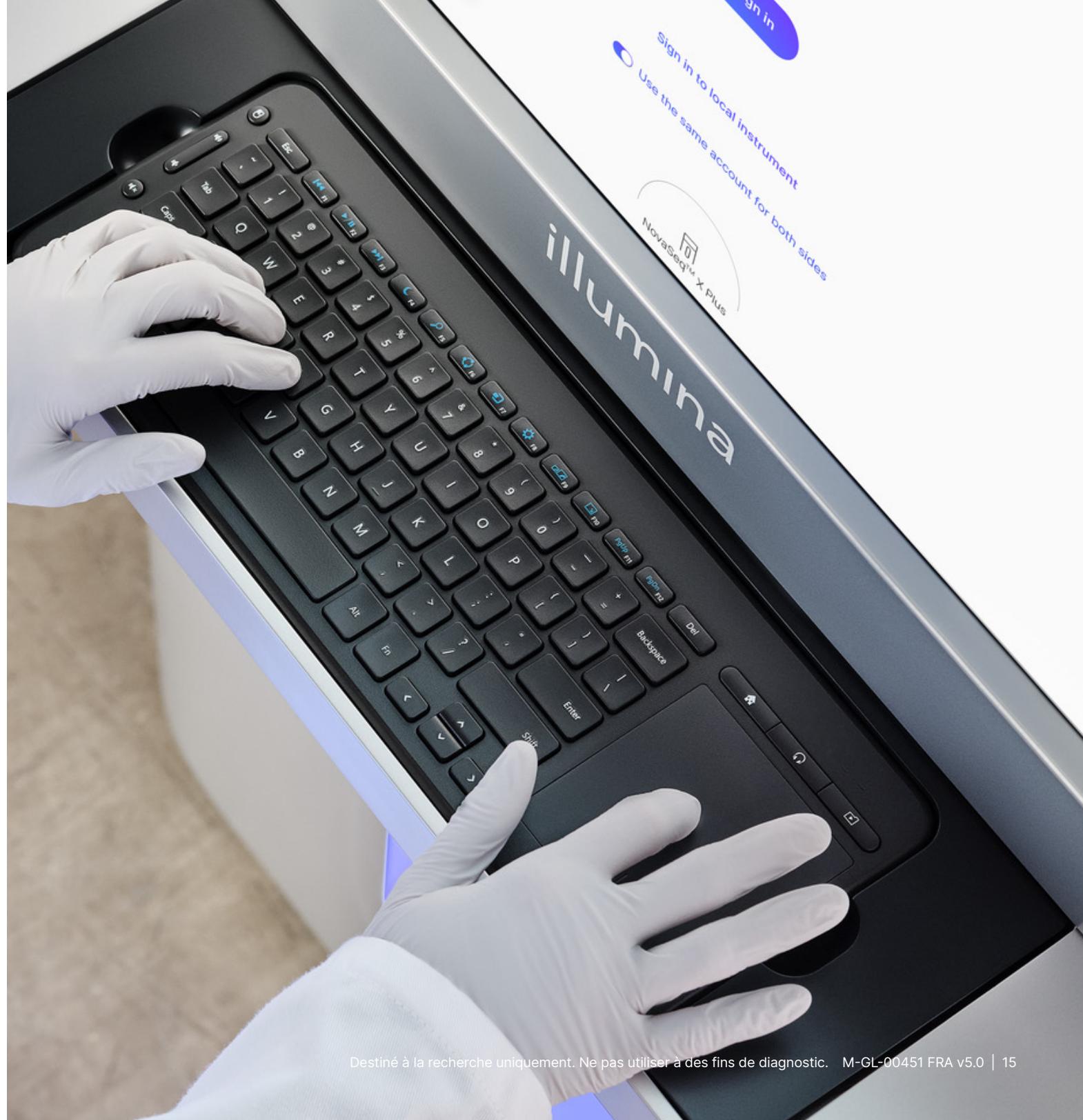
Normes élevées pour la confidentialité des données

Afin de respecter les exigences de sécurité les plus strictes, nos produits logiciels sont conçus en donnant la priorité à la sécurité et à la conformité. Vos données sont sécurisées grâce à la gouvernance et la sécurité du partage de données, aux pistes de vérification avec chiffrement et au partage contrôlé.

Partenaires technologiques de confiance

Soucieuse de votre réussite, l'équipe de services bioinformatiques d'Illumina fait appel à des bioinformaticiens, des scientifiques de données et des concepteurs pour vous aider à personnaliser et à optimiser votre flux de travail d'analyse et à réduire au minimum la charge de travail associée à votre développement.

[‡] PrecisionFDA Truth Challenge V2, precision.fda.gov/challenges/10.





Une assistance toujours disponible

Pour Illumina, l'innovation ne s'arrête pas au développement des meilleurs systèmes. Notre passion s'étend à l'ensemble de l'expérience utilisateur. Nous vous accompagnons à chaque étape de votre processus de SNG et dans vos ambitions.

ÉTAPE 1 : Trouver la solution adaptée à votre situation

Cette étape concerne les besoins actuels et futurs de votre laboratoire. Nous vous aidons à identifier le bon système. Ensuite, nos formations en présentiel et nos outils en ligne vous permettent de découvrir comment élargir complètement vos recherches.

ÉTAPE 2 : Configuration

De la préparation des bibliothèques à l'informatique, nous vous aidons à atteindre l'excellence opérationnelle grâce à un flux de travail optimisé qui vous permettra de gérer votre laboratoire de manière rentable et économe en temps.

ÉTAPE 3 : Maintenance et assistance

En tant qu'entreprise internationale disposant de 25 ans d'expérience, nous ne vous aidons pas seulement à démarrer, nous garantissons également le bon fonctionnement de votre laboratoire. Nous avons l'infrastructure, les équipes et l'expertise nécessaires pour vous offrir un service constant et de qualité supérieure.

Productivité maximale

Illumina Proactive est un service et une assistance améliorés auxquels vous pourrez faire confiance. Connectez vos instruments à votre tableau de bord MyIllumina gratuit et personnalisé pour effectuer leur analyse et leur dépannage. Vous recevrez des mises à jour en temps réel sur la progression de votre analyse et l'utilisation des instruments. La détection proactive des risques par notre équipe d'assistance peut réduire au minimum les temps d'arrêt non planifiés et augmenter la réussite de l'analyse des échantillons.

Vous changez le monde. Nous sommes à vos côtés.

Illumina s'efforce d'être le meilleur partenaire possible, en offrant des innovations en génomique révolutionnaires, une excellente expérience utilisateur et un service à la clientèle exceptionnel. Du fait de sa présence à l'échelle mondiale, vous bénéficierez de l'assistance dont vous avez besoin pour faciliter votre réussite. Où que vous soyez, nous fournissons les talents, les ressources et les solutions pour alimenter votre science et optimiser votre pouvoir de découverte.

Notre objectif est de mettre des technologies émergentes au service de l'analyse des variations et de la fonction génétiques, afin de permettre la réalisation d'études encore impensables il y a quelques années à peine.

Il s'agit précisément du pouvoir d'Illumina et de vous.



Chaque innovation nous a menés ici :
à l'ère du génome.

Nous sommes impatients de voir
ce que nous réserve l'avenir.



Nous sommes toujours à votre disposition pour toute question, tout renseignement et toute conversation. [Consultez le site illumina.com](https://www.illumina.com).

Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 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.