

NextSeq™ 550 System

Geração de dados de sequenciamento ajustável e leitura de arrays em um único instrumento



Versátil

Atenda a demandas de capacidade variável e obtenha respostas mais rápidas com opções de alto e médio rendimento

Intuitivo

Experimente uma operação fácil com controle por botão, reagentes prontos para uso e informática simplificada

Multifuncional

Aproveite as tecnologias de NGS e array para realizar estudos genômicos precisos para diversas aplicações

Introdução

O NextSeq 550 System combina recursos comprovados de sequenciamento de última geração (NGS) e de array com geração de dados ajustável, permitindo que laboratórios pequenos e grandes sejam dimensionados para atender às suas necessidades. Como um instrumento fundamental no portfólio do sistema Illumina NGS, o NextSeq 550 System é ideal para laboratórios que desejam expandir além de sua capacidade atual e para novos laboratórios interessados em aproveitar os poderes complementares de sequenciamento e genotipagem de arrays em um único instrumento ([Figura 1](#)). Seu fluxo de trabalho rápido de DNA aos resultados permite o sequenciamento rápido de exomas, painéis direcionados e transcriptomas em uma corrida única, com a flexibilidade de mudar para sequenciamento de baixa ou alta produtividade, conforme necessário. Os cientistas da Illumina estão disponíveis em todas as etapas do caminho com suporte e orientação, permitindo que grandes laboratórios de pesquisa clínica sejam dimensionados com confiança e laboratórios menores empreguem tecnologias de genotipagem e sequenciamento.



Figura 1: NextSeq 550 System

Plataforma comprovada que combina o poder das tecnologias NGS e de array para apoiar estudos genômicos precisos em uma ampla gama de aplicações.

Suporte a capacidades dinâmicas

O NextSeq 550 System permite que os pesquisadores acompanhem o ritmo da tecnologia, mudando rapidamente de uma aplicação para outra e configurando o rendimento com base no volume da amostra e nas necessidades de cobertura. Esse sistema completo e escalável transforma uma ampla gama de aplicações de alta produtividade em ferramentas acessíveis para o dia a dia.

Atendimento das demandas de laboratórios ativos

O NextSeq 550 System oferece vários níveis de produtividade, fornecendo aos usuários a eficiência operacional ideal. O NextSeq 550 System também oferece um tempo de resposta de um dia para diversas aplicações de sequenciamento populares. Com este instrumento, os usuários podem realizar o sequenciamento de uma ampla gama de amostras por corrida:

- 1 a 12 exomas
- 1 a 16 transcriptomas
- 6 a 96 painéis direcionados
- 12 a 40 amostras de determinação de perfil para expressão gênica

Habilitação de laboratórios de pesquisa clínica

Para laboratórios que já possuem o NextSeq 550 System, a aquisição de um instrumento adicional aumenta a capacidade de sequenciamento do laboratório, permitindo redundância e modularidade sem exigir revalidação. Inúmeras publicações e adoção pelos principais centros de genômica demonstraram que o NextSeq 550 System é uma adição confiável a qualquer conjunto de instrumentos.

Habilitação de laboratórios menores

O NextSeq 550 System é de fácil configuração, oferecendo aos usuários a escalabilidade necessária para atender às demandas e prazos. Duas configurações de lâmina de fluxo (rendimento alto e médio) permitem que os laboratórios mudem facilmente de alto para baixo rendimento em cada corrida de sequenciamento ([Tabela 1](#) e [Tabela 2](#)). O NextSeq 550 System fornece suporte integrado para sequenciamento tipo paired-end, oferecendo comprimento da leitura definido pelo usuário de até 2 × 150 bp. O sistema é compatível com todas as soluções da Illumina para preparação de bibliotecas e enriquecimento de alvos, garantindo integração com todo o portfólio de sequenciamento da empresa. Isso permite que os laboratórios ampliem os estudos para os sistemas de maior produtividade NextSeq 2000, NovaSeq™ X e NovaSeq 6000 Systems ou realizem estudos complementares em outra plataforma, como o MiSeq™ i100 System.

Tabela 1: Desempenho do sequenciamento do NextSeq 550 System

Configuração de lâmina de fluxo	Comprimento da leitura	Rendimento	Qualidade dos dados
Lâmina de fluxo de alto rendimento Até 400 milhões de leituras únicas Até 800 milhões de leituras tipo paired-end	2 × 150 bp	100–120 Gb	> 75% > Q30
	2 × 75 bp	50–60 Gb	> 80% > Q30
	1 × 75 bp	25–30 Gb	> 80% > Q30
Lâmina de fluxo de médio rendimento Até 130 milhões de leituras únicas Até 260 milhões de leituras tipo paired-end	2 × 150 bp	32–39 Gb	> 75% > Q30
	2 × 75 bp	16–19 Gb	> 80% > Q30

As especificações de instalação são baseadas na biblioteca de controle de PhiX da Illumina em densidades de cluster compatíveis (filtros de passagem dos clusters entre 129 e 165 k/mm²). Os parâmetros reais de desempenho podem variar com base no tipo de amostra, na qualidade da amostra e nos filtros de passagem dos clusters. A porcentagem de bases > Q30 é calculada em média durante toda a corrida.

Tabela 2: Flexibilidade máxima para diversas aplicações

Sequenciamento					
Aplicação	Lâmina de fluxo de alto rendimento		Lâmina de fluxo de médio rendimento		Entrada obrigatória ^b
	N.º de amostras	Tempo	N.º de amostras	Tempo ^a	
Determinação de perfil para expressão gênica > 10 milhões de leituras 1 × 75 bp	40	11 h	13	11 h	25 a 1.000 ng de mRNA 10 a 20 ng de RNA total
mRNA-Seq > 25 milhões de leituras 2 × 75 bp	16	18 h	5	15 h	25 a 1.000 ng de mRNA
Painel de enriquecimento Região de 12 Mb Cobertura > 20× em > 95% dos alvos	36	29 h	12	26 h	10 a 100 ng de DNA
Sequenciamento de exoma completo Cobertura média de 50×	12	18 h	3	15 h	50 ng de DNA
Sequenciamento do genoma completo pequeno Genoma de 130 Mb Cobertura > 30× 2 × 150 bp	30	29 h	10	26 h	1 a 300 ng de DNA
Desempenho da leitura de arrays					
BeadChip	Tempo de leitura por BeadChip		N.º de amostras		Tempo de leitura por amostra
Infinium MethylationEPIC	40 minutos		8		5 minutos
Infinium CytoSNP-850K	40 minutos		8		5 minutos
Infinium HumanCytoSNP-12	40 minutos		12		3,3 min
Infinium HumanKaryomap-12	40 minutos		12		3,3 min

a. Os tempos totais incluem clusterização, sequenciamento e identificação de bases em um NextSeq 550 System.
b. A quantidade de entrada depende da qualidade da amostra e da solução de preparação de biblioteca utilizada. Para obter uma lista completa dos kits de preparação de bibliotecas da Illumina, acesse [illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html](https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html).

Fluxo de trabalho de NGS simplificado

O NextSeq 550 System é parte de um fluxo de trabalho totalmente integrado que abrange desde a preparação da biblioteca até a análise de dados, geração de relatórios e compartilhamento de dados (Figura 2).

Kits de preparação de bibliotecas para uma variedade de aplicações

A Illumina oferece vários kits de preparação de bibliotecas compatíveis com o NextSeq 550 System. As soluções incluem painéis voltados para investigar regiões específicas de interesse e compatíveis com diversos métodos. Saiba mais sobre soluções de preparação de bibliotecas no nosso [site](#).

Fácil operação do sistema

O NextSeq 550 System oferece uma interface de usuário intuitiva e um design pronto para uso, permitindo que os usuários realizem diversas aplicações de sequenciamento com treinamento mínimo e configuração rápida do instrumento.

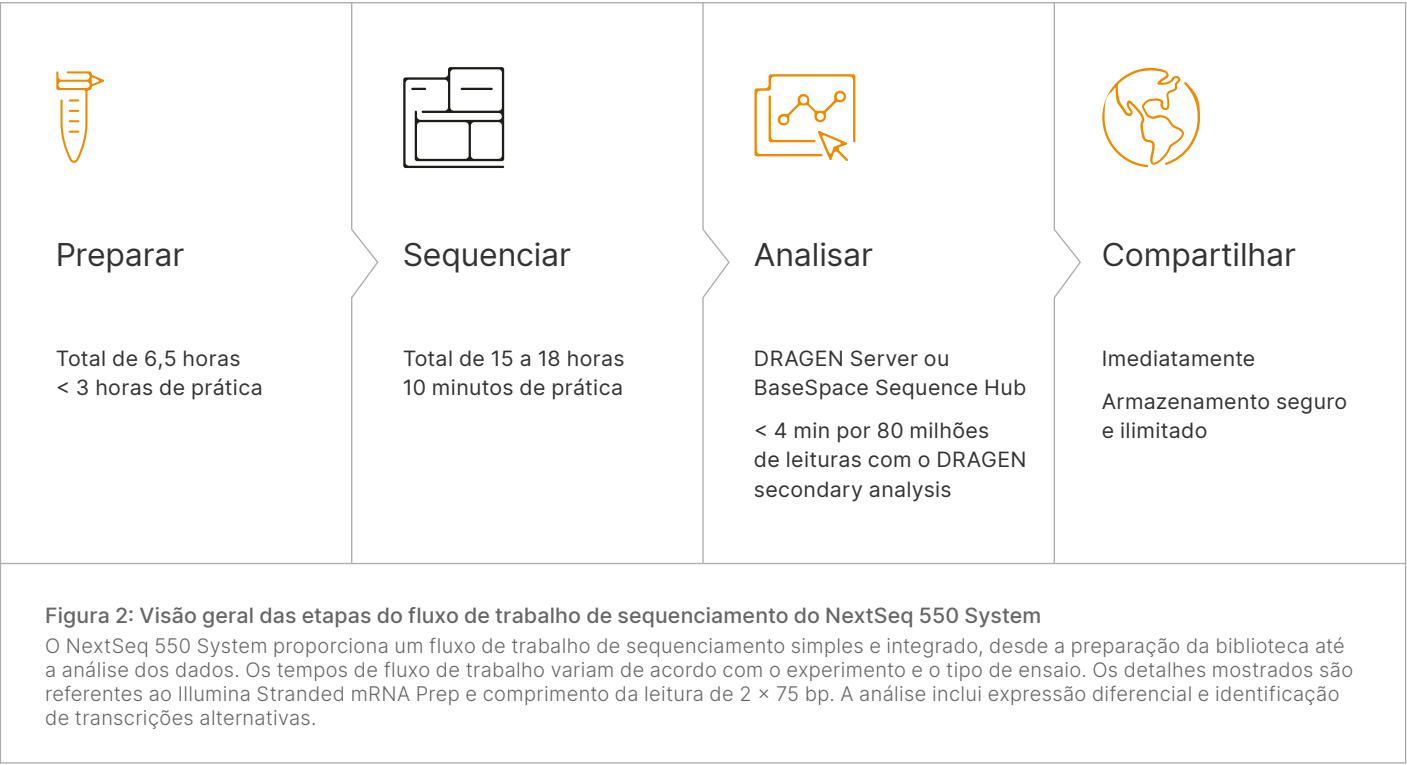
O NextSeq 550 System oferece:

- Reagentes prontos para uso que simplificam os fluxos de trabalho
- Materiais de consumo codificados por rastreamento por identificador por radiofrequência (RFID) para melhorar o rastreamento e o monitoramento
- Recursos integrados de clusterização e sequenciamento para geração de dados precisos
- Controles fáceis de seguir que permitem análise intuitiva

As bibliotecas preparadas são carregadas no NextSeq 550 System, permitindo um sequenciamento rápido e automatizado. Os dados são gerados em apenas 6,5 horas para uma corrida de sequenciamento de 75 ciclos e em menos de 30 horas para uma corrida de 150 ciclos tipo paired-end.

“O aspecto mais valioso do NextSeq 550 System é a facilidade de uso. Ele se tornou nosso principal instrumento.”

— Dra. Angie Fawkes, Genetics Core, Edinburgh Clinical Research Facility



Bioinformática simplificada

Para a análise de dados, os controles integrados do sistema realizam a identificação inicial de bases e a pontuação de qualidade. Há várias opções disponíveis para análise secundária, incluindo o DRAGEN™ secondary analysis, que fornece bioinformática precisa, abrangente e altamente eficiente, com várias opções de implantação, aplicações e pipelines para atender às suas necessidades. Também é possível utilizar um amplo ecossistema de ferramentas de software de análise de dados, tanto comerciais quanto de código aberto.

Análise rápida com o DRAGEN secondary analysis no BaseSpace Sequence Hub

O DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) secondary analysis oferece análise secundária ultrarrápida. Esta solução de informática premiada do PrecisionFDA[†] utiliza algoritmos otimizados e acelerados por hardware para fornecer precisão líder do setor² para identificar vários tipos de variantes, incluindo variantes pequenas, variações de número de cópias (CNVs)[†] e indels. Usando os algoritmos de pipeline de alta performance do DRAGEN secondary analysis, usuários iniciantes e experientes podem superar gargalos na análise de dados e reduzir a dependência de especialistas externos em informática.

O DRAGEN secondary analysis está disponível na nuvem por meio do BaseSpace Sequence Hub, a plataforma fácil de usar de gerenciamento de dados de computação em nuvem da Illumina. Na nuvem, os usuários têm acesso a diversas ferramentas de bioinformática em um formato intuitivo, permitindo o compartilhamento de dados em escala global.

O BaseSpace Sequence Hub é uma plataforma que prioriza a segurança e inclui criptografia de ponta a ponta, auditoria e controle de acesso detalhado. Está em conformidade com os regulamentos da Health Insurance Portability and Accountability Act (HIPAA), ISO 27001 (Information Security Management System) e Regulamento Geral de Proteção de Dados Pessoais (General Data Protection Regulation, GDPR).

Local Run Manager

Como alternativa, os clientes podem realizar análises no instrumento ou sem ele usando o Local Run Manager. O Local Run Manager fornece uma solução integrada para a criação e análise de corridas de sequenciamento com a capacidade de vincular módulos desde a configuração de corrida até a análise.

* O DRAGEN secondary analysis recebeu o prêmio de Melhor desempenho para regiões difíceis de mapear e Melhor desempenho para todas as regiões de referência no PrecisionFDA Truth Challenge V2 de 2020.¹

† CNVs identificadas em estudos de sequenciamento de exoma completo da linha genética.

Precisão excepcional

A comprovada química de sequenciamento por síntese (SBS) da Illumina está na essência do NextSeq 550 System. Esse método próprio baseado em terminadores reversíveis permite o sequenciamento paralelo de milhões de fragmentos de DNA, detectando bases simples à medida que são incorporadas a fitas de DNA crescentes. O método elimina virtualmente erros e identificações perdidas associadas às cadeias de nucleotídeos repetidas (homopolímeros).

As lâminas de fluxo nos NextSeq v2.5 Reagent Kits otimizados mantêm a intensidade fluorescente inicial, melhorando ainda mais o desempenho durante toda a corrida.³ Além disso, as lâminas de fluxo v2.5 são mais resilientes do que seus predecessores, capazes de suportar mais umidade, calor e armazenamento prolongado do que as lâminas de fluxo v2 e podem ser enviadas em temperatura ambiente. Com a química NextSeq v2.5, o NextSeq 550 System oferece precisão excepcional para diversos métodos, incluindo sequenciamento de genomas completos pequenos, painéis direcionados, exomas e análises de transcriptoma, abrangendo uma ampla faixa de níveis de cobertura.

Um sistema, duas tecnologias

O NextSeq 550 System integra recursos de sequenciamento e leitura de microarrays em uma única plataforma (Tabela 2). Isso reduz a necessidade de múltiplos instrumentos, economizando dinheiro e área do laboratório.

Flexibilidade experimental com a leitura de arrays

A leitura de microarrays no NextSeq 550 System fornece aos laboratórios multifacetados acesso instantâneo a uma tecnologia poderosa para exploração adicional. A leitura de arrays utiliza a tecnologia baseada em beads BeadArray™ e pela química comprovada Infinium™. A química confiável do Infinium produz qualidade dos dados e taxas de identificação excepcionais, além de resultados reproduzíveis.

A capacidade de leitura de microarrays fornece um método ortogonal econômico para identificar regiões diferencialmente metiladas usando o Infinium MethylationEPIC BeadChip e confirmação rápida de CNVs usando o Infinium CytoSNP BeadChip. O NextSeq 550 System otimiza o conjunto de aplicações avançadas de pesquisa enquanto reduz os custos operacionais do instrumento.

Analizando dados de array

Os dados de array podem ser analisados usando várias soluções de software da Illumina ou aplicações de terceiros. Para dados Infinium MethylationEPIC BeadChip, a Illumina oferece o módulo de metilação GenomeStudio™. Isso permite que os pesquisadores realizem análises de metilação diferencial para estudos de pequena escala. Para estudos de grande escala, existem diversos pacotes de análise disponíveis gratuitamente que funcionam na estrutura de software R para normalização e análise diferencial de dados de metilação.^{4,5}

“Alternar entre sequenciamento e metilação é muito simples.”

— Dr. Mike Friez, diretor dos laboratórios de diagnóstico do Greenwood Genetic Center

Serviço e suporte de qualidade internacional

Aumente o controle de amostras e reduza o tempo de inatividade

O Illumina Proactive é um serviço seguro e remoto de suporte ao desempenho do instrumento, projetado para detectar falhas potenciais de risco preventivamente, solucionar problemas com mais eficiência e evitar falhas durante a corrida. O serviço ajuda a minimizar tempos de inatividade não planejados e evitar a perda desnecessária de amostras.

Otimize o investimento, potencialize o desempenho e reduza ao mínimo as interrupções

A Illumina fornece uma equipe de suporte de qualidade internacional composta por cientistas experientes especializados na preparação de bibliotecas, sequenciamento e análise. Essa equipe dedicada inclui engenheiros de serviço de campo (FSE, Field Service Engineers) altamente qualificados, cientistas de aplicação técnica (TAS, Technical Applications Scientists), cientistas de aplicação de campo (FAS, Field Applications Scientists), engenheiros de suporte de sistemas, profissionais de bioinformática e especialistas em rede de TI, todos com profundo conhecimento nas aplicações utilizadas pelos clientes da Illumina ao redor do mundo. O suporte técnico está disponível em todo o mundo e em vários idiomas por telefone, 5 dias por semana, ou online, 24 horas por dia, 7 dias por semana.

Cada compra de sistema inclui uma garantia de serviço de um ano. Também estão disponíveis soluções abrangentes de manutenção, reparo e de qualificação. Além disso, a Illumina oferece treinamentos locais, suporte contínuo, consultas telefônicas, webinars e cursos em várias localidades da Illumina em todo o mundo.

Resumo

Usando química SBS comprovada, operação intuitiva e um fluxo de trabalho simplificado de DNA para resultados, o NextSeq 550 System é um parceiro de laboratório ideal. Acesse tecnologias líderes de NGS e array em um único sistema, obtenha a produtividade e o tempo necessários com diversas opções de lâmina de fluxo e veja o que pode ser realizado com o NextSeq 550 System hoje.

Saiba mais →

[NextSeq 550 System](#)

[DRAGEN secondary analysis](#)

Informações para pedidos

Produto	N.º do catálogo
NextSeq 550 System	SY-415-1002
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (150 cycles)	20024904
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (300 cycles)	20024905
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (75 cycles)	20024906
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (150 cycles)	20024907
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (300 cycles)	20024908
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (150 cycles)	20024909
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (300 cycles)	20024910
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (75 cycles)	20024911
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (150 cycles)	20024912
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (300 cycles)	20024913
Os materiais de consumo com identificação TG oferecem recursos que ajudam os clientes a reduzir a frequência de revalidação. Esses materiais de consumo só estão disponíveis mediante um acordo de fornecimento e os clientes devem fornecer uma previsão vinculativa. Entre em contato com o gerente da sua conta para saber mais.	

Referências

1. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. PrecisionFDA website. precision.fda.gov/challenges/10. Acessado em 25 de junho de 2025.
2. Illumina. [Accuracy Improvements in Germline Small Variant Calling with the DRAGEN Platform](#). Publicado em 2019. Acessado em 25 de junho de 2025.
3. Cálculos de dados arquivados. Illumina, Inc., 2018.
4. Morris TJ, Butcher LM, Feber A, et al. [ChAMP: 450K chip analysis methylation pipeline](#). *Bioinformatics*. 2014;30(3):428-430.
5. Assenov Y, Muller F, Lutsik P, et al. [Comprehensive analysis of DNA methylation with RnBeads](#). *Nat Methods*. 2015;11(11):1138-1140.



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-01298 PTB v2.0