

NextSeq™ 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System

Explore las aplicaciones actuales y emergentes con más eficiencia y menos restricciones

- Versatilidad y flexibilidad para ampliar la gama de aplicaciones que puede realizar en un sistema de sobremesa
- Simplicidad operativa con cartuchos de carga y descarga e informática integrada
- Mejora de los aspectos económicos de los experimentos con un alto rendimiento para admitir los estudios más extensos y los métodos con uso intensivo de datos

illumina®



Introducción

Las innovaciones en la secuenciación de nueva generación (NGS, Next-Generation Sequencing) ayudan a la comunidad genómica a formular y dar respuesta a preguntas científicas cada vez más complejas. En todo el espectro de la oncología, la investigación de microbiomas, los estudios de células únicas y en otras aplicaciones emergentes, los investigadores necesitan potencia de secuenciación para poder realizar estudios más extensos, con más muestras y con más profundidad de secuenciación a un menor coste.

Con el objetivo de respaldar esta mejora en la investigación, Illumina es una empresa comprometida con el fomento de la exploración del genoma, el transcriptoma y el epigenoma proporcionando a los usuarios avances innovadores de la tecnología y los sistemas. Durante los últimos 20 años, Illumina ha estado a la vanguardia a la hora de mejorar las capacidades de secuenciación en todo el flujo de trabajo, facilitando su uso y reduciendo los costes para los usuarios de productividad tanto baja como alta.

Esta tradición continúa con NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System (Figura 1, Tabla 1). Estas revolucionarias plataformas ofrecen un diseño innovador del sistema, innovaciones en los procesos químicos, compatibilidad con una lista cada vez más amplia de opciones de preparación de librerías e informática integrada en el instrumento para realizar análisis secundarios rápidos. Una gama de tipos de celdas de flujo y kits permiten satisfacer una variedad de necesidades de lotes y productividad de los clientes, desde la secuenciación de ARN en bruto (ARN-Seq) hasta la secuenciación de 16S y la metagenómica de escopeta.

El resultado: Illumina NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System son plataformas versátiles y flexibles con una gama de opciones de celda de flujo que respaldarán la investigación de hoy y del futuro.

Adaptabilidad para realizar más, versatilidad para crecer más

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System hacen uso de los últimos 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. Actualmente, los usuarios pueden obtener la productividad, la calidad de los datos y el coste necesarios para satisfacer sus necesidades, desde lotes más pequeños y productividades menores, hasta aplicaciones de mayor productividad y alta intensidad, todo ello en un sistema de secuenciación de sobremesa.



Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System. El sistema NextSeq 2000 ofrece características de diseño innovadoras, procesos químicos avanzados, 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.

Innovaciones tecnológicas que permiten mejorar el rendimiento

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System usan celdas de flujo de patrones parecidas a las que alimentan NovaSeq™ 6000 System. El resultado es un sistema de sobremesa muy versátil, sólido y flexible que ofrece celdas de flujo de alta densidad de grupos para reducir el coste por gigabase (Gb) del experimento de secuenciación.

Para aprovechar al máximo estas celdas de flujo de mayor densidad, NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System incorporan un novedoso sistema óptico de gran resolución que proporciona datos de imágenes de alta precisión con una mayor resolución y sensibilidad que los sistemas de sobremesa tradicionales. Esta miniaturización proporciona la flexibilidad necesaria para toda una variedad de cantidades de resultados a la vez que tiene los mismos y elevados estándares de calidad de datos que disfrutaban los usuarios del sistema NextSeq 550 y MiSeq™.

Gracias a décadas de experiencia, los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 ofrecen la química líder del sector de secuenciación por síntesis (SBS, Sequencing By Synthesis), optimizada, para aumentar el brillo del grupo, reducir la diafonía de canales y mejorar la relación señal/ruido. La combinación de este avance con mejoras en la formulación que reducen

el tamaño real de la reacción, los usuarios de reactivos de NextSeq 1000 y NextSeq 2000 pueden obtener datos de alta calidad y una reducción global del volumen y de los desperdicios de reactivo, reduciendo al mínimo los requisitos físicos de almacenamiento. Además, la mayor solidez y estabilidad permiten el envío de la celda de flujo a temperatura ambiente.

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

Longitud de lectura	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Rendimiento por celda de flujo^a			
Lecturas de CPF	100 M	400 M (300 M para 2 × 300 pb)	1,2 B
1 × 50 pb	–	–	60 Gb
2 × 50 pb	10 Gb	40 Gb	120 Gb
2 × 100 pb	–	80 Gb	240 Gb
2 × 150 pb	30 Gb	120 Gb	360 Gb
2 × 300 pb	60 Gb	180 Gb	–
Puntuaciones de calidad^b			
1 × 50 pb		≥90 % de bases superior a Q30	
2 × 50 pb		≥90 % de bases superior a Q30	
2 × 100 pb		≥85 % de bases superior a Q30	
2 × 150 pb		≥85 % de bases superior a Q30	
2 × 300 pb		≥80 % de bases superior a Q30	
Duración del experimento			
1 × 50 pb	–	–	~11 h
2 × 50 pb	~10 h	~13 h	~19 h
2 × 100 pb	–	~21 h	~33 h
2 × 150 pb	~19 h	~29 h	~48 h
2 × 300 pb	~34 h	~44 h	–

a. Las especificaciones de rendimiento se basan en un modo de funcionamiento con una sola celda de flujo gracias a la librería de control de PhiX de Illumina con densidades de grupos compatibles; CPF (grupos que superan el filtro)

b. 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.

Sitúese a la vanguardia con estudios innovadores y con más capacidades

Gracias a sus rápidos y precisos resultados, la capacidad de ampliación de 10 Gb a 360 Gb y a las versátiles opciones informáticas, NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System resultan ideales para aplicaciones de gran alcance (Tabla 2) en metagenómica, transcriptómica espacial, oncología, enfermedades genéticas, etc. 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.

Un flujo de trabajo potente y sencillo con un sistema integrado e informática avanzada

En Illumina, 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. NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System proporcionan un flujo de trabajo sencillo que combina facilidad para cargar y descargar e informática avanzada (Figura 2 y Figura 3) para beneficiar tanto a los nuevos usuarios como a los más avanzados.

Plataforma con cartuchos de fácil uso

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System sacan provecho de un cartucho integrado que incluye los reactivos, la fluídica y el recipiente de residuos, facilitando la carga de la librería y el uso del instrumento. Simplemente necesita descongelar el cartucho de reactivos, introducir la celda de flujo en el cartucho, cargar la librería en el cartucho e introducir el cartucho montado 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

Dado que los reactivos se mantienen siempre dentro del cartucho, el diseño sin líquido del instrumento no necesita lavarse, lo que se traduce en un mantenimiento optimizado y en una eficacia mejorada del mismo.

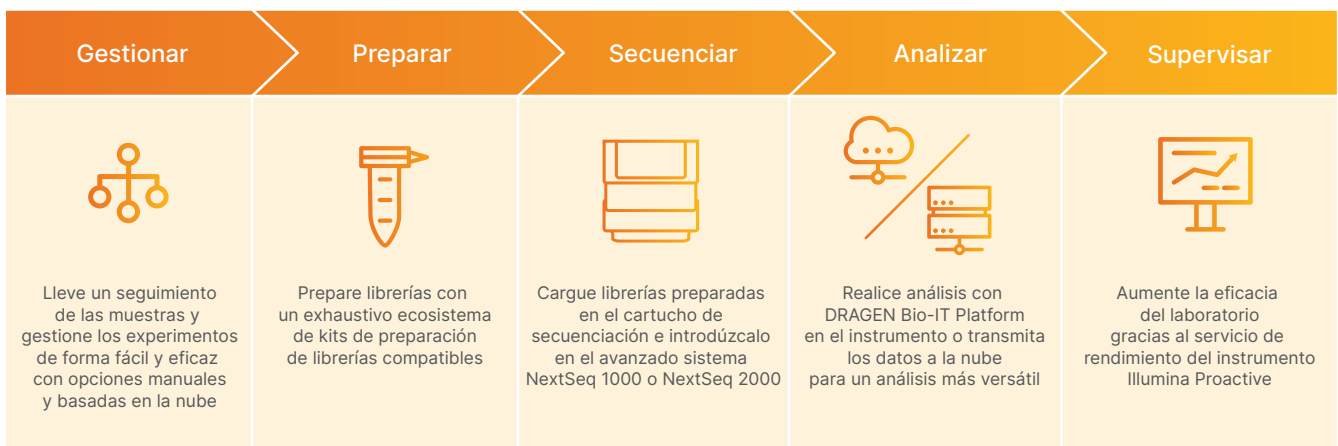


Figura 2: Flujo de trabajo intuitivo desde la librería hasta el análisis. NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System proporcionan un flujo de trabajo exhaustivo que incluye la configuración sencilla de los experimentos, el ecosistema más amplio de kits de preparación de librerías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

Tabla 2: Algunas de las aplicaciones más exhaustivas disponibles en NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System

Aplicación ^a	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	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 >30x	7	~19 h	30	~29 h	90	~48 h
Secuenciación del exoma completo (200 ciclos) Cobertura selectiva promedio de 50x; cobertura selectiva al 90 % de 20x	4 ^b	~19 h	16	~21 h	48	~33 h
ARN-Seq total (200 ciclos) 50 M de pares de lectura por muestra	2 ^{b,c}	~19 h	16	~21 h	24	~33 h
ARNm-Seq (200 ciclos) 25 M de pares de lectura por muestra	4 ^{b,c}	~19 h	32	~21 h	48	~33 h
ARN-Seq de células únicas (100 ciclos) ^a 5000 celdas, 20 000 lecturas/celda	1 ^d	~10 h	4	~13 h	11	~19 h
miARN-Seq o análisis de ARN de tamaño pequeño (50 ciclos) 11 M de lecturas/muestra	9 ^e	~10 h	36 ^f	~13 h	108	~11 h
Secuenciación de ARN de 16S (600 ciclos)	384 ^g	~34 h	384 ^g	~44 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. Use el kit de 300 ciclos de P1.
- 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 células únicas.
- e. Use el kit de 100 ciclos de P1.
- f. Use el kit de 100 ciclos de P2.
- g. Se dispone de un máximo de 384 índices dobles únicos.



Figura 3: Conjunto de programas informático versátil. Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 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.

Análisis simplificados, opciones versátiles

Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 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.

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, con pantallas fáciles de leer, criterios de medición del experimento más sencillos de entender y una mejor visualización del estado del instrumento y del experimento en comparación con los sistemas de sobremesa anteriores. Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 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, reduciendo el número de puntos de contacto del usuario necesarios.

Análisis preciso y eficaz con DRAGEN™ Bio-IT Platform en el instrumento

DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT Platform en el instrumento ofrece una solución precisa y eficaz para realizar análisis secundarios. 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. Habrá disponibles nuevos procesos para las aplicaciones nuevas y emergentes. La solución en el instrumento permite acceder a algunos procesos informáticos de DRAGEN (Tabla 3), 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 novatos y expertos a superar los cuellos de botella que se produzcan en el análisis de los datos y reducir así la dependencia de expertos informáticos externos. Los usuarios pueden dedicar menos tiempo y esfuerzo para ejecutar procesos de producción y pueden dedicarse más a los resultados. El análisis de DRAGEN en el instrumento está incluido en el coste del instrumento y no requiere la compra de una licencia adicional.

Tabla 3: Procesos informáticos de DRAGEN integrados en los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 con solo pulsar un botón

Proceso ^a	Aplicaciones	Funcionalidad clave
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del exoma completo • Resecuenciación selectiva 	<ul style="list-style-type: none"> • Alineación • Llamada de variantes pequeñas • Modos germinal y somático (solo para tumores) • Llamada de variantes estructurales (SV, Structural Variant) • Llamadas de variantes de números de copias (CNV, Copy Number Variant) • Archivos de manifiesto personalizados
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Expresión génica del transcriptoma completo • Detección de fusiones génicas 	<ul style="list-style-type: none"> • Alineación • Detección de fusiones • Expresión génica • Expresión diferencial
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del transcriptoma completo de células únicas 	<ul style="list-style-type: none"> • Códigos de barras de las celdas y corrección de errores • Alineación • Expresión génica • Filtrado de celdas • Generación de informes básicos y visualización
Compresión de DRAGEN ORA ^b	<ul style="list-style-type: none"> • Compresión de archivos FASTQ 	<ul style="list-style-type: none"> • Compresión sin pérdidas • Reducción del tamaño del archivo en hasta 5x
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación del genoma completo 	<ul style="list-style-type: none"> • Alineación • Llamada de variantes pequeñas • Llamada de SV/CNV^c • Expansión repetida^c • Regiones de homocigosis^c • Genotipado CYP2D6^c
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> • Paneles de amplicones de ADN • Resecuenciación selectiva 	<ul style="list-style-type: none"> • Alineación • Llamada de variantes pequeñas • Modos germinal y somático (solo para tumores)

a. Hay disponibles procesos informáticos de DRAGEN adicionales en la nube; visite illumina.com/DRAGEN para ver la lista completa.

b. ORA (archivo de lectura original); la compresión ORA de DRAGEN se puede activar con cualquiera de los procesos de DRAGEN.

c. Función disponible únicamente para el genoma humano.

d. Válido únicamente para muestras de ADN; disponibilidad a partir de DRAGEN v3.8.

Un ecosistema de aplicaciones en BaseSpace Sequence Hub

Los usuarios que prefieran usar una solución de análisis en la nube pueden hacerlo con BaseSpace Sequence Hub, una plataforma informatizada de genómica en la nube que proporciona herramientas sencillas de gestión de datos y de secuenciación analítica directamente a los investigadores en un formato de fácil uso. 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 los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 son compatibles con los formatos estándar del sector a la hora de importar cómodamente a la solución elegida.

Servicio de alto nivel para un mayor control de las muestras y tiempos de inactividad más reducidos

Para que pueda aprovechar al máximo la inversión, lograr el mejor rendimiento y reducir al mínimo las interrupciones, Illumina proporciona un equipo de asistencia técnica de primer nivel compuesto por científicos expertos en la preparación, la secuenciación y el análisis de librerías. 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. La 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. Sea cual sea el método elegido, los equipos de asistencia técnica estarán disponibles cuando los necesite.

Construcción modular para una asistencia técnica más sencilla y rápida

Los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000 se han concebido de forma modular, lo que simplifica el servicio y la asistencia técnica. Los sensores en el instrumento supervisan el funcionamiento 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 y reduce frustraciones.

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.

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 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.

Flexibilidad para el futuro mientras gestiona las eficiencias ahora

Con más de 17 000 sistemas activos, Illumina se está convirtiendo en la norma de 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.

Illumina tiene un historial probado de producción 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. El sistema NextSeq 2000 proporciona una mayor variedad de opciones de productividad para satisfacer las necesidades de aplicaciones nuevas y emergentes, mejorando al mismo tiempo la economía de los experimentos para las aplicaciones actuales. El rendimiento del sistema NextSeq 1000 es más bajo que el del sistema NextSeq 2000 y está disponible a un precio también más asequible. Con el fin de garantizar una flexibilidad versátil para el futuro, los clientes que adquieren un sistema NextSeq 1000 pueden actualizarlo fácilmente al sistema NextSeq 2000.

Resumen

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System revolucionan el concepto de lo que se puede lograr con un sistema de secuenciación de sobremesa. Con una gran versatilidad y flexibilidad para admitir una amplia gama de aplicaciones, los laboratorios, tanto de pequeño como gran nivel, dispondrán de una capacidad sin precedentes para investigar, y descubrir, más.

Información adicional

NextSeq 1000 Sequencing System y NextSeq 2000 Sequencing System, [illumina.com/NextSeq2000](https://www.illumina.com/NextSeq2000)

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 Reagents (100 cycles)	20074933
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (300 cycles)	20050264
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (600 cycles)	20075294
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 cycles)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 cycles)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 cycles)	20046813
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (600 cycles)	20075295
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 cycles)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 cycles)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 cycles)	20040560
NextSeq 2000 P3 Reagents (300 cycles)	20040561
NextSeq 1000/2000 Read and Index Primers	20046115
NextSeq 1000/2000 Index Primer Kit	20046116
NextSeq 1000/2000 Read Primer Kit	20046117

Especificaciones de los sistemas NextSeq 1000 y NextSeq 2000

Especificaciones

Configuración del instrumento

Instrumento completo y sin líquidos con análisis secundario de matriz de puertas programables en campo (FPGA, Field-Programmable Gate Array) con DRAGEN Bio-IT integrado

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

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

Láser

Longitudes de onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm
 Seguridad: producto láser de clase 1

Dimensiones

Anchura × profundidad × altura: 60 cm × 65 cm × 60 cm
 Peso: 141 kg

Dimensiones del embalaje

Anchura × profundidad × altura embalado: 92 cm × 120 cm × 118 cm
 Peso de embalaje: 232 kg

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

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

Seguridad y cumplimiento del producto

NRTL con certificación IEC
 Marcado CE 61010-1
 Aprobado por FCC/IC

illumina®

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

© 2022 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 v4.0