

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

Large gamme d'applications  
et simplicité opérationnelle  
associées à une performance  
éprouvée

- Grande utilité de la plateforme avec la souplesse et l'évolutivité nécessaires pour élargir la portée des applications de paillasse
- Flux de travail rationalisé optimisé par la chimie XLEAP-SBS<sup>MC</sup> et analyse secondaire de la plateforme DRAGEN<sup>MC</sup> intégrée
- Performance fiable et données de haute qualité d'un chef de file mondial

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



## Introduction

Le séquençage de nouvelle génération (SNG) a révolutionné la recherche biologique en élargissant la gamme et la portée des applications de séquençage auxquelles les laboratoires ont accès. Les chercheurs peuvent poser des questions scientifiques de plus en plus complexes et y répondre. À travers le domaine de l'oncologie, de la recherche sur le microbiome et d'autres applications émergentes, davantage de scientifiques cherchent à exploiter la puissance de la technologie du séquençage de nouvelle génération (SNG).

Illumina s'engage à mettre à profit son expérience éprouvée dans la fourniture de solutions qui permettent aux scientifiques de faire progresser et d'atteindre plus rapidement leurs objectifs de séquençage. Depuis des décennies, Illumina prend les devants pour améliorer les capacités de séquençage en élargissant le champ des applications de paillasse, en rationalisant les flux de travail et en optimisant la précision.

Avec les systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000, Illumina poursuit cet engagement envers l'innovation (figure 1, tableau 1). Ces plateformes de pointe sont alimentées par la chimie de séquençage par synthèse (SBS) haute performance d'Illumina et l'informatique intégrée. Les utilisateurs peuvent obtenir le débit, la qualité des données et le coût requis pour répondre à leurs besoins, qu'il s'agisse de petits ou de grands lots et d'applications plus simples ou celles de plus forte intensité de données, le tout sur un système de séquençage de paillasse. Ajoutez une assistance technique inébranlable et les laboratoires sont parés pour la charge de travail d'aujourd'hui et les futures applications émergentes.

## Performance fiable et flux de travail rationalisé

### Chimie de séquençage par synthèse (SBS) haute performance

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont alimentés par la chimie XLEAP-SBS, une chimie de séquençage par synthèse (SBS) plus rapide, de qualité supérieure et plus fiable conçue à partir de la base éprouvée de la chimie de SBS standard d'Illumina. Les nucléotides XLEAP-SBS utilisent des marqueurs de pointe et de nouveaux lieux et blocs qui sont plus résistants à la chaleur. Ils montrent également une hydrolyse réduite par un facteur de 50 et un clivage 2,5 fois plus rapide afin de réduire la mise en phase et la mise en préphase.



Figure 1 : NextSeq 2000 Sequencing System : 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.

La polymérase XLEAP-SBS est conçue pour incorporer plus rapidement les nucléotides et ce, beaucoup plus fidèlement qu'auparavant. Des délais d'exécution plus rapides avec la chimie XLEAP-SBS peuvent faire économiser une journée complète de travail\* par rapport à la chimie de SBS standard.

## Innovations permettant des gains de productivité

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 exploitent les 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 analyse. 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 observées avec d'autres plateformes d'Illumina. Parmi les innovations apportées, citons les Flow Cell structurées à une densité d'amplifiats élevée et un système 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.

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent un flux de travail simplifié avec une facilité de chargement-exécution (figure 2). Le matériel embarqué DRAGEN accélère l'analyse secondaire et la compression des données. L'instrument comprend la génération intégrée d'amplifiats et prépare les fichiers FASTQ dans le cadre de l'analyse de séquençage. Aucun équipement ni aucune étape supplémentaire n'est nécessaire.

\* Par exemple, les durées d'analyse d'une Flow Cell P3 à 2 x 150 pb sont raccourcies de huit heures avec les réactifs XLEAP-SBS par rapport à la chimie de SBS standard.

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

| Longueur de lecture                    | NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagents <sup>a</sup> | NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagents <sup>a</sup> | NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagents <sup>a,b</sup> | NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagents <sup>b</sup> |
|--|--|--|---|---|
| <b>Débit par Flow Cell<sup>c</sup></b> |  |  |   |   |
| Lectures uniques                       | 100 millions   | 400 millions   | 1,2 milliard                                      | 1,8 milliard                                    |
| 1 × 50 pb                              | –  | –  | –   | 90 Gb   |
| 2 × 50 pb                              | 10 Gb  | 40 Gb  | 120 Gb  | 180 Gb  |
| 2 × 100 pb                             | –  | 80 Gb  | 240 Gb  | 360 Gb  |
| 2 × 150 pb                             | 30 Gb  | 120 Gb   | 360 Gb  | 540 Gb  |
| 2 × 300 pb                             | 60 Gb  | 240 Gb   | –   | –   |
| <b>Scores de qualité<sup>d</sup></b>   |  |  |   |   |
| 1 × 50 pb, 2 × 50 pb                   | ≥ 90 % des bases supérieures à Q30                   |  |   |   |
| 2 × 100 pb, 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                              | –  | –  | –   | 12 h  |
| 2 × 50 pb                              | 8 h  | 12 h   | 18 h  | 20 h  |
| 2 × 100 pb                             | –  | 19 h   | 31 h  | 34 h  |
| 2 × 150 pb                             | 17 h   | 22 h   | 40 h  | 44 h  |
| 2 × 300 pb                             | 34 h   | 42 h   | –   | –   |

- a. Réactifs XLEAP-SBS pour Flow Cell P1, P2 et P3 disponibles au 2e trimestre 2024.
- b. Flow Cell P3 et P4 uniquement disponibles sur le système NextSeq 2000.
- c. Les données sur le rendement 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.
- d. 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.



Figure 2 : Flux de travail intuitif de la librairie à l'analyse : les systèmes 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.

## Plateforme intégrée facile à utiliser

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 bénéficient d'une cartouche de réactifs intégrée qui comprend la fluidique et le support de déchets, simplifiant le chargement des librairies et l'utilisation des instruments (figure 3). Décongelez et préparez la cartouche de réactifs, chargez la Flow Cell et les librairies préparées dans la cartouche, puis 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 :

- Réduit les 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 3 : Cartouche de réactifs NextSeq 1000 et NextSeq 2000 : la cartouche intégrée comprend les réactifs, la fluidique et le support de déchets. Décongelez et préparez tout simplement la cartouche de réactifs, insérez la Flow Cell, chargez la librairie et placez-la dans l'instrument.

## Flexibilité pour faire plus, évolutivité pour croître plus

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 étendent l'utilité de la plateforme avec la souplesse nécessaire pour élargir les champs d'application et assurer une évolutivité. Avec des résultats rapides et précis, des débits allant de 10 Gb à 540 Gb et des options informatiques intégrées, les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont parfaits pour une large gamme d'applications (tableau 2, tableau 3) dans le domaine de la métagénomique, de la transcriptomique spatiale, des études monocellulaires, et plus.

### Étendue des applications

Le système NextSeq 2000 propose quatre types de Flow Cell (P1, P2, P3 et P4) et 14 configurations de trousse, tandis que le système NextSeq 1000<sup>†</sup> propose deux types de Flow Cell (P1 et P2) et sept configurations de trousse (tableau 1). Les longueurs de lecture de 1 × 50 pb à 2 × 300 pb prennent en charge une grande variété d'applications et de tailles d'étude (tableau 2) :

- Trusses de 600 cycles pour les applications dépendantes de la longueur de lecture, telles que l'assemblage *de novo* de petits génomes entiers, la métagénomique ciblée, la métagénomique aléatoire, la métatranscriptomique et le profilage du répertoire immunitaire
- Trusses de 300 ou 200 cycles pour le séquençage de panels ciblés, d'exomes et de grands panels, de transcriptomes, d'ADN tumoral circulant et de grands génomes entiers
- Trusses de 100 ou 50 cycles pour les applications axées sur le dénombrement telles que l'expression génique, le profilage unicellulaire et spatial

La Flow Cell P4 pour NextSeq 2000 fournit jusqu'à 1,8 milliard de lectures uniques par analyse, maximisant le traitement par lots et alimentant des projets riches en données comme le séquençage de l'exome, la multiomique, l'analyse unicellulaire et spatiale.

<sup>†</sup> Pour assurer une évolutivité à l'avenir, les clients qui achètent NextSeq 1000 System peuvent facilement passer à NextSeq 2000 System.

## Options d'analyse rationalisées

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent 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 (figure 4).

Les analyses peuvent être configurées localement ou dans le nuage. Pour la configuration locale, les utilisateurs peuvent créer leur propre feuille d'échantillons ou utiliser un modèle Illumina pratique et préconçu. 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 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 normes 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 évaluation précise et efficace à l'aide de l'analyse secondaire DRAGEN intégrée

L'analyse secondaire intégrée DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics, soit Analyse de lecture dynamique pour la génomique en français) offre une solution précise et efficace pour l'appel des variants. La plateforme DRAGEN utilise des algorithmes optimisés et d'accélération matérielle 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.

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

| Application <sup>a</sup>   | P1 XLEAP-SBS <sup>b</sup> |                   | P2 XLEAP-SBS <sup>b</sup> |                   | P3 XLEAP-SBS <sup>b</sup> |                   | P4 XLEAP-SBS          |       |
|--|---------------------------|-------------------|---------------------------|-------------------|---------------------------|-------------------|-----------------------|-------|
|  | Nombre d'échantillons     | Durée             | Nombre d'échantillons     | Durée             | Nombre d'échantillons     | Durée             | Nombre d'échantillons | Durée |
| Séquençage d'un petit génome entier (300 cycles)<br>génome 130 Mb; > 30 fois la couverture       | 7                         | 17 h              | 30                        | 22 h              | 92                        | 40 h              | 138                   | 44 h  |
| Séquençage d'un exome entier (200 cycles)<br>Env. 8 Gb par exome, 100 fois la couverture moyenne | Env. 2 <sup>c</sup>       | 17 h <sup>c</sup> | 10                        | 19 h              | 30                        | 31 h              | 45                    | 34 h  |
| RNA-Seq total (200 cycles)<br>50 millions de paires de lecture par échantillon                   | 2 <sup>c,d</sup>          | 17 h <sup>c</sup> | 8                         | 19 h              | 24                        | 31 h              | 36                    | 34 h  |
| mRNA-Seq total (200 cycles)<br>25 millions de paires de lecture par échantillon                  | 4 <sup>c,d</sup>          | 17 h <sup>c</sup> | 16                        | 19 h              | 48                        | 31 h              | 72                    | 34 h  |
| RNA-Seq unicellulaire (100 cycles)<br>5 000 cellules, 20 000 lectures par cellule                | 1 <sup>e</sup>            | 8 h               | 4                         | 12 h              | 12                        | 18 h              | 18                    | 20 h  |
| miRNA-Seq ou analyse de petits ARN (50 cycles)<br>11 millions de lectures par échantillon        | 9 <sup>f</sup>            | 8 h <sup>f</sup>  | 36 <sup>f</sup>           | 12 h <sup>f</sup> | 108 <sup>f</sup>          | 18 h <sup>f</sup> | 163                   | 12 h  |
| Séquençage ARN 16 S (600 cycles)   | 384 <sup>g</sup>          | 34 h              | 384 <sup>g</sup>          | 42 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. Réactifs XLEAP-SBS pour Flow Cell P1, P2 et P3 disponibles au 2e trimestre 2024.
- c. Les trousse de 200 cycles ne sont pas disponibles pour les Flow Cell P1. Utiliser la trousse P1 300 cycles.
- d. Les longueurs de lecture recommandées sont de 2 × 75 pb pour Illumina Stranded Total RNA Prep et Illumina Stranded mRNA Prep et de 2 × 100 pb pour Illumina RNA Prep with Enrichment.
- e. Les réactifs P1 Reagents sont une bonne option pour les expériences de contrôle de la qualité à une seule cellule.
- f. Les trousse de 50 cycles ne sont pas disponibles pour les Flow Cell P1, P2 ou P3 XLEAP-SBS. Utiliser les trousse de 100 cycles.
- g. Un maximum de 384 index doubles uniques est disponible.

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 à surmonter les goulots d'étranglement dans l'analyse des données et à réduire la dépendance aux experts informatiques externes. L'analyse DRAGEN intégrée est comprise dans le coût de l'instrument et ne nécessite pas l'achat d'une licence supplémentaire.

### Intégration automatique au nuage

Pour les utilisateurs qui préfèrent une solution d'analyse basée sur le nuage, les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont intégrés à BaseSpace Sequence Hub et Illumina Connected Analytics, nos plateformes infonuagiques génomiques. L'analyse DRAGEN sur BaseSpace Sequence Hub et Illumina Connected Analytics offre des capacités avancées de visualisation des résultats et d'analyse dans une interface intuitive. Dans le nuage, les utilisateurs peuvent accéder à une large sélection d'outils bioinformatiques 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.

Tableau 3 : Pipelines de l'informatique DRAGEN intégrés aux systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

| Pipeline <sup>a</sup>                 | Applications   |
|---------------------------------------|--|
| DRAGEN Enrichment                     | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Séquençage de l'exome entier</li> <li>• Reséquençage ciblé</li> </ul>                             |
| DRAGEN RNA                            | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Expression génique du transcriptome entier</li> <li>• Détection de la fusion des gènes</li> </ul> |
| DRAGEN Single-Cell RNA                | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Séquençage du transcriptome entier à cellule unique</li> </ul>                                    |
| DRAGEN Germline                       | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Séquençage du génome entier</li> </ul>  |
| DRAGEN Amplicon <sup>b</sup>          | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Panels d'amplicons d'ADN</li> <li>• Reséquençage ciblé</li> </ul>                                 |
| Compression d'ORA DRAGEN <sup>c</sup> | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Compression des fichiers FASTQ</li> </ul>   |

a. D'autres pipelines de l'informatique DRAGEN sont disponibles dans le nuage; visitez [illumina.com/DRAGEN](https://illumina.com/DRAGEN) pour une liste complète.  
 b. Pris en charge pour les échantillons d'ADN uniquement.  
 c. ORA, original read archive (archive de lecture originale); DRAGEN ORA Compression peut être activée avec n'importe lequel des pipelines DRAGEN.

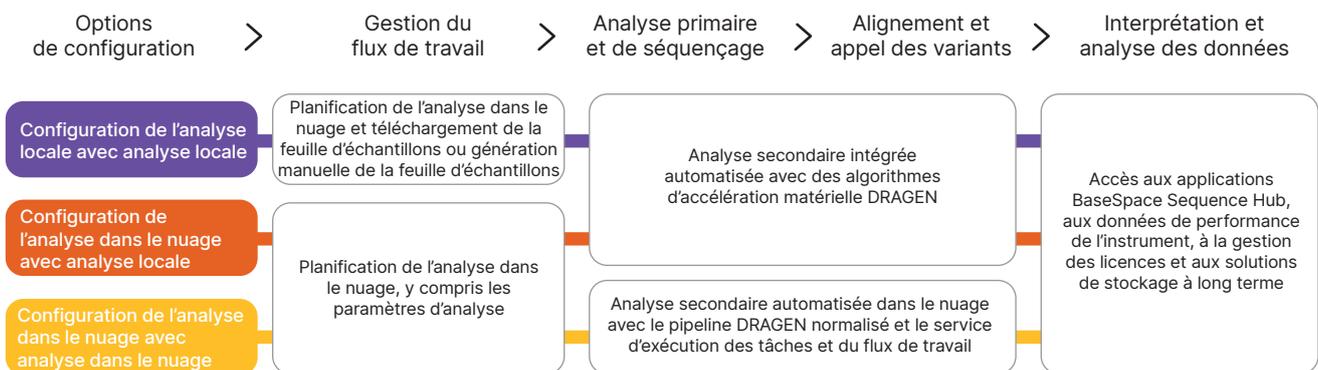


Figure 4 : Suite informatique flexible : les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 proposent des options locales et dans le nuage pour configurer, gérer et exécuter l'analyse, permettant aux utilisateurs d'exécuter leur séquençage à leur façon.

## Chef de file mondial incontesté

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 démontrent la fiabilité d'une solution testée sur le terrain et d'un partenaire de séquençage solide. Depuis le lancement en 2020, plus de deux mille instruments ont été installés et utilisés pour générer des milliers de publications. Avec une infrastructure de fabrication et de qualité mondiale évoluée, Illumina fournit une assistance complète et la meilleure uniformité des produits, en établissant ainsi 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.

## Confiance dans l'innovation continue

Illumina a une expérience éprouvée du développement 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. L'expérience client est au centre de toute innovation, ce qui facilite la préparation des échantillons, le séquençage et l'analyse des données.

## Assistance simple et rapide

### Construction modulaire

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

### Illumina Proactive

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 complémentaire 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 Illumina sur le terrain pour planifier des visites de maintenance.

## Engagement envers votre réussite

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, une assistance continue, 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.

Notre équipe d'assistance de renommée mondiale est composée de scientifiques expérimentés qui sont experts dans la préparation de bibliothèques, le séquençage et l'analyse pour vous aider à maximiser vos investissements et à assurer une performance optimale. Cette équipe dévouée comprend des techniciens d'assistance sur le terrain (FSE) hautement qualifiés, 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 en ligne 24 heures sur 24 et 7 jours sur 7, de partout dans le monde et en plusieurs langues.

## Résumé

Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 élargissent ce qui peut être accompli avec un système de séquençage de paillasse. La flexibilité et l'évolutivité élevées, combinées à une performance améliorée à l'aide de la chimie XLEAP-SBS, permettent un large éventail d'applications. Les systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000 offrent une technologie de séquençage de nouvelle génération (SNG) éprouvée avec une simplicité opérationnelle, un flux de travail rationalisé comprenant l'analyse et une assistance complète.

## En savoir plus

[Systèmes de séquençage NextSeq 1000 et NextSeq 2000](#)

Spécifications des systèmes NextSeq 1000 et NextSeq 2000

| Spécifications  |
|---|
| <p><b>Configuration de l'instrument</b><br/>Instrument sec et autonome avec analyse secondaire d'une carte à puce à ADN prédiffusée programmable par l'utilisateur (Field Programmable Gate Array, FPGA) DRAGEN intégrée</p>  |
| <p><b>Ordinateur de commande de l'instrument</b><br/>Unité de base : microserveur 2U situé à l'intérieur de l'instrument<br/>Mémoire : 288 Go<br/>Disque dur : 3,8 To SSD<br/>Système d'exploitation : Linux CentOS 7.6</p>   |
| <p><b>Environnement de fonctionnement</b><br/>Température : de 15 °C à 30 °C<br/>Humidité : humidité relative de 20 % à 80 % sans condensation<br/>Altitude : 0 à 2 000 mètres<br/>Réservé uniquement à un usage en intérieur</p>   |
| <p><b>Laser</b><br/>Longueurs d'ondes : 449 nm, 523 nm, 820 nm<br/>Sûreté : Produit laser de classe 1</p>   |
| <p><b>Dimensions</b><br/>L x P x H : 55 cm x 65 cm x 60 cm<br/>Poids : 141 kg</p> <p><b>Dimensions de la caisse</b><br/>Caisse L x P x H : 92 cm x 120 cm x 118 cm<br/>Poids avec emballage : 232 kg</p>  |
| <p><b>Exigences d'alimentation</b><br/>Tension d'entrée de l'instrument : 100 V c.a. à 240 V c.a.<br/>Fréquence d'entrée de l'instrument : 50/60 Hz</p>   |
| <p><b>Bande passante pour la connexion réseau</b><br/>200 Mo/s par instrument pour les téléversements à l'intérieur du réseau<br/>200 Mo/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub<br/>5 Mo/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument</p> |
| <p><b>Sécurité et conformité du produit</b><br/>Certifié NRTL CEI<br/>Certifié CE 61010-1<br/>Conforme FCC/IC</p>   |

Renseignements relatifs à la commande

| Produit  | N° de référence |
|--|-----------------|
| NextSeq 2000 Sequencing System   | 20038897        |
| NextSeq 1000 Sequencing System   | 20038898        |
| Mise à niveau du NextSeq 1000 et NextSeq 2000                          | 20047256        |
| NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100983        |
| NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100982        |
| NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100981        |
| NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100987        |
| NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100986        |
| NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100985        |
| NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) <sup>a,b</sup> | 20100984        |
| NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a,b</sup>      | 20100990        |
| NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a,b</sup>      | 20100989        |
| NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a,b</sup>      | 20100988        |
| NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) <sup>a</sup>         | 20100995        |
| NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) <sup>a</sup>        | 20100994        |
| NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) <sup>a</sup>        | 20100993        |
| NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) <sup>a</sup>        | 20100992        |
| NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers <sup>a</sup>        | 20112856        |
| NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit <sup>a</sup>              | 20112858        |
| NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit <sup>a</sup>               | 20112859        |

a. Les trousse de réactifs XLEAP-SBS pour les instruments NextSeq 1000 et NextSeq 2000 sont expédiées et stockées à la même température que les trousse de réactifs SBS standard.

b. Réactifs XLEAP-SBS pour Flow Cell P1, P2 et P3 disponibles au 2e trimestre 2024.



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

© 2024 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 v6.0