

# Systemes de séquençage NextSeq<sup>MC</sup> 1000 et NextSeq 2000

Explorez les applications  
actuelles et émergentes  
avec plus d'efficacité et  
moins de contraintes.

- Flexibilité et évolutivité afin d'élargir l'éventail des applications que vous pouvez effectuer sur un système de paillasse
- Simplicité d'utilisation grâce à des cartouches chargement-exécution et des systèmes informatiques intégrés
- Amélioration de l'économie d'exploitation avec un débit élevé pour soutenir des études plus larges et des méthodes à forte intensité de données

**illumina**<sup>MD</sup>

Destiné à la recherche uniquement. Ne pas utiliser à des fins de diagnostic.



illumina<sup>®</sup>

## Introduction

Les innovations dans le séquençage de nouvelle génération (SNG) aident la communauté génomique à poser et à répondre à des questions scientifiques de plus en plus complexes. À travers des domaines de l'oncologie, de la recherche sur le microbiome, des études monocellulaires et d'autres applications émergentes, les chercheurs ont besoin de séquençage avancé pour fournir plus d'échantillons au séquençage approfondi à des études plus importantes et ce à moindre coût.

Pour soutenir cet essor dans la recherche, Illumina s'engage à permettre l'exploration du génome, du transcriptome et de l'épigénome en offrant aux utilisateurs des avancées innovantes de la technologie et des systèmes. Au cours des 20 dernières années, Illumina a pris les devants pour améliorer les capacités de séquençage sur l'ensemble du flux de travail, en facilitant l'utilisation tout en réduisant les coûts pour les utilisateurs ayant un bas débit ou un débit élevé.

Cette pratique se poursuit avec les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 (figure 1, tableau 1). Ces plates-formes révolutionnaires offrent une conception de système innovante, des innovations chimiques, une compatibilité avec un large éventail d'options de préparation de librairie et une informatique intégrée pour une analyse secondaire rapide. Une gamme de types de Flow Cell et de trousseaux prend en charge une variété de besoins des clients en matière de lots et de débit, du séquençage de l'ARN (RNA-Seq) au séquençage 16S et au séquençage de fusil de chasse.

Le résultat : les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 d'Illumina sont des plates-formes flexibles et évolutives dotées d'un large éventail d'options de Flow Cell qui soutiendront la recherche d'aujourd'hui et de demain.

## Flexibilité pour faire plus, évolutivité pour croître plus

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 exploitent les dernières avancées en matière d'optique, de conception d'instruments et de chimie des réactifs pour miniaturiser le volume de la réaction de séquençage tout en augmentant le débit et en réduisant le coût par cycle. Désormais, les utilisateurs peuvent obtenir le débit, la qualité des données et le coût requis pour répondre à leurs besoins, qu'il s'agisse de lots de petite taille et de faibles débits, ou d'applications à débit élevé et à haute intensité, le tout sur un système de séquençage de paillasse.



Figure 1 : Le système de séquençage NextSeq 2000 – le système NextSeq 2000 offre des fonctionnalités de conception innovantes, une chimie avancée, une bioinformatique simplifiée et un flux de travail intuitif opérant la plus large gamme d'applications et offrant une souplesse d'adaptation sur un système de séquençage de paillasse.

## Innovations technologiques permettant un meilleur rendement

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 utilisent des Flow Cell à motifs similaires à ceux qui alimentent le système NovaSeq<sup>MC</sup> 6000. Le résultat est un système de paillasse hautement flexible, robuste et évolutif qui offre des Flow Cell à une densité d'amplifiats élevée pour réduire le coût par gigabase (Gb de l'analyse de séquençage).

Pour tirer pleinement parti de ces Flow Cell à densité élevée, les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 disposent d'un nouveau système d'optique de super résolution qui produit des données d'imagerie très précises avec une résolution et une sensibilité plus élevées que les systèmes de paillasse traditionnels. Cette miniaturisation offre une évolutivité pour un éventail de quantités de débit tout en maintenant les mêmes normes élevées de qualité des données que celles utilisées par les utilisateurs du système NextSeq 550 et MiSeq<sup>MC</sup>.

S'appuyant sur des décennies d'expertise, les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent une chimie de séquençage par synthèse (SBS), c'est à dire optimisée pour augmenter la luminosité de l'amplifiat, réduire la diaphonie des canaux et améliorer le rapport signal/bruit. La combinaison de cette évolution avec des améliorations de formulation qui réduisent la taille réelle de la réaction

permet aux utilisateurs de réactifs NextSeq 1000/2000 de réaliser des données de haute qualité et une réduction globale du volume et des déchets de réactifs, minimisant ainsi les exigences de stockage physique. De plus, la robustesse et la stabilité améliorées permettent un transport ambiant de la Flow Cell.

Tableau 1 : Paramètres de performance pour les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Longueur de lecture	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
<b>Débit par Flow Cell<sup>a</sup></b>			
Lectures APF	100 M	400M (300M pour 2 × 300 bp)	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	–
<b>Scores de qualité<sup>b</sup></b>			
1 × 50 pb		≥ 90 % des bases supérieures à Q30	
2 × 50 pb		≥ 90 % des bases supérieures à Q30	
2 × 100 pb		≥ 85 % des bases supérieures à Q30	
2 × 150 pb		≥ 85 % des bases supérieures à Q30	
2 × 300 pb		≥ 80 % des bases supérieures à Q30	
<b>Durée de l'analyse</b>			
1 × 50 pb	–	–	Env. 11 h
2 × 50 pb	Env. 10 h	Env. 13 h	Env. 19 h
2 × 100 pb	–	Env. 21 h	Env. 33 h
2 × 150 pb	Env. 19 h	Env. 29 h	Env. 48 h
2 × 300 pb	Env. 34 h	Env. 44 h	–

a. Les données sur le débit sont fondées sur le mode Flow Cell simple et l'utilisation d'une librairie de contrôle PhiX d'Illumina aux densités d'amplifiats prises en charge; APF, amplifiats passant le filtre.

b. Les scores de qualité sont fondés sur l'utilisation d'une librairie de contrôle PhiX d'Illumina; la performance peut varier selon le type et la qualité de la librairie, la taille de l'insert, la concentration de chargement et autres facteurs expérimentaux.

## Des études révolutionnaires pionnières avec accès à des capacités plus larges

Avec des résultats rapides et précis, une extensibilité de 10 Gb à 360 Gb et des options informatiques flexibles, les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont idéaux pour des applications de grande envergure (tableau 2) en métagénomique, transcriptomique spatiale, oncologie, maladies génétiques, et plus. Ajoutez une assistance technique inébranlable et les laboratoires sont parés pour la charge de travail d'aujourd'hui et les futures applications émergentes.

## Un flux de travail puissant et simplifié piloté par un système intégré et informatique de pointe

Chez Illumina, l'expérience client est au centre de toute innovation, ce qui facilite la préparation des échantillons, le séquençage et l'analyse des données. Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent un flux de travail simplifié, combinant facilité de chargement-exécution et informatique avancée (figure 2 et figure 3) profitant aux utilisateurs nouveaux et avancés.

## Plate-forme à base de cartouches facile à utiliser

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 bénéficient d'une cartouche intégrée qui comprend les réactifs, la fluidique et le support de déchets, simplifiant le chargement de la librairie et l'utilisation des instruments. Décongelez simplement la cartouche de réactifs, insérez la Flow Cell dans la cartouche, chargez la librairie dans la cartouche et insérez la cartouche assemblée dans l'instrument. Les étapes de dénaturation et de dilution sont effectuées automatiquement.

En plus d'être facile à utiliser, la conception de la cartouche entièrement intégrée améliore l'efficacité tout au long de l'analyse de séquençage. En miniaturisant de nombreuses réactions de séquençage, la conception unique :

- Réduction des coûts d'exploitation
- Améliore le niveau de recyclabilité
- Minimise le volume des déchets

Dans la mesure où les réactifs ne quittent jamais la cartouche, la conception de l'instrument sec ne nécessite aucun lavage, ce qui permet de simplifier la maintenance et d'optimiser le rendement de l'instrument.

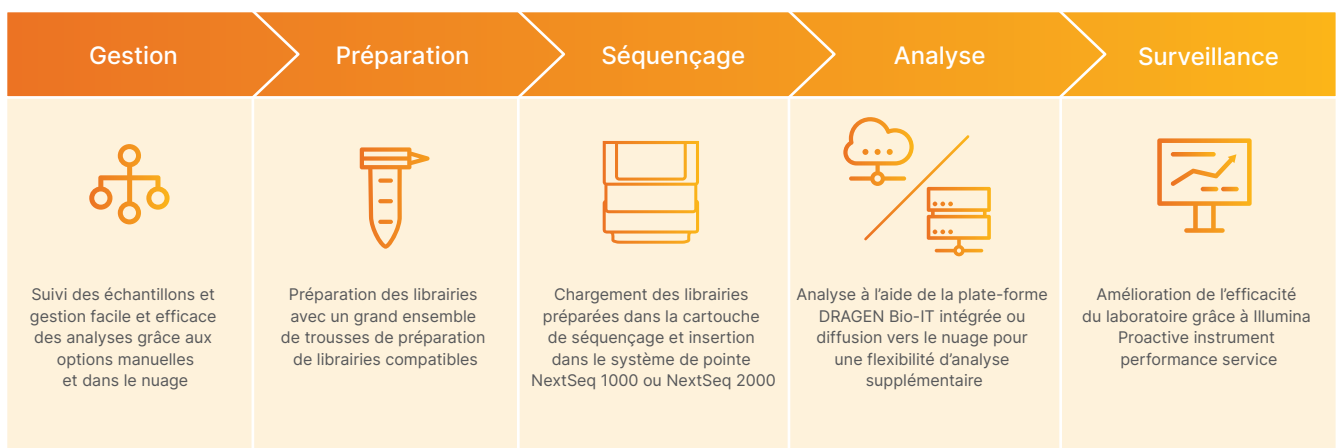


Figure 2 : Flux de travail intuitif de la librairie à l'analyse – les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 fournissent un flux de travail complet qui comprend une configuration conviviale de l'analyse, le plus large ensemble de trousseaux de préparation de librairie compatibles, un fonctionnement de chargement-exécution ainsi que l'analyse secondaire intégrée.

Tableau 2 : Certaines des applications générales disponibles sur les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Application <sup>a</sup>	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	Nombre d'échantillons	Durée	Nombre d'échantillons	Durée	Nombre d'échantillons	Durée
Séquençage d'un petit génome entier (300 cycles) génom 130 Mo; couverture > 30x	7	Env. 19 h	30	Env. 29 h	90	Env. 48 h
Séquençage d'un exome entier (200 cycles) Couverture ciblée moyenne 50x; couverture ciblée 90 % à 20x	4 <sup>b</sup>	Env. 19 h	16	Env. 21 h	48	Env. 33 h
Séquençage de l'ARN total (200 cycles) 50M paires de lecture par échantillon	2 <sup>b, c</sup>	Env. 19 h	16	Env. 21 h	24	Env. 33 h
Séquençage de l'ARNm (200 cycles) 25M paires de lecture par échantillon	4 <sup>b, c</sup>	Env. 19 h	32	Env. 21 h	48	Env. 33 h
Single-cell RNA-Seq (100 cycles) <sup>a</sup> 5 000 cellules, 20 000 lectures/cellule	1 <sup>d</sup>	Env. 10 h	4	Env. 13 h	11	Env. 19 h
Séquençage de l'ARNmi ou analyse de petits ARN (50 cycles) 11 M lectures/échantillon	9 <sup>e</sup>	Env. 10 h	36 <sup>f</sup>	Env. 13 h	108	Env. 11 h
Séquençage ARN 16 S (600 cycles)	384 <sup>g</sup>	Env. 34 h	384 <sup>g</sup>	Env. 44 h	–	–

- a. La profondeur de séquençage recommandée va dépendre en grande partie du type d'échantillon et de l'objectif de la recherche, et devra être optimisée pour chaque étude.
- b. Utiliser la trousse P1 300 cycles.
- c. Les longueurs de lecture recommandées sont de 2 x 75 bp pour Illumina Stranded Total RNA Prep et Illumina Stranded mRNA Prep et de 2 x 100 bp pour Illumina RNA Prep with Enrichment.
- d. Les réactifs P1 Reagents sont une bonne option pour les expériences de contrôle de la qualité à une seule cellule.
- e. Utiliser P1 100-cycle kit.
- f. Utiliser P2 100-cycle kit.
- g. Un maximum de 384 doubles indexes uniques est disponible.

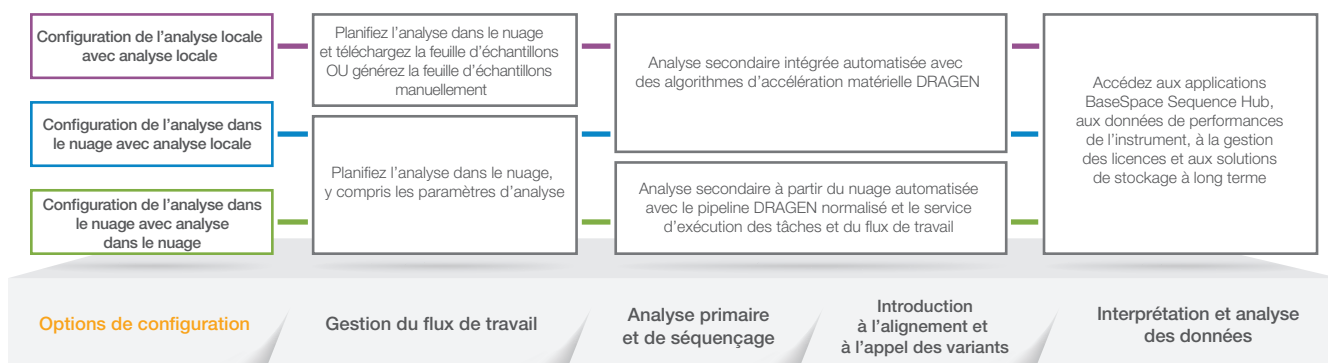


Figure 3 : Suite d'informatique flexible : les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent des options locales et sur le nuage pour configurer, gérer et exécuter l'analyse, permettant aux utilisateurs d'exécuter leur séquençage à leur façon.

## Analyse simplifiée, options flexibles

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent un accès aux logiciels d'analyse intégrés, locaux et basés sur le nuage, offrant aux utilisateurs la flexibilité d'analyser les données d'une manière qui répond à leurs besoins.

Les analyses peuvent être configurées localement ou sur le nuage. Pour la configuration locale, les utilisateurs peuvent créer leur propre feuille d'échantillons ou utiliser un modèle Illumina préconçu pratique. La configuration à partir du nuage utilise l'application Run Planner dans BaseSpace<sup>MC</sup> Sequence Hub. Une fois que les informations de configuration d'exécution sont prêtes, elles sont importées dans les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000. Les utilisateurs sélectionnent et démarrent l'analyse en question. Le logiciel de l'instrument optimisé offre une interface plus soignée avec des écrans faciles à lire, des métriques d'exécution plus faciles à comprendre ainsi qu'une visualisation améliorée de l'instrument et de l'état de l'analyse par rapport aux systèmes de paillasse antérieurs. Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 produisent des formats de fichiers conformes aux standards de l'industrie utilisés par divers systèmes de gestion des informations de laboratoire (LIMS) pour un suivi des échantillons et une gestion des informations sécurisés et automatisés. L'analyse secondaire peut être configurée dans le cadre de la configuration de l'analyse, ce qui réduit le nombre de points de contact requis.

### Une analyse précise et efficace à l'aide de la plate-forme intégrée Bio-IT DRAGEN<sup>MC</sup>

La plate-forme intégrée Bio-IT DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics (Analyse de lecture dynamique pour la GÉNomique)) offre une solution précise et efficace pour l'analyse secondaire. La plate-forme DRAGEN utilise des algorithmes optimisés et accélérés matériellement pour une grande variété de solutions d'analyse génomique, y compris la conversion de fichiers de définitions des bases (BCL), la compression, la cartographie, l'alignement, le tri, le marquage en double et l'appel des variants. De nouveaux pipelines seront disponibles pour des applications nouvelles et émergentes. La solution intégrée donne accès à certains pipelines informatiques DRAGEN ([tableau 3](#)), permettant aux utilisateurs de générer des résultats en seulement deux heures. L'informatique DRAGEN utilise les meilleurs algorithmes de pipeline pour aider les utilisateurs novices et experts à surmonter les congestions dans l'analyse des données et à réduire les recours à des experts informatiques externes. Les utilisateurs passent moins de temps et d'efforts à exécuter des pipelines au niveau de la production et peuvent se concentrer davantage sur les résultats. L'analyse DRAGEN intégrée est comprise dans le coût de l'instrument et ne nécessite pas l'achat d'une licence supplémentaire.

Tableau 3 : Bouton des pipelines de l'informatique DRAGEN intégré aux systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

Pipeline <sup>a</sup>	Applications	Fonctionnalité clé
Enrichissement DRAGEN	<ul style="list-style-type: none"> <li>Séquençage d'un exome entier</li> <li>Reséquençage ciblé</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Alignement</li> <li>Appel des petits variants</li> <li>Modes germlinal et somatique (tumeur seulement)</li> <li>Appel des variants structuraux (VS)</li> <li>Appel des variants du nombre de copies (VNC)</li> <li>Fichiers de manifeste personnalisés</li> </ul>
ARN DRAGEN	<ul style="list-style-type: none"> <li>Expression génique du transcriptome entier</li> <li>Détection des fusions de gènes</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Alignement</li> <li>Détection des fusions</li> <li>Expression génique</li> <li>Expression différentielle</li> </ul>
ARN cellule unique DRAGEN	<ul style="list-style-type: none"> <li>Séquençage du transcriptome entier à cellule unique</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Codes à barres des cellules et correction des erreurs</li> <li>Alignement</li> <li>Expression génique</li> <li>Filtrage des cellules</li> <li>Rapports et visualisations de base</li> </ul>
Compression d'ORA DRAGEN <sup>b</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Compression des fichiers FASTQ</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Compression sans perte</li> <li>Réduction de la taille des fichiers allant jusqu'à 5×</li> </ul>
Variant germlinal DRAGEN	<ul style="list-style-type: none"> <li>Séquençage du génome entier</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Alignement</li> <li>Appel des petits variants</li> <li>Appel de VS/VNC<sup>c</sup></li> <li>Expansion de répétition<sup>c</sup></li> <li>Régions d'homozygotie<sup>c</sup></li> <li>Génotypage CYP2D6<sup>c</sup></li> </ul>
Amplicon DRAGEN <sup>d</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Panels d'amplicons d'ADN</li> <li>Reséquençage ciblé</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Alignement</li> <li>Appel des petits variants</li> <li>Modes germlinal et somatique (tumeur seulement)</li> </ul>

a. D'autres pipelines de l'informatique DRAGEN sont disponibles dans le nuage; visitez [illumina.com/DRAGEN](https://www.illumina.com/DRAGEN) pour une liste complète.

b. ORA, original read archive (archive de lecture originale); la compression DRAGEN ORA peut être activée avec n'importe lequel des pipelines DRAGEN.

c. Fonctionnalité disponible pour les génomes humains uniquement.

d. Pris en charge pour les échantillons d'ADN seulement; disponible à partir de DRAGEN v3.8.



## Un ensemble d'applications dans un BaseSpace Sequence Hub

Les utilisateurs qui préfèrent utiliser une solution d'analyse sur le nuage peuvent le faire avec BaseSpace Sequence Hub, une plate-forme infonuagique de génomique qui offre aux chercheurs des outils de gestion des données simplifiés et de séquençage analytique dans un format convivial. À partir du nuage, les utilisateurs peuvent accéder à une large sélection d'outils de bioinformatique et partager des données à travers le monde. Les données générées à l'aide des systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont compatibles avec les formats standard de l'industrie pour permettre leur importation de façon pratique vers la solution de votre choix.

## Un service de classe mondiale pour plus de contrôle des échantillons et des temps d'arrêt réduits

Pour vous aider à maximiser vos investissements, à assurer des performances optimales et à minimiser les interruptions, Illumina met à disposition une équipe d'assistance de renommée mondiale composée de scientifiques expérimentés, d'experts en préparation de bibliothèques, en séquençage et en analyse. Cette équipe dévouée comprend des ingénieurs de service hautement qualifiés de terrain (FSE), des scientifiques des applications techniques (TAS), des scientifiques des applications de terrain (FAS), des ingénieurs de support système, des bio-informaticiens et des experts en réseaux informatiques, tous parfaitement familiarisés avec le séquençage de nouvelle génération (SNG) et les applications que les clients d'Illumina exécutent à travers le monde entier. L'assistance technique est disponible par téléphone cinq jours par semaine ou vous pouvez accéder à l'assistance en ligne en tout temps, de partout dans le monde et en plusieurs langues. Quoi qu'il en soit, les équipes d'assistance sont disponibles lorsque vous en avez besoin.

## Construction modulaire pour un support plus simple et plus rapide

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont construits en modules, simplifiant le service et le support. Les capteurs intégrés surveillent les performances du système et alertent les utilisateurs sur les problèmes possibles. Le dépannage et les réparations sont plus faciles à réaliser pour l'ingénieur de service, ce qui permet de gagner du temps et de réduire la frustration.

Chaque achat de système comprend une garantie de service d'un an. Des solutions complètes de maintenance, de réparation et de qualification sont également disponibles. De plus, Illumina offre la formation sur place, le soutien continu, les consultations téléphoniques, des webinaires et des cours dans différents bureaux

d'Illumina à travers le monde. Nous sommes là, avec toutes les ressources dont vous avez besoin pour accélérer les progrès.

Illumina Proactive est un service de support de performance des instruments sécurisé et à distance conçu pour détecter les risques de défaillance de manière préventive, résoudre les problèmes d'analyses plus efficacement et prévenir les pannes pendant l'analyse. Le service permet de minimiser les temps d'arrêt imprévus et d'éviter les pertes d'échantillon inutiles en anticipant les réparations et en alertant le personnel de service Illumina pour planifier des visites de maintenance.

## Adaptés pour le futur tout en augmentant l'efficacité aujourd'hui

Avec plus de 17 000 systèmes actifs, Illumina établit la norme pour les solutions de séquençage de nouvelle génération (SNG). Rejoindre cette communauté donne accès à un grand ensemble d'applications, de protocoles et d'informatique qui ont été construits en collaboration avec des milliers de chercheurs et de visionnaires de l'industrie à travers le monde.

Illumina a une expérience éprouvée de la production de solutions de génomique qui permettent aux chercheurs de réaliser des études au niveau du débit, à l'échelle et au prix correspondant à leurs objectifs de recherche. Le système NextSeq 2000 offre un large éventail d'options de débit pour répondre aux besoins des applications nouvelles et émergentes tout en réalisant une meilleure rentabilité pour les applications actuelles. Le système NextSeq 1000 a un débit plus bas que celui du système NextSeq 2000 et est disponible à un prix inférieur. Pour assurer une évolutivité flexible à l'avenir, les clients qui achètent un système NextSeq 1000 peuvent facilement passer au système NextSeq 2000.

## Résumé

Les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000 révolutionnent ce qui peut être accompli avec un système de séquençage de pailleuse. Grâce à une flexibilité et une évolutivité élevées pour prendre en charge un large éventail d'applications, les laboratoires, petits ou grands, disposeront de capacités sans précédent pour chercher, découvrir, et plus encore.

## En savoir plus

Systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000, [illumina.com/NextSeq2000](http://illumina.com/NextSeq2000)

### Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Système de séquençage NextSeq 2000	20038897
Système de séquençage NextSeq 1000	20038898
Mise à niveau du NextSeq 1000 et NextSeq 2000	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

### Spécifications des systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

#### Spécifications

##### Configuration de l'instrument

Instrument sec et autonome avec analyse secondaire d'une carte à puce à ADN prédéfinie programmable par l'utilisateur (Field Programmable Gate Array, FPGA) DRAGEN Bio-IT intégrée

##### Ordinateur de commande de l'instrument

Unité de base : microserveur 2U situé à l'intérieur de l'instrument  
Mémoire : 288 Go  
Disque dur : 3,8 To SSD  
Système d'exploitation : Linux CentOS 7.6

##### Environnement de fonctionnement

Température : 15 °C–30 °C  
Humidité : humidité relative de 20 % à 80 % sans condensation  
Altitude : 0 à 2000 mètres  
Réservé uniquement à un usage en intérieur

##### Laser

Longueurs d'ondes : 449 nm, 523 nm, 820 nm  
Sûreté : Produit laser de classe 1

##### Dimensions

L x P x h : 60 cm x 65 cm x 60 cm  
Poids : 141 kg

##### Dimensions de la caisse

Caisse L x P x h : 92 cm x 120 cm x 118 cm  
Poids avec emballage : 232 kg

##### Exigences d'alimentation

Tension d'entrée de l'instrument : 100 V c.a. à 240 V c.a.  
Fréquence d'entrée de l'instrument : 50/60 Hz

##### Bande passante pour la connexion réseau

200 Mo/s par instrument pour les téléversements à l'intérieur du réseau  
200 Mo/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub  
5 Mo/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument

##### Sécurité et conformité du produit

Certifié NRTL CEI  
Certifié CE 61010-1  
Conforme FCC/IC

**illumina**<sup>MD</sup>

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

© 2022 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](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-NA-00008 FRA v4.0