

NextSeq™ 1000 Sequencing System und NextSeq 2000 Sequencing System

Breiter Anwendungsumfang
und einfache Bedienung mit
bewährter Leistung

- Umfassende Plattform, die die notwendige Flexibilität und Skalierbarkeit zur Erweiterung des Anwendungsspektrums bei Tischsystemen mitbringt
- Optimierter Workflow mit XLEAP-SBS™-Chemie und DRAGEN™-Sekundäranalyse im Gerät
- Zuverlässige Leistung und hochwertige Daten von einem bewährten weltweit führenden Anbieter

illumina®



Einleitung

Die NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) hat die biologische Forschung revolutioniert, indem sie den Umfang und die Tiefe der Sequenzierungsanwendungen erweitert hat, die Labore durchführen können. Damit kann die Forschungsgemeinschaft immer komplexere wissenschaftliche Fragen stellen und beantworten. Im gesamten Spektrum der Onkologie- und Mikrobiomforschung sowie in anderen neuen Anwendungsbereichen möchten mehr Wissenschaftler die Leistungsfähigkeit der NGS-Technologie nutzen.

Illumina stellt stets Lösungen bereit, mit denen Wissenschaftler neue Sequenzierungsziele setzen und schneller erreichen können. Dank der Erweiterung des Einsatzbereichs von Tischgeräten, der Rationalisierung von Workflows und der Maximierung der Genauigkeit ist Illumina seit Langem führend bei der Optimierung der Sequenzierungskapazitäten.

Mit dem NextSeq 1000 Sequencing System und dem NextSeq 2000 Sequencing System hat Illumina dieses Engagement für Innovationen fortgesetzt ([Abbildung 1](#), [Tabelle 1](#)). Auf diesen marktführenden Tischplattformen kommen die leistungsstarke SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) und geräteinterne Informatiklösungen zum Einsatz. Anwender profitieren von einem Durchsatz, einer Datenqualität und einem Kostenniveau, die ihren Anforderungen gerecht werden, von kleinen bis hin zu großen Batches und von einfachen bis hin zu datenintensiven Anwendungen – alles auf einem Tischsystem. Mit dem zugehörigen fachkundigen Support erhalten Labore alles, was sie für derzeitige Workloads und zukünftige Anwendungen benötigen.

Zuverlässige Leistung und optimierter Workflow

Leistungsstarke SBS-Chemie

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System nutzen XLEAP-SBS-Chemie, eine schnellere, hochwertigere und robustere SBS-Chemie, die auf der bewährten herkömmlichen SBS-Chemie von Illumina aufbaut. Die aktuellen Farbstoffe sowie die neuen Linker und Blöcke der XLEAP-SBS-Nukleotide sind hitzebeständiger sowie 50-mal stabiler in wässriger Lösung und zeigen eine 2,5-mal schnellere Blockspaltung, was Phasierung und Vorphasierung verringert. Die XLEAP-SBS-Polymerase integriert Nukleotide schneller und mit höherer Genauigkeit als je zuvor. Die Durchlaufzeiten mit XLEAP-SBS-Chemie



Abbildung 1: Das NextSeq 2000 Sequencing System: Das NextSeq 2000 System zeichnet sich durch innovative Merkmale, fortschrittliche Chemie, vereinfachte Bioinformatik und einen intuitiven Workflow aus, wodurch ein bislang unerreichtes Spektrum an Anwendungen und eine flexible Skalierung auf einem Tischsequenziersystem zur Verfügung stehen.

sind im Vergleich zu den Laufzeiten bei Verwendung herkömmlicher SBS-Chemie kürzer*, was ganze Tage einsparen kann.

Produktivitätssteigerung dank Innovationen

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch fortschrittliche Entwicklungen in den Bereichen Optik, Gerätekonstruktion und Reagenzienchemie aus, die den Umfang der Sequenzierungsreaktion verkleinern und zugleich die Ausgabeleistung erhöhen sowie die Kosten pro Lauf reduzieren. Diese Verkleinerung ermöglicht die Skalierbarkeit für unterschiedliche Ausgabemengen. Die Datenqualität ist dabei ebenso hoch wie bei anderen Illumina-Plattformen. Weitere Innovationen umfassen strukturierte Fließzellen mit hoher Clusterdichte und ein extrem hochauflösendes Optiksistem. Die Bilddaten sind denen von herkömmlichen Tischsystemen in Bezug auf Auflösung und Sensitivität überlegen.

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch einen vereinfachten Load-and-Go-Workflow aus ([Abbildung 2](#)). Die geräteeigene DRAGEN-Hardware sorgt für die schnelle Sekundäranalyse und Datenkomprimierung. Die Clusterbildung erfolgt ebenso wie die Vorbereitung der FASTQ-Dateien im Rahmen des Sequenzierungslaufs im Gerät. Zusätzliche Geräte oder Schritte sind nicht erforderlich.

* Beispielsweise ist ein Lauf mit einer P3-Fließzelle mit 2 × 150 bp bei Verwendung von XLEAP-SBS-Reagenzien acht Stunden kürzer als mit herkömmlicher SBS-Chemie.

Tabelle 1: Leistungsparameter des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System

Read-Länge	NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagents	NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagents ^a	NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagents ^a
Ausgabe pro Fließzelle^b				
Single-End-Reads	100 Mio.	400 Mio.	1,2 Mrd.	1,8 Mrd.
1 × 50 bp	–	–	–	90 Gb
2 × 50 bp	10 Gb	40 Gb	120 Gb	180 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb	360 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb	540 Gb
2 × 300 bp	60 Gb	240 Gb	–	–
Qualitäts-Scores^c				
1 × 50 bp, 2 × 50 bp, 2 × 100 bp, 2 × 150 bp	≥ 90 % der Basen über Q30			
2 × 300 bp	≥ 85 % der Basen über Q30			
Laufzeit				
1 × 50 bp	–	–	–	12 h
2 × 50 bp	8 h	12 h	18 h	20 h
2 × 100 bp	–	19 h	31 h	34 h
2 × 150 bp	17 h	22 h	40 h	44 h
2 × 300 bp	34 h	42 h	–	–

a. P3- und P4-Fließzellen sind nur für das NextSeq 2000 System verfügbar.

b. Die Ausgabespezifikationen basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten.

c. Die Qualitäts-Scores basieren auf einer Illumina PhiX-Kontrollbibliothek. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren.



Abbildung 2: Intuitiver Workflow von der Bibliothek zur Analyse: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch einen umfassenden Workflow mit anwenderfreundlicher Laufkonfiguration, einer breiten Palette an zugehörigen Bibliotheksvorbereitungskits, Load-and-Go-Betrieb und integrierter Sekundäranalyse im Gerät aus.

Außergewöhnliche Performance in der Praxis

Zusätzlich zu den Systemspezifikationen gilt es bei der Auswahl des für Versuche geeignetsten Illumina-Sequenziersystems die Performance in der Praxis zu berücksichtigen. Die Produktspezifikationen von Illumina sind in der Regel so angegeben, dass eine Performance erzielt wird, die den Spezifikationen entspricht oder diese übertrifft. Bei einer Ausgabe, die die Spezifikationen überschreitet, verringern sich in der Praxis die Kosten pro Probe.

Labore erzielen sowohl mit Standard-SBS- als auch mit XLEAP-SBS-Kits in Bezug auf das Ergebnis und den Prozentsatz der Basen mit mindestens Q30 ($\% \geq Q30$) auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System konsistent Daten, die weit über den Spezifikationen liegen. Verlaufsdaten mit einem Vergleich von Spezifikationen und Performance für Standard-SBS-Kits über Tausende von Läufen hinweg zeigen, dass bei mehr als 89 % der Läufe in der Praxis eine Ausgabe und ein Wert für $\% \geq Q30$ erzielt wurde, der über den Spezifikationen lag (Tabelle 2). Ebenso zeigt eine Überprüfung von Hunderten von Praxisläufen, dass die mit XLEAP-SBS-Kits generierten Daten konsistent über den Spezifikationen liegen (Tabelle 3). Darüber hinaus zeigen interne Illumina-Studien, dass mit P4 XLEAP-SBS-Reagenzien hochwertige Daten mit 80 % $\geq Q40$ erzielt werden (Abbildung 3).

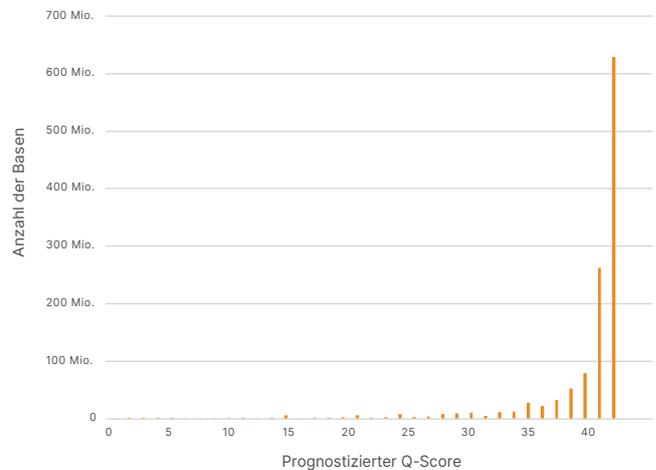


Abbildung 3: Hochwertige Daten, die auf dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System mit XLEAP-SBS-Chemie generiert wurden: Dieses von Illumina erstellte gefilterte Q-Score-Histogramm zeigt, dass bei P4XLEAP-SBS-Reagenzien mindestens 80 % der Basen mindestens Q40 aufweisen. Q40 wurde mithilfe einer internen Echtzeitanalysesoftware bestimmt, die nicht kategorisierte Q-Scores liefert.

Tabelle 2: Beispiele für Daten aus der Praxis, die mit Standard-SBS-Reagenzien generiert wurden

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parameter	Spezifikation	Durchschnitt über die letzten Läufe	Durchschnitt über die oberen 10 % der Läufe
NextSeq 1000/2000 P2-Reagenzien-Kits (200 und 300 Zyklen)	Cluster nach Filterung	400 Mio.	498 Mio.	558 Mio.
	Q30-Score	85 %	90 %	96 %
NextSeq 1000/2000 P3-Reagenzien-Kits (200 und 300 Zyklen)	Cluster nach Filterung	1,2 Mrd.	1,3 Mrd.	1,4 Mrd.
	Q30-Score	85 %	90 %	94 %

Tabelle 3: Beispiele für Daten aus der Praxis, die mit XLEAP-SBS-Reagenzien generiert wurden

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parameter	Spezifikation	Durchschnitt über die letzten Läufe
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits	Cluster nach Filterung	400 Mio.	523 Mio.
	Q30-Score	90 %	93 %
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits	Cluster nach Filterung	1,2 Mrd.	1,3 Mrd.
	Q30-Score	90 %	94 %
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits	Cluster nach Filterung	1,8 Mrd.	1,9 Mrd.
	Q30-Score	90 %	93 %

Anwenderfreundliche integrierte Plattform

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System verfügen über eine integrierte Reagenzienkartusche, die Fluidik und Abfallaufnahme enthält und damit das Laden von Bibliotheken und die Verwendung des Geräts vereinfacht (Abbildung 4). Es müssen lediglich die Reagenzienkartusche aufgetaut und vorbereitet sowie die Fließzelle und die vorbereiteten Bibliotheken in die Kartusche geladen werden. Anschließend wird die zusammengesetzte Kartusche in das Gerät eingesetzt. Denaturierung und Verdünnung erfolgen automatisch im Gerät.

Zusätzlich zu der einfachen Bedienung verbessert der vollständig integrierte Aufbau der Kartusche die Effizienz des gesamten Sequenzierungslaufs. Dank der Verkleinerung zahlreicher Sequenzierungsreaktionen bietet die einzigartige Konstruktion folgende Vorteile:

- Niedrigere Betriebskosten
- Verbesserte Recyclbarkeit
- Verringerung der Abfallmengen

Die Reagenzien verbleiben in der Kartusche. Folglich handelt es sich um ein trockenes Gerät, bei dem kein Waschlauf erforderlich ist. Das verringert den Wartungsaufwand und erhöht die Effizienz des Geräts.



Abbildung 4: NextSeq 1000- und NextSeq 2000-Reagenzienkartusche: Die integrierte Kartusche enthält Reagenzien, Fluidik und Abfallaufnahme. Es müssen lediglich die Reagenzienkartusche aufgetaut und vorbereitet, die Fließzelle eingesetzt, die Bibliothek geladen und mit der Kartusche im Gerät platziert werden.

Flexibilität zur Erweiterung, Skalierbarkeit für Wachstum

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System bieten eine umfassende Plattform, die die notwendige Flexibilität zur Erweiterung des Anwendungsbereichs sowie für die effiziente Skalierung mitbringt. Mit schnellen, genauen Ergebnissen, der Ausgabe von 10 Gb bis 540 Gb sowie integrierten Informatikoptionen eignen sich das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System für einen breit gefächerten Anwendungsbereich (Tabelle 4, Tabelle 5), der u. a. Metagenomik, räumlich aufgelöste Transkriptomik, Einzelzellstudien und vieles mehr umfasst.

Breite des Anwendungsbereichs

Für das NextSeq 2000 System stehen vier Fließzellentypen (P1, P2, P3 und P4) und 14 Kitkonfigurationen zur Verfügung. Beim NextSeq 1000 System sind es zwei Fließzellentypen (P1 und P2) und sieben Kitkonfigurationen[†] (Tabelle 1). Read-Längen von 1 × 50 bp bis 2 × 300 bp eignen sich für eine Vielzahl von Anwendungen und Studiengrößen (Tabelle 4):

- Kits für 600 Zyklen für Anwendungen, bei denen es auf die Read-Länge ankommt, wie *De-novo*-Assemblierung kleiner Genome, gezielte Metagenomik, Shotgun-Metagenomik, Metatranskriptomik und Immunrepertoire-Profilierung
- Kits für 300 oder 200 Zyklen zur Sequenzierung von gezielten Panels, Exomen und großen Panels, Transkriptomen, zirkulierender Tumor-DNA und großen Genomen
- Kits für 100 oder 50 Zyklen für Zählungsanwendungen wie Genexpressions-, Einzelzell- und räumliches Profiling

Die NextSeq 2000 P4-Fließzelle liefert bis zu 1,8 Milliarden Single-End-Reads pro Lauf, maximiert die Batcherstellung und eignet sich für Projekte mit hohen Datenvolumen wie Exomsequenzierung und Multiomik sowie Einzelzell- und räumliche Analyse.

[†] Kunden, die ein NextSeq 1000 System erwerben, können dieses bei Bedarf einfach auf ein NextSeq 2000 System aufrüsten und es so für umfangreichere Anwendungen einsetzen.

Rationalisierte Analyseoptionen

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System ermöglichen den Zugriff auf geräteeigene, lokale und cloudbasierte Analysesoftware, sodass Anwender Daten wie gewünscht analysieren können (Abbildung 5).

Läufe können lokal und in der Cloud konfiguriert werden. Bei der lokalen Konfiguration können Benutzer ein eigenes Probenblatt erstellen oder eine praktische, vorausgefüllte Vorlage von Illumina verwenden. Die Konfiguration in der Cloud erfolgt mithilfe der Run Planner-App in BaseSpace™ Sequence Hub. Nach der Fertigstellung werden die Laufkonfigurationsdaten in das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System importiert. Anschließend starten Anwender den gewünschten Lauf.

Die optimierte Gerätesoftware zeichnet sich gegenüber früheren Tischsystemen durch eine übersichtlichere Benutzeroberfläche und eine verbesserte Darstellung

von Geräte- und Laufstatus aus. Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System stellen Dateien in branchenüblichen Formaten bereit, die in zahlreichen LIMS (Laborinformations- und Managementsystemen) zur Anwendung kommen, und ermöglichen so die automatische Probenverfolgung sowie ein automatisches Datenmanagement. Die Sekundäranalyse kann im Rahmen der Laufkonfiguration eingerichtet werden, sodass weniger Benutzereingriffe erforderlich sind.

Genauere und effiziente DRAGEN-Sekundäranalyse im Gerät

Bei der geräteinternen DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics)-Sekundäranalyse handelt es sich um eine genaue und effiziente Lösung für das Varianten-Calling. Die DRAGEN-Plattform verwendet optimierte, hardwarebeschleunigte Algorithmen für zahlreiche Genomanalyselösungen wie Konvertierung von Base-Call-Dateien (BCL), Komprimierung, Mapping, Alignment, Sortierung, Dublettenmarkierung und Varianten-Calling.

Tabelle 4: Beispiele für die umfassenden Anwendungsmöglichkeiten des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System

Anwendung ^a	P1 XLEAP-SBS		P2 XLEAP-SBS		P3 XLEAP-SBS		P4 XLEAP-SBS	
	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit
Sequenzierung kleiner Genome (300 Zyklen) Genom mit 130 Mb; > 30-fache Coverage	7	17 h	30	22 h	92	40 h	138	44 h
Exomsequenzierung (200 Zyklen) ca. 8 Gb pro Exom, 100-fache mittlere Coverage	ca. 2 ^b	17 h ^b	10	19 h	30	31 h	45	34 h
Gesamt-RNA-Seq (200 Zyklen) 50 Mio. Read-Paare je Probe	2 ^{b, c}	17 h ^b	8	19 h	24	31 h	36	34 h
mRNA-Seq (200 Zyklen) 25 Mio. Read-Paare je Probe	4 ^{b, c}	17 h ^b	16	19 h	48	31 h	72	34 h
Einzelzell-RNA-Sequenzierung (100 Zyklen) 5.000 Zellen, 20.000 Reads je Zelle	1 ^d	8 h	4	12 h	12	18 h	18	20 h
miRNA-Seq oder Analyse kleiner RNA (50 Zyklen) 11 Mio. Reads pro Probe	9 ^e	8 h ^e	36 ^e	12 h ^e	108 ^e	18 h ^e	163	12 h
16S-RNA-Sequenzierung (600 Zyklen)	384 ^f	34 h	384 ^f	42 h	–	–	–	–

a. Die empfohlene Sequenzierungstiefe ist abhängig von Probentyp und Untersuchungsziel. Sie muss studienspezifisch optimiert werden.

b. Kits für 200 Zyklen sind nicht für P1-Fließzellen verfügbar. P1-Kit für 300 Zyklen verwenden.

c. Die empfohlenen Read-Längen sind 2 × 75 bp bei Illumina Stranded Total RNA Prep und Illumina Stranded mRNA Prep sowie 2 × 100 bp bei Illumina RNA Prep with Enrichment.

d. P1-Reagenzien eignen sich bestens für Einzelzellversuche zur Qualitätskontrolle.

e. Kits für 50 Zyklen nicht verfügbar für P1-, P2- oder P3-XLEAP-SBS-Fließzellen. Kits für 100 Zyklen verwenden.

f. Es sind max. 384 eindeutige doppelte Indizes verfügbar.

Die geräteeigene Lösung bietet Zugriff auf ausgewählte DRAGEN-Informatikpipelines (Tabelle 5), mit denen Anwender in nur zwei Stunden Ergebnisse erhalten. Die DRAGEN-Informatiklösungen nutzen unerreichte Pipelinealgorithmen, mit denen Anwender Schwierigkeiten bei der Datenanalyse bewältigen können und somit weniger abhängig von externen Informatikexperten sind. Die integrierte DRAGEN-Analyselösung ist in den Gerätekosten enthalten. Der Erwerb einer zusätzlichen Lizenz ist nicht erforderlich.

Automatische Cloudintegration

Für Anwender, die eine cloudbasierte Analyselösung bevorzugen, sind das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System in unsere Genomik-Cloud-Computing-Plattformen BaseSpace Sequence Hub und Illumina Connected Analytics integriert. Die DRAGEN-Analyse in BaseSpace Sequence Hub und Illumina Connected Analytics bietet erweiterte Funktionen zur Ergebnisvisualisierung und Tabellensortierung in einer intuitiven Oberfläche. In der Cloud finden Anwender zahlreiche Bioinformatiktools und können Daten weltweit teilen. Die mit dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System generierten Daten sind kompatibel mit branchenüblichen Formaten und lassen sich so problemlos in die gewünschte Lösung importieren.

Tabelle 5: DRAGEN-Informatikpipelines im NextSeq 1000 System und im NextSeq 2000 System

Pipeline ^a	Anwendungen
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> • Exomsequenzierung • Gezielte Resequenzierung
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Transkriptom-Genexpression • Erkennung von Genfusionen
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Einzelzell-Transkriptom-Sequenzierung
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> • Genomsequenzierung
DRAGEN Amplicon ^b	<ul style="list-style-type: none"> • DNA-Amplikon-Panels • Gezielte Resequenzierung
DRAGEN ORA ^c Compression	<ul style="list-style-type: none"> • Komprimieren von FASTQ-Dateien

a. In der Cloud sind weitere DRAGEN-Informatikpipelines verfügbar; vollständige Liste unter illumina.com/DRAGEN.
 b. Nur für DNA-Proben unterstützt.
 c. ORA, Original Read Archive; DRAGEN ORA Compression lässt sich für alle DRAGEN-Pipelines verwenden.

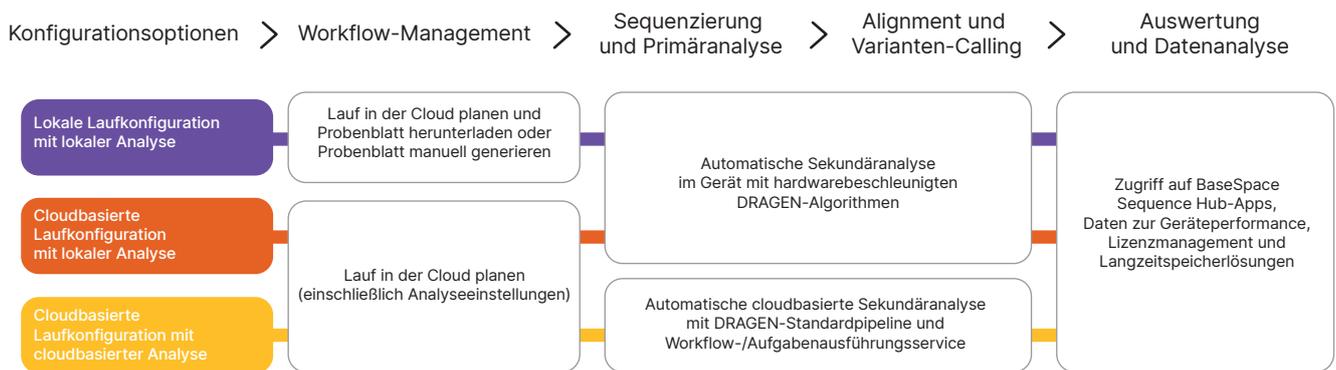


Abbildung 5: Flexible Informatiksuite: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System bieten Optionen für Laufkonfiguration, Laufmanagement und Datenanalyse lokal sowie in der Cloud, sodass Anwender die Sequenzierung ganz nach Wunsch durchführen können.

Bewährter weltweit führender Anbieter

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch die Sicherheit einer im Einsatz bewährten Lösung aus, bei der Ihnen zudem ein zuverlässiger Sequenzierungspartner zur Seite steht. Seit der Einführung im Jahr 2020 wurden über zweitausend Geräte installiert, die die Basis für Tausende von Publikationen gebildet haben. Mit einer ausgereiften globalen Infrastruktur für die Qualitätssicherung und Fertigung setzt Illumina dank umfassendem Support und unerreichter Produktkonsistenz den Standard für NGS-Lösungen.

Wenn Sie Teil dieser Community werden, erhalten Sie Zugriff auf ein umfassendes Ökosystem aus Anwendungen, Protokollen und Informatiklösungen, die gemeinsam mit Tausenden Forschern und Branchenführern aus aller Welt entwickelt wurden.

Vertrauen in kontinuierliche Innovation

Illumina verfügt über langjährige Erfahrung bei der Entwicklung von Genomiklösungen, die die kostengünstige Durchführung von Studien mit dem Durchsatz und Umfang ermöglichen, die zum Erreichen von Forschungszielen erforderlich sind. Die Kundenerfahrung steht bei allen Innovationen im Mittelpunkt. Damit werden die Probenvorbereitung, die Sequenzierung und die Analyse von Daten so einfach wie möglich.

Einfacher, schneller Support

Modularer Aufbau

Der modulare Aufbau des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System vereinfacht Wartung und Support. Geräteeigene Sensoren überwachen die Systemperformance und warnen die Anwender bei möglichen Problemen. Wartungstechniker können Fehlerbehebungen und Reparaturen einfacher durchführen, was Zeit spart.

Illumina Proactive

Bei Illumina Proactive handelt es sich um einen sicheren Gerätesupportservice per Fernzugriff, mit dem sich das Ausfallrisiko präventiv bestimmen, Lauffehler effizienter beheben und Ausfälle während Läufen verhindern lassen. Durch den Hinweis auf anstehende

Reparaturen an Illumina-Servicetechniker, die dann einen Wartungstermin vereinbaren können, trägt der kostenlose Service dazu bei, ungeplante Ausfallzeiten auf ein Minimum zu reduzieren und den unnötigen Verlust von Proben zu verhindern.

Einsatz für Ihren Erfolg

Bei jedem Systemkauf ist eine einjährige Servicegarantie inbegriffen. Zusätzlich sind umfassende Wartungs-, Reparatur- und Qualifikationslösungen erhältlich. Neben Vor-Ort-Schulungen, fortlaufender Unterstützung und Telefonsupport bietet Illumina Webinare und Schulungen an verschiedenen Standorten von Illumina weltweit an. Wir verfügen über alle Ressourcen, die Sie benötigen, um den Fortschritt zu beschleunigen.

Mit dem weltweit unerreichten Support, für den bei Illumina ein Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse zuständig ist, profitieren Sie jederzeit optimal von Ihrem Kauf und halten Betriebsunterbrechungen auf minimalem Niveau. Dieses engagierte Team besteht aus hochqualifizierten Servicetechnikern, Technical Applications Scientists (TAS), Field Application Scientists (FAS), Systemsupporttechnikern, Bioinformatikern und IT-Netzwerkexperten, die alle bestens mit der NGS und den Anwendungen der Illumina-Kunden weltweit vertraut sind. Den [technischen Support](#) erreichen Sie telefonisch an fünf Tagen in der Woche. Der Onlinesupport steht weltweit rund um die Uhr in zahlreichen Sprachen zur Verfügung.

Zusammenfassung

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System setzen neue Maßstäbe für Tischsequenziersysteme. Die hohe Flexibilität und Skalierbarkeit ermöglichen in Kombination mit der dank XLEAP-SBS-Chemie höheren Leistung eine Vielzahl von Anwendungen. Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System zeichnen sich durch bewährte NGS-Technologie, einfache Bedienung, einen optimierten Workflow mit Analyse und umfassenden Support aus.

Weitere Informationen

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

Spezifikationen für das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System

Spezifikationen
Gerätekonfiguration Eigenständiges Gerät ohne Verbrauchsmaterialien mit DRAGEN-FPGA-Sekundäranalyse (Field-Programmable Gate Array)
Gerätesteuereungscomputer Basiseinheit: 2U-Mikroserver im Gerät Arbeitsspeicher: 288 GB Festplatte: 3,8 TB SSD Betriebssystem: Linux CentOS 7.6
Betriebsbedingungen Temperatur: 15–30 °C Luftfeuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit, nicht kondensierend Höhe: 0–2.000 m Nur für den Innengebrauch
Laser Wellenlängen: 449 nm, 523 nm, 820 nm Sicherheit: Laserprodukt der Klasse 1
Abmessungen B × T × H: 55 cm × 65 cm × 60 cm Gewicht: 141 kg Maße der Transportkiste B × T × H (verpackt): 92 cm × 120 cm × 118 cm Verpacktes Gewicht: 232 kg
Leistungsbedarf Geräteeingangsspannung: 100 VAC bis 240 VAC Geräteeingangsfrequenz: 50/60 Hz
Bandbreite für Netzwerkverbindung 200 MB/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads 200 MB/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-Uploads 5 MB/s je Gerät für das Hochladen von Betriebsdaten des Geräts
Produktsicherheit und Compliance NRTL-Zertifizierung IEC CE-Kennzeichnung gemäß 61010-1 FCC/IC-Zulassung

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
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. XLEAP-SBS-Reagenzien-Kits für die Geräte NextSeq 1000 und NextSeq 2000 werden bei der gleichen Temperatur versandt und gelagert wie herkömmliche SBS-Reagenzien-Kits.



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) |
 +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
 M-NA-00008 DEU v12.0