

NextSeq™ 1000 & NextSeq 2000 시퀀싱 시스템

다양한 기존 애플리케이션과
최신 애플리케이션을 지원하는
효율성이 높고 제약은 적은
시퀀싱 시스템

- 벤치탑 시스템에서 다양한 애플리케이션을 가능하게 하는 유연성과 데이터 생산력 확장성
- 간단한 로딩으로 시퀀싱이 가능한 카트리지와 통합된 운보드 인포매틱스를 통해 운영 간소화
- 대규모 연구와 데이터 집약적인 연구를 지원하는 높은 처리량으로 런 경제성 향상

illumina®

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.



illumina®

소개

차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS)의 혁신적인 기술은 유전체학 분야의 연구자들이 더욱더 복잡한 과학적 문제를 제기하고 이에 대한 답을 구할 수 있도록 돕고 있습니다. 종양학, 마이크로바이옴(microbiome) 연구, 단일세포(single-cell) 연구 및 기타 최신 애플리케이션에 걸쳐 더 높은 시퀀싱 뎀스(depth)와 적은 비용으로 더 많은 샘플이 사용되는 대규모 연구를 추진하기 위해서는 우수한 시퀀싱 역량이 필요합니다.

Illumina는 이러한 연구의 확대를 위해 연구자에게 혁신적인 기술과 진보된 시스템을 제공함으로써 유전체(genome), 전사체(transcriptome), 후성유전체(epigenome) 연구를 지원하고 있습니다. Illumina는 지난 20여 년 동안 전체 워크플로우에 걸친 시퀀싱 역량의 강화를 주도하며 저처리량 시퀀싱과 고처리량 시퀀싱을 수행하는 연구자 모두가 시퀀싱 비용을 절감하고 시퀀싱을 쉽게 활용할 수 있도록 해 왔습니다.

이러한 Illumina의 노력은 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템에서도 엿볼 수 있습니다(그림 1, 표 1). NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 획기적인 시스템 디자인, chemistry 향상, 다양한 라이브러리 준비 옵션과의 호환성, 빠른 2차 분석을 위해 통합된 온보드 인포매틱스(informatics)를 제공하는 혁신적인 플랫폼입니다. 또 여러 종류의 플로우 셀과 키트를 통해 벌크 RNA 시퀀싱(bulk RNA-Seq)에서부터 16S 시퀀싱과 샷건 메타지노믹스(shotgun metagenomics)에 이르기까지 고객이 요구하는 다양한 배치(batching) 옵션 및 처리량을 충족할 수 있습니다.

Illumina의 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 다양한 플로우 셀 옵션을 제공하며 폭넓은 연구를 지원할 수 있는 유연성과 데이터 생산력 확장성을 모두 갖춘 플랫폼입니다.

다양한 연구를 지원하는 유연성, 성장을 돕는 데이터 생산력 확장성

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 데이터 아웃풋을 높이고 1회 런(run) 비용을 절감하는 동시에 시퀀싱 반응 부피(reaction volume)를 소형화(miniaturization)하기 위해 최첨단 광학, 기기 디자인 및 시약 chemistry를 활용합니다. 이제 연구자는 한 대의 벤치탑 시퀀싱 시스템으로 작은 배치를 사용하거나 낮은 처리량을 요하는 연구부터 높은 처리량을 요하는 고강도 애플리케이션에 이르기까지 자신의 연구에 적합한 처리량, 데이터 품질, 비용을 모두 얻을 수 있습니다.



그림 1: NextSeq 2000 시퀀싱 시스템 — 매우 광범위한 애플리케이션과 규모의 유연성을 지원하는 혁신적인 디자인 요소, 진보된 chemistry, 간소화된 바이오인포매틱스 및 직관적인 워크플로우를 제공하는 벤치탑 시퀀싱 시스템

기술 혁신을 통한 성능 향상

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 NovaSeq™ 6000 시스템에 적용된 것과 비슷한 패턴화된 플로우 셀(flow cell)을 사용하여 클러스터 밀도(cluster density)가 매우 높은 플로우 셀을 제공하며, 시퀀싱 런의 기가베이스(gigabase, Gb)당 비용을 낮춘 매우 유연하고 강력하며 데이터 생산력 확장성을 갖춘 벤치탑 시스템입니다.

이러한 고밀도 플로우 셀의 장점을 최대한 활용하기 위해 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템에는 기존 벤치탑 시스템보다 높은 해상도와 민감도로 매우 정확한 이미징 데이터를 생산하는 새로운 고해상도 광학 시스템이 적용되어 있습니다. 이처럼 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 소형화를 통해 연구 규모의 변동에 따라 다양한 데이터 아웃풋 옵션을 선택할 수 있게 해 주며, NextSeq 550 시스템 및 MiSeq™ 시스템과 동일한 수준의 높은 데이터 품질을 제공합니다.

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에는 클러스터 밝기의 증가, 채널 간의 간섭(channel cross talk)의 감소, 신호 대 잡음비(signal-to-noise ratio)의 개선을 위해 수십 년간 쌓아온 전문성을 바탕으로 최적화된 업계를 선도하는 sequencing by synthesis(SBS) chemistry가 적용되었습니다. 이러한 기술의 발전과 더불어 실제 반응 크기(reaction size)를 줄여주는

향상된 제품이 사용되었기 때문에 NextSeq 1000/2000 시약을 사용하면 고품질의 데이터를 얻을 수 있을 뿐만 아니라 시약의 불균과 폐기물의 양도 전반적으로 줄일 수 있어 물리적 보관에 대한 부담도 최소화할 수 있습니다. 또한 견고성과 안정성이 개선되어 플로우 셀의 상온 배송이 가능하다는 장점도 있습니다.

표 1: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템의 성능 파라미터

리드 길이(Read Length)	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
플로우 셀당 데이터 아웃풋 ^a			
CPF 리드	100M	400M (2 × 300 bp일 경우 300M)	1.2B
1 × 50 bp	-	-	60 Gb
2 × 50 bp	10 Gb	40 Gb	120 Gb
2 × 100 bp	-	80 Gb	240 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb
2 × 300 bp	60 Gb	180 Gb (CPF 리드: 300M)	-
Q-Score(품질 점수) ^b			
1 × 50 bp		Q30 이상 염기 ≥ 90%	
2 × 50 bp		Q30 이상 염기 ≥ 90%	
2 × 100 bp		Q30 이상 염기 ≥ 85%	
2 × 150 bp		Q30 이상 염기 ≥ 85%	
2 × 300 bp		Q30 이상 염기 ≥ 80%	
런 타임			
1 × 50 bp	-	-	약 11시간
2 × 50 bp	약 10시간	약 13시간	약 19시간
2 × 100 bp	-	약 21시간	약 33시간
2 × 150 bp	약 19시간	약 29시간	약 48시간
2 × 300 bp	약 34시간	약 44시간	-

a. 데이터 아웃풋은 지원되는 클러스터 밀도에서 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 한 개의 플로우 셀로 얻은 수치를 근거로 함. CPF = Clusters Passing Filter(필터를 통과하는 클러스터).
b. Q-Score는 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 얻은 수치를 근거로 함. 성능은 라이브러리의 종류와 품질, insert(단편) 크기, 사용 농도, 기타 실험 요인에 따라 상이할 수 있음.

한층 더 확장된 역량을 기반으로 획기적인 연구 선도

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 빠르고 정확한 결과를 제공하고, 10 Gb에서 최대 360 Gb까지 확장이 가능하며, 유연한 인포매틱스 옵션을 갖추고 있어 메타지노믹스, 공간 전사체학(spatial transcriptomics), 종양학, 유전 질환 등 다양한 연구 분야에 응용이 가능합니다(표 2). 실험실에서는 전문가의 강력한 지원을 통해 현재의 작업량을 소화하면서 앞으로 새롭게 떠오를 애플리케이션에도 미리 대비할 수 있습니다.

통합 시스템과 고급 인포매틱스를 통해 간소화된 강력한 워크플로우

Illumina는 모든 혁신의 중심에 고객의 경험을 두고 고객이 최대한 쉽게 샘플 준비, 시퀀싱 및 데이터 분석을 수행할 수 있도록 지원하고 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 로딩만 하면 시퀀싱 수행이 가능한 편의성과 고급 인포매틱스를 결합한 간소화된 워크플로우(그림 2 및 그림 3)를 제공하기 때문에 초보자와 전문가 모두에게 유용한 시스템이라 할 수 있습니다.

사용이 용이한 카트리지 기반의 플랫폼

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 시약, 유체(fluidics), 폐기물 홀더를 포함하는 통합형 카트리지를 채택함으로써 라이브러리 로딩과 기기 사용 절차를 간소화했습니다. 따라서 연구자는 시약 카트리지를 해동한 후 플로우 셀을 해동된 카트리지에 삽입하고 카트리지에 라이브러리를 로딩한 다음 조립한 카트리지를 기기에 장착하기만 하면 됩니다. 변성(denaturation) 및 희석(dilution) 단계는 기기 내에서 자동으로 실행됩니다.

완전히 통합된 카트리지 디자인은 사용이 용이할 뿐만 아니라 시퀀싱 런의 전반적인 효율성도 향상시킵니다. 이러한 독특한 카트리지 디자인은 대부분의 시퀀싱 반응을 소형화함으로써 다음과 같은 혜택을 제공합니다.

- 운영 비용의 절감
- 재활용성 향상
- 폐기물의 양 최소화

기기가 dry instrument로 설계되어 있고 시약은 항상 카트리지에 들어 있기 때문에 별도의 워시(wash)가 필요하지 않습니다. 따라서 기기 유지 관리 절차가 간소하고 기기 효율성이 최적화되어 있습니다.



그림 2: 라이브러리 준비부터 분석까지 가능한 직관적인 워크플로우 — 쉬운 런 설정, 다양한 종류의 호환 가능한 Library Prep Kit, 로딩만 하면 수행되는 시퀀싱, 통합된 온보드 2차 분석을 포함하는 포괄적인 워크플로우를 제공하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템

표 2: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템이 지원하는 애플리케이션의 예시

애플리케이션 ^a	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	샘플 수	시간	샘플 수	시간	샘플 수	시간
작은 전장 유전체 시퀀싱(300사이클) 130 Mb 유전체, > 30x 커버리지	7개	약 19시간	30개	약 29시간	90개	약 48시간
전장 엑솜 시퀀싱(200사이클) 50x 평균 표적 커버리지 20x에서는 90% 표적 커버리지	4개 ^b	약 19시간	16개	약 21시간	48개	약 33시간
Total RNA-Seq(200사이클) 50M 리드 페어/샘플	2개 ^{b,c}	약 19시간	16개	약 21시간	24개	약 33시간
mRNA-Seq(200사이클) 25M 리드 페어/샘플	4개 ^{b,c}	약 19시간	32개	약 21시간	48개	약 33시간
단일세포 RNA 시퀀싱(100사이클) ^a 5K 세포, 20K 리드/세포	1개 ^d	약 10시간	4개	약 13시간	11개	약 19시간
miRNA 시퀀싱 또는 Small RNA 분석(50사이클) 11M 리드/샘플	9개 ^e	약 10시간	36개 ^f	약 13시간	108개	약 11시간
16S RNA 시퀀싱(600사이클)	384개 ^g	약 34시간	384개 ^g	약 44시간	-	-

- a. 권장되는 시퀀싱 덱스는 대체로 샘플의 종류와 실험 목적에 따라 결정되며, 각 연구에 맞춰 최적화 필요.
- b. P1 300 Cycle Kit 사용.
- c. Illumina Stranded Total RNA Prep 및 Illumina Stranded mRNA Prep의 경우 2 × 75 bp, Illumina RNA Prep with Enrichment의 경우 2 × 100 bp의 리드 길이 권장.
- d. P1 시약은 단일세포 품질 관리 실험에 적합.
- e. P1 100 Cycle Kit 사용.
- f. P2 100 Cycle Kit 사용.
- g. 최대 384개의 고유한 듀얼 인덱스(unique dual index, UDI) 사용 가능.

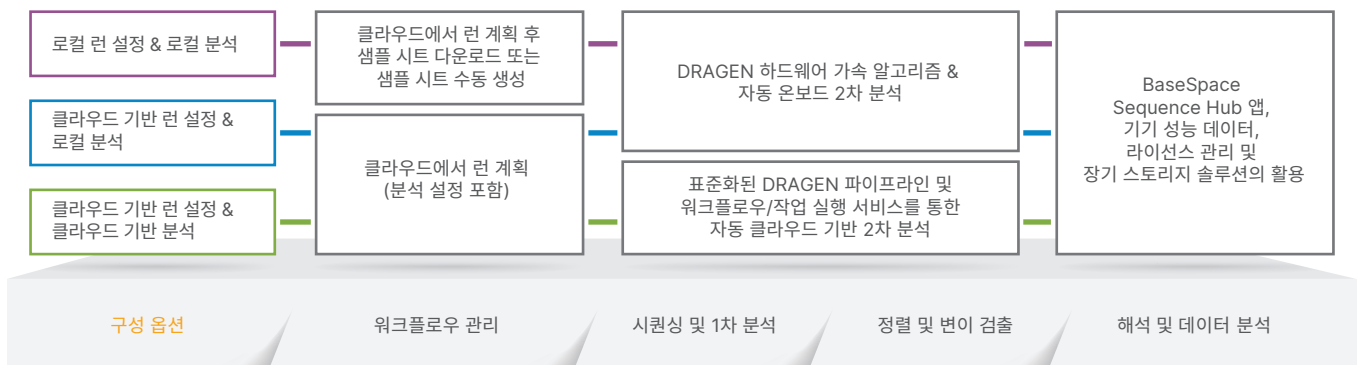


그림 3: 유연한 인포매틱스 제품군 — 연구자가 로컬 또는 클라우드 기반 런 설정, 런 관리, 데이터 분석 옵션을 선택해 원하는 대로 시퀀싱을 수행할 수 있도록 해 주는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

간소화된 분석 절차와 유연한 옵션

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 온보드, 로컬 그리고 클라우드 기반의 분석 소프트웨어를 모두 제공합니다. 따라서 연구자는 필요에 따라 적합한 옵션을 선택해 유연하게 데이터를 분석할 수 있습니다.

또한 연구자는 로컬 런을 설정하거나 클라우드에서 런을 설정할 수 있습니다. 로컬 런을 설정할 경우 직접 샘플 시트를 만들거나 편리한 Illumina의 프리셋 템플릿(template)을 선택해 사용할 수 있습니다. 클라우드에서 런을 설정할 경우에는 BaseSpace™ Sequence Hub에서 Run Planner 앱을 사용하면 됩니다. 런 설정 정보가 모두 입력되면 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에서 입력된 런 설정을 가져옵니다. 이후 연구자는 해당 런을 선택하여 바로 런을 수행할 수 있습니다. 또한 최적화된 기기 소프트웨어는 과거의 다른 벤치탑 시스템들과 비교했을 때 읽기 쉬운 화면을 지원하는 한층 더 깔끔한 인터페이스, 이해하기 쉬운 런 매트릭스(metrics), 명확하게 시각화된 기기와 런 상태 정보를 제공합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 안전하고 자동화된 샘플 추적 및 정보 관리를 위해 다양한 실험실 정보 관리 시스템(laboratory information management system, LIMS)에 사용되는 업계 표준 파일 형식으로 데이터를 출력합니다. 런 설정 단계에서 2차 분석을 설정할 수 있어 사용자 터치포인트를 줄여줍니다.

온보드 DRAGEN™ Bio-IT Platform을 통한 정확하고 효율적인 분석

온보드 DRAGEN(Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT Platform은 정확하고 효율적인 2차 분석 솔루션을 제공합니다. DRAGEN 플랫폼은 베이스 콜(base call, BCL) 파일 변환, 데이터 압축, 매핑, 정렬(alignment), 분류, 중복 표시(duplicate marking), 변이 검출(variant calling) 등 다양한 유전체 분석 솔루션에 최적화된 하드웨어 가속 알고리즘(hardware accelerated algorithm)을 사용합니다. 새롭게 떠오르는 애플리케이션에 활용 가능한 새로운 파이프라인도 제공될 예정입니다. 온보드 솔루션은 연구자가 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인(표 3)을 선택하여 최소 2시간 내에 결과를 얻을 수 있도록 해 줍니다. DRAGEN 인포매틱스는 동급 최강의 파이프라인 알고리즘을 채택해, 초보자와 전문가 모두 데이터 분석 시 발생할 수 있는 병목 현상을 해결하고 외부 인포매틱스 전문가에 대한 의존성을 낮출 수 있도록 도와줍니다. 따라서 연구자는 프로덕션 수준의 파이프라인을 수행하는 데 드는 시간과 노력을 절약하고 결과에 더 집중할 수 있습니다. 온보드 DRAGEN 분석은 기기 비용에 포함되어 있어 추가적인 라이선스 구매가 필요하지 않습니다.

표 3: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 통합된 간단한 버튼 조작만으로 사용 가능한 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인

파이프라인 ^a	연구용 애플리케이션	주요 기능
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> 전장 엑솜 시퀀싱 (Whole-exome sequencing) 표적 재시퀀싱 (Targeted resequencing) 	<ul style="list-style-type: none"> 정렬(Alignment) 작은 변이 검출(Small variant calling) Germline mode 및 somatic(tumor only) mode 구조적 변이 검출 (Structural variant(SV) calling) 유전자 복제수 변이 검출 (Copy number variant(CNV) calling) 맞춤형 manifest 파일
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> 전장 전사체 유전자 발현 (Whole-transcriptome gene expression) Gene fusion (유전자 융합) 검출 	<ul style="list-style-type: none"> 정렬 Fusion 검출 유전자 발현 (Gene expression) 차등 발현(Differential expression)
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> 단일세포 전장 전사체 시퀀싱 (Single-cell whole-transcriptome sequencing) 	<ul style="list-style-type: none"> 세포 바코드 및 오류 수정 정렬 유전자 발현 세포 필터링 기본 보고서 생성 및 시각화
DRAGEN ORA ^b Compression	<ul style="list-style-type: none"> FASTQ 파일 압축 	<ul style="list-style-type: none"> 무손실 압축 파일 크기 최대 1/5로 축소
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> 전장 유전체 시퀀싱 (Whole-genome sequencing) 	<ul style="list-style-type: none"> 정렬 작은 변이 검출 SV/CNV^c 검출 반복 확장(Repeat expansion)^c 동질접합체의 영역 (Regions of homozygosity)^c CYP2D6 지노타이핑 (genotyping)^c
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> DNA 앰플리콘 패널 표적 재시퀀싱 	<ul style="list-style-type: none"> 정렬 작은 변이 검출 Germline mode 및 somatic(tumor only) mode

a. 그 밖에 클라우드에서 제공되는 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인의 전체 목록은 [illumina.com/DRAGEN](https://www.illumina.com/DRAGEN)에서 확인 가능.

b. ORA = original read archive(원본 리드 아카이브), DRAGEN ORA Compression은 모든 DRAGEN 파이프라인에서 지원.

c. 인간 유전체에만 적용 가능한 기능

d. DNA 샘플만 지원. DRAGEN v3.8부터 사용 가능.

BaseSpace Sequence Hub의 앱 에코시스템

클라우드 기반의 분석 솔루션을 선호한다면 간소화된 데이터 관리 및 분석 시퀀싱 도구를 사용이 용이한 파일 형식으로 연구자에게 직접 제공하는 유전체학 클라우드 컴퓨팅 플랫폼인 BaseSpace Sequence Hub의 사용을 고려해 볼 수 있습니다. 연구자는 클라우드에서 다양한 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 도구를 선택하고 전 세계적으로 데이터를 공유할 수 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템이 생성한 데이터는 업계 표준 형식의 파일과 호환이 되므로 연구자가 원하는 솔루션으로 손쉽게 데이터를 가져올 수 있습니다.

세계적 수준의 서비스를 통한 샘플 관리 개선과 비가동 시간 단축

Illumina는 연구자의 투자를 최대한 활용하고, 최고 성능을 지원하며, 작동 중단을 최소화하기 위해 라이브러리 준비, 시퀀싱 및 분석을 전문으로 하는 오랜 경력을 가진 과학자들로 구성된 세계적 수준의 지원팀을 운영하고 있습니다. Illumina의 전담 지원팀은 NGS와 전 세계 Illumina의 고객이 실행하는 애플리케이션에 대한 이해력이 높고 뛰어난 자격을 갖춘 필드 서비스 엔지니어(FSE), 테크니컬 애플리케이션 사이언티스트(TAS), 필드 애플리케이션 사이언티스트(FAS), 시스템 서포트 엔지니어, 바이오인포매틱스 전문가 및 IT 네트워크 전문가로 이루어져 있습니다. 전 세계적으로 전화 기술 지원 서비스는 주 5일, 온라인 기술 지원 서비스는 연중무휴 다국어로 제공되고 있어 연구자는 필요할 때 언제든지 지원팀의 도움을 받을 수 있습니다.

모듈식 제작으로 더 간단하고 빨라진 고객 지원

모듈식으로 제작된 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 서비스와 지원 절차를 간소화했습니다. 내장된 센서가 시스템의 성능을 모니터링하여 잠재적 문제를 파악해 기기 사용자에게 알려 줍니다. 이를 통해 Illumina의 서비스 엔지니어가 더 쉽게 문제 해결과 수리를 진행할 수 있게 되므로 궁극적으로 시간을 절약하고 불편함을 줄일 수 있습니다.

각 시스템 구매 시 1년의 품질 보증 기간이 적용되며, 포괄적인 유지보수, 수리 및 성능 적격성 평가(qualification) 솔루션이 준비되어 있습니다. 아울러 Illumina는 현장 교육, 지속적인 지원, 전화 상담, 웨비나, 전 세계 여러 Illumina 지사에서 진행되는 교육 과정도 제공하고 있으며, 발전의 가속화를 위해 고객이 필요로 하는 리소스를 모두 마련해 두었습니다.

Illumina Proactive는 선제적으로 작동 중단을 감지하고, 런 문제를 더 효율적으로 해결하며, 런 실패(in-run failure)를 방지하도록 설계된 안전한 원격 기기 성능 지원 서비스입니다. Illumina Proactive 서비스는 수리를 예측하고 Illumina의 현장 직원에게 고객과 방문 정비 일정을 조율하도록 알림을 발송하여 예상치 못한 기기의 비가동 시간을 최소화하고 불필요한 샘플 손실을 피할 수 있게 해 줍니다.

현재의 효율성을 고려하면서 미래를 대비해 데이터 생산력 확장 가능

Illumina는 현재 가동 중인 1만 7천 대 이상의 시스템을 통해 NGS 솔루션의 기준을 세우고 있습니다. Illumina 시스템 사용자 커뮤니티의 일원이 되면 전 세계 수천 명의 연구자들과 업계의 선구자적 리더들과의 협력을 통해 구축된 광범위한 애플리케이션, 프로토콜 및 인포매틱스 에코시스템을 활용할 수 있습니다.

Illumina는 연구자가 연구 목적에 적합한 처리량, 규모 및 가격으로 연구를 수행할 수 있도록 해 주는 유전체학 솔루션을 생산해 왔습니다. NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 기존의 애플리케이션에서는 런 경제성을 높이면서 새롭게 떠오르는 애플리케이션의 요구에 부합하는 훨씬 더 다양한 처리량 옵션을 제공합니다. NextSeq 1000 시스템은 NextSeq 2000 시스템보다 처리량이 적고 시스템 가격이 저렴합니다. NextSeq 1000 시스템을 구매한 고객은 향후 연구 규모의 변경에 따라 조정할 수도 있는 유연성을 확보해두기 위해 NextSeq 2000 시스템으로 간단하게 업그레이드를 받는 것도 가능합니다.

요약

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 벤치탑 시퀀싱 시스템으로 수행 가능한 작업의 한계를 크게 넓혀줍니다. 광범위한 애플리케이션을 지원하는 뛰어난 유연성과 연구 규모에 따른 데이터 출력량 조정 용이성을 갖추고 있는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 실험실의 규모에 관계없이 연구자가 이전에 경험해 보지 못한 연구 역량을 선사할 것입니다.

상세 정보

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템에 대한 자세한 내용은 illumina.com/NextSeq2000을 참조하시기 바랍니다.

제품 목록

제품	카탈로그 번호
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

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템의 사양

사양

기기 구성

DRAGEN Bio-IT Platform의 2차 분석용 FPGA(field-programmable gate array, 필드 프로그래밍 가능 게이트 어레이)를 통합한 독립형 dry instrument

기기 제어 컴퓨터

베이스 유닛: 2U 마이크로서버 내장
메모리: 288 GB
드라이브: 3.8 TB SSD
OS: Linux CentOS 7.6

운영 환경

온도: 15~30°C
습도: 비응축 상대 습도 20~80%
고도: 0~2000 m
실내 전용

레이저

파장: 449 nm, 523 nm, 820 nm
안전성: 1등급 레이저 제품(Class 1 laser product)

규격

너비 × 깊이 × 높이: 60 cm × 65 cm × 60 cm
무게: 141 kg

패키지 규격

패키지 너비 × 깊이 × 높이: 92 cm × 120 cm × 118 cm
패키지 무게: 232 kg

전력 요구 사항

기기 입력 전압: AC 100~240 V
기기 입력 주파수: 50/60 Hz

네트워크 연결 대역폭

내부 네트워크 업로드: 200 Mbps/기기
BaseSpace Sequence Hub 업로드: 200 Mbps/기기
기기 운영 데이터 업로드: 5 Mbps/기기

제품 안전 및 규정 준수

NRTL 인증 IEC 61010-1
CE 마크 획득
FCC/IC 승인

illumina®

무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-NA-00008 v4.0 KOR