

تجاوز حدود الممكن

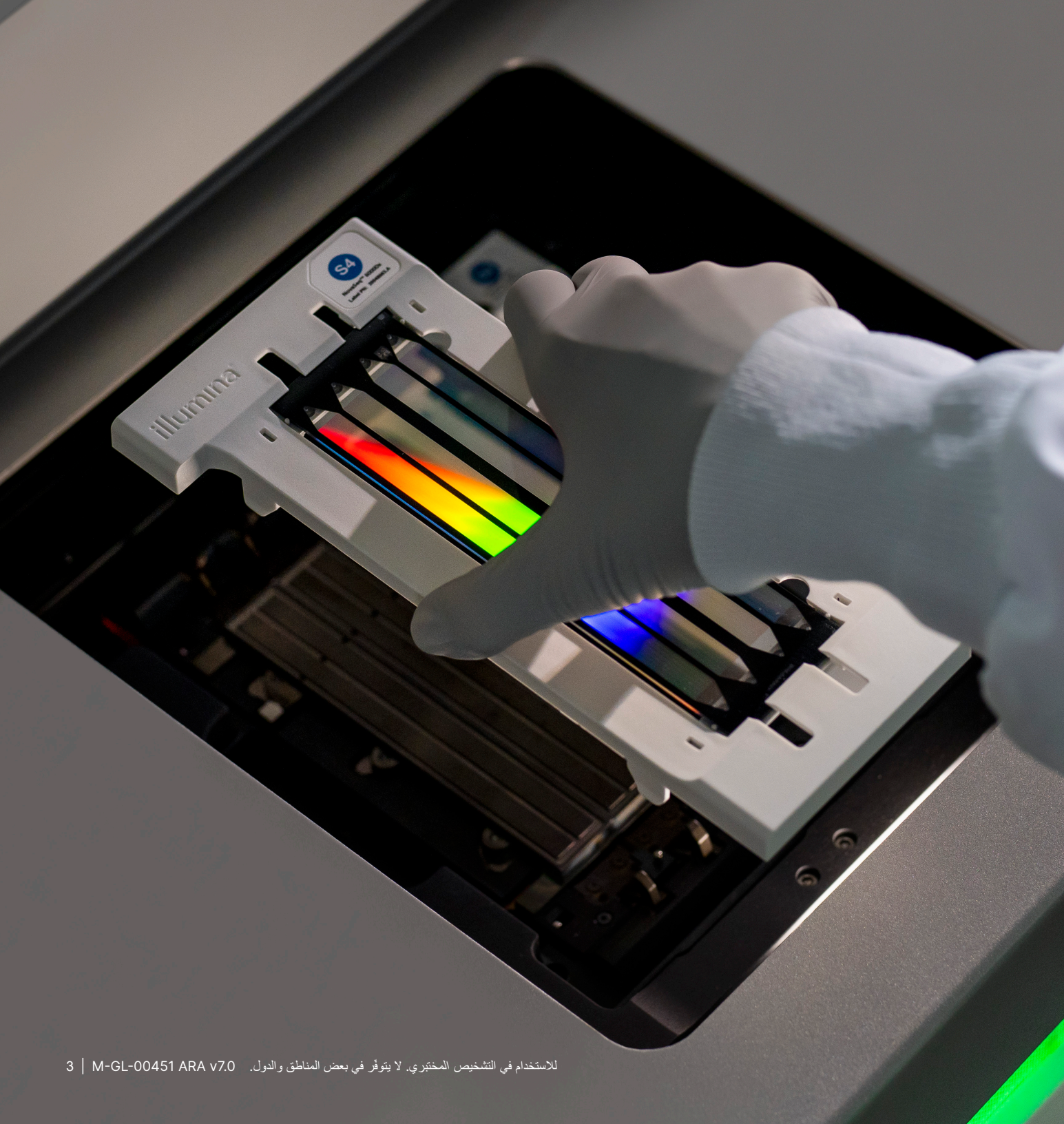
أنظمة التسلسل من Illumina

يدفعك الابتكار نحو التقدم. ونحن كذلك.

في مجالات الأمراض الوراثية، والصحة الإنجابية، والأورام، والأحياء الدقيقة، والزراعة، وغيرها، يعتمد الباحثون والأطباء على أنظمة Illumina لتوفير بيانات تمكّن من الوصول إلى اكتشافات رائدة.

مع مجموعة كاملة من الأنظمة، نوفر الحل المناسب لتلبية احتياجاتك المتطورة باستمرار.

إن إمكانات تقنية التسلسل الجيني من الجيل التالي (NGS) اليوم بلغت آفاقاً غير مسبوقة من الشمولية والفرص الواعدة والنتائج المذهلة. أكثر أهدافكم طموحاً باتت اليوم أقرب إلى التحقق. توفر Illumina الأدوات والحلول المبتكرة اللازمة للاستفادة الكاملة من إمكانات الجينوم.



جدول المحتويات

نظرة عامة على الأنظمة	4
أنظمة سطح العمل	6
أنظمة مصممة للإنتاج واسع النطاق	10
أجهزة التشخيصات المختبرية	12
حلول الحوسبة الحيوية المتكاملة	14
خدمة دعم احترافية على مستوى عالمي	17

مجموعة حلول متكاملة وشاملة. آفاق لا حدود لها من الإجابات العلمية.

NovaSeq X/X Plus	NovaSeq™ 6000	NextSeq 1000/2000	NextSeq™ 550	MiSeq™ i100/i100 Plus
			تسلسل الجينوم الكامل الصغير	
			التسلسل الجيني المستهدف	
			تحليل التعبير الجيني المستهدف	
			تحليل الميتاجينوم عبر تسلسل جين 16S	
			تسلسل الإكسوم	
			تسلسل الترنسكريبتوم	
			تسلسل الحمض النووي الخالي من الخلايا*	
			تحليل الخلية المفردة أو التحليل المكاني	
			تحليل الميتاجينوم بطريقة التسلسل العشوائي الكامل	
			تحليل المثيلة	
			تحليل الكروماتين†	
			تسلسل الجينوم الكامل على نطاق واسع	

- الحمض النووي
- الحمض النووي الريبوزي
- علم النُّحُو
- أخرى

* يتضمن تسلسل الحمض النووي الخالي من الخلايا تطبيقات مثل الاختبار غير الجراحي قبل الولادة (NIPT) والخزعة السائلة.
† يشمل تحليل الكروماتين اختبارات الكروماتين القابل للوصول بواسطة الترانسبوزاز (ATAC-Seq)، والترسيب المناعي للكروماتين (ChIP-Seq)، وتقنيات التقاط تشكيل الكروماتين (Hi-C).

illumina

illumina®

من المهام اليومية الروتينية إلى مشروعاتكم الأكثر طموحًا، هناك نظام تسلسل من Illumina يلبي احتياجاتكم ويساعدكم على تحقيق أهدافكم.†

البحث العلمي

تمنحك حلول التسلسل الصغيرة للمختبر، بما في ذلك سلسلة MiSeq i100 ونظام NextSeq 2000 Sequencing System، قوة تقنية التسلسل الجيني من الجيل التالي (NGS) لدى Illumina ضمن تصميم مرن وسهل الوصول. -أشير إلى أنظمة التسلسل المكتبية لدينا في أكثر من 200,000 من المنشورات التي خضعت لمراجعة النظراء، وقد اعتمد عليها الباحثون لأكثر من عشرة أعوام.‡

تتيح أنظمة التسلسل الإنتاجية لدينا تنفيذ تطبيقات كثيفة البيانات وعالية الإنتاجية بكفاءة. سلسلة NovaSeq X تمثل ثورة في مجال الجينوم، مع توفير إنتاجية ودقة استثنائية لدعم أبحاثك. أصبح بالإمكان تنفيذ المشروعات التي كان يُعتقد سابقًا أنها بعيدة المنال.

التشخيص

في تطبيقات التشخيص المختبري (IVD)، يُسهم إجراء الاختبارات السريرية على أجهزة MiSeqDx** وNextSeq 550Dx** وNovaSeq 6000Dx** في الحصول على بيانات دقيقة تدعم تحسين نتائج المرضى.

† تحدد معدلات الإنتاجية وكثافة البيانات التوصيات المتعلقة بالأنظمة المستخدمة في الطرق والتطبيقات.

‡ Data calculations on file, Illumina, Inc. 2024 §

** للاستخدام في التشخيص المختبري. لا يتوفر في بعض المناطق والدول.

تقنية التسلسل الجيني من الجيل التالي (NGS) في متناول يدك

نظام MiSeq i100 Plus^١نظام MiSeq i100^١

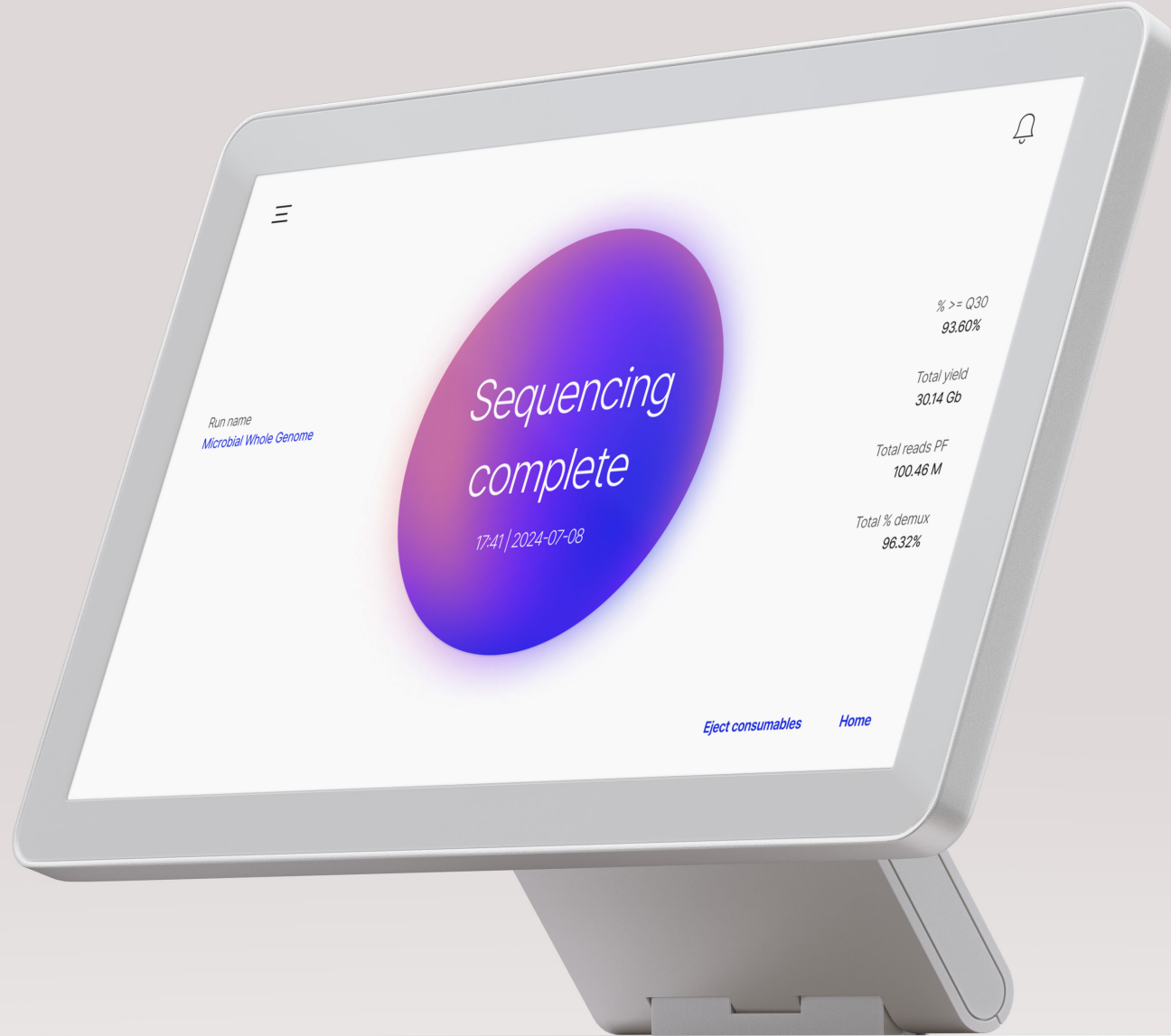
100M	50M	25M	5M	25M	5M	خلية التدفق
30-10 جيجا قاعدة	30-5 جيجا قاعدة	30-2.5 جيجا قاعدة	3-1.5 جيجا قاعدة	25-2.5 جيجا قاعدة	3-1.5 جيجا قاعدة	نطاق المخرجات
100M	50M	25M	5M	25M	5M	عدد القراءات الفردية في كل عملية تشغيل
8-5	15-4	24-4	15-7	24-4	15-7	وقت التشغيل (في الساعة) ^٢
150 × 2	300 × 2	500 × 2	300 × 2	500 × 2	300 × 2	الحد الأقصى لطول القراءة (زوج قاعدي)
برنامج DRAGEN				برنامج DRAGEN		تحليل البيانات المضمّن

١. يدعم نظام MiSeq i100 خلايا التدفق 5M و25M فقط، بينما يدعم نظام MiSeq i100 Plus جميع خلايا التدفق الأربع.

ب. أزمدة التشغيل المدرجة هي تقديرات تقريبية.

ج. لمزيد من المعلومات حول تطبيقات التحليل المحددة المضمنة في برنامج DRAGEN المدمج، يُرجى الرجوع إلى:

illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq-i100/products-services/software.html



أداء قوي ومرونة عالية على منصة العمل المكتبية



نظاما NextSeq 1000 و NextSeq 2000

نظام NextSeq 550^أ

خلية التدفق	إخراج متوسط	إخراج عالٍ	P1	P2	P3	P4
نطاق المخرجات	39-16 جيجا قاعدة	120-25 جيجا قاعدة	60-10 جيجا قاعدة	240-40 جيجا قاعدة	360-120 جيجا قاعدة	540-90 جيجا قاعدة
عدد القراءات الفردية في كل عملية تشغيل	130M	400M	100M	400M	1.2B	1.8B
وقت التشغيل (في الساعة)	26-15	29-11	34-8	42-12	40-18	44-12
الحد الأقصى لطول القراءة (زوج قاعدي)	150 × 2	150 × 2	300 × 2	300 × 2	150 × 2	150 × 2
تحليل البيانات المضمّن	مدير التشغيل المحلي	التحليل الثانوي المدمج لمنصة DRAGEN				

أ. يتضمن نظام NextSeq 550 وظيفة مسح المصفوفات لتطبيقات السيتوجينومكس، وتحليل المثيلة، ورسم الخرائط الكروموسومية.

ب. المواصفات الموضحة هي الخاصة بكواشف NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS™.

ج. المواصفات الموضحة هي الخاصة بكواشف NextSeq 2000 XLEAP-SBS. تتوفر خلايا التدفق من فئة P3 و P4 لنظام NextSeq 2000 فقط.



أنظمة مصممة للإنتاج واسع النطاق لزيادة المخرجات إلى أقصى حد



نظام NovaSeq X Plus^{أ، ب، ج}



نظام NovaSeq X^{أ، ب، ج}



نظام NovaSeq 6000

نظام NovaSeq X Plus ^{أ، ب، ج}				نظام NovaSeq X ^{أ، ب، ج}				نظام NovaSeq 6000				خلية التدفق
25B	10B	5B	1.5B	25B	10B ^ج	5B	1.5B	S4	S2	S1	SP	
2 أو 1	2 أو 1	2 أو 1	2 أو 1	1	1	1	1	2 أو 1	2 أو 1	2 أو 1	2 أو 1	عدد خلايا التدفق التي تتم معالجتها في كل عملية تشغيل
21-2.6	8-1	4-0.5	165 جيجا قاعدة-1.4	10.5-2.6	4-1	2-0.5	716-165	280 جيجا قاعدة-6	333 جيجا قاعدة-2.5	134 جيجا قاعدة-1	800-65	نطاق المخرجات
35B-26B	13B-10B	5B	2.4B-1.6B	35B-26B	13B-10B	5B	2.4B-1.6B	10B	4.1B	1.6B	800M	القراءات الفردية لكل خلية تدفق
48-25	25-18	25-18	45-17	48-25	25-18	25-18	45-17	< 44	36-16	25-13	38-13	وقت التشغيل (في الساعة)
150 × 2	150 × 2	150 × 2	300 × 2	150 × 2	150 × 2	150 × 2	300 × 2	150 × 2	150 × 2	150 × 2	250 × 2	الحد الأقصى لطول القراءة (زوج قاعدي)
تحميل ملفات الاستدعاء القاعدي BCL المدمج من DRAGEN								—				تحليل البيانات المضمّن

أ. يتطلب استخدام مجموعة الكاشف سلسلة NovaSeq X 1.5B (600 دورة) وجميع مجموعات الكواشف سلسلة NovaSeq X 5B وجود برنامج النظام بالإصدار 1.4 أو أحدث.

ب. يعكس الحد الأقصى لنطاق الإنتاجية أداء التشغيل المزوج على نظام NovaSeq X Plus.

ب. لا يمكن ضمان الأداء عند المستويات العليا من مواصفات الخرج. يعتمد الناتج الفعلي على نوع المكتبة، وتحسينات المستخدم، وأداء التشغيل.



A
Read 2: completing cycle 82 of 151
Completing today at

06:23

Run name
20220909_WGS_WES_RNA_LocalAnalysis
% >= Q30
88.72%
Projected yield
3,084.72 Gb
Total reads PF
10.24 B
Cancel run A

Ros

B
Read 2: completing cycle 43 of 151
Completing today at

09:38

Run name
20220909_Methylation_FastQ_CountAnalysis
% >= Q30
91.23%
Projected yield
3,065.81 Gb
Total reads PF
10.14 B
Cancel run B



illumina

توسيع نطاق الخيارات السريرية. نتائج ذات دلالات أوضح.



جهاز NovaSeq 6000Dx^أ



جهاز NextSeq 550Dx^أ



جهاز MiSeqDx^أ

القدرات التشغيلية في وضع البحث	NovaSeq 6000Dx S4 v1.5 (300 دورة)	NovaSeq 6000Dx S2 v1.5 (300 دورة)	القدرات التشغيلية في وضع البحث	NextSeq 550Dx High Output v2.5 (75 دورة)	NextSeq 550Dx High Output v2.5 (عدد 300 دورة)	القدرات التشغيلية في وضع البحث	MiSeqDx v3 (عدد 300 دورة)
عدد خلايا التدفق التي تتم معالجتها في كل عملية تشغيل	1 أو 2	1 أو 2	1	1	1	1	1
نطاق المخرجات	80 جيجا قاعدة- 6 تيرا قاعدة	3-6 تيرا قاعدة	16-120 جيجا قاعدة	≥ 22.5 جيجا قاعدة	≥ 90 جيجا قاعدة	300 ميغا قاعدة- 15 جيجا قاعدة	≤ 5 جيجا قاعدة
القراءات الفردية لكل خلية تدفق	10B	10B	400M	400M	≥ 300M	25M	≥ 15M
وقت التشغيل (في الساعة)	13-44	≤ 45	11-29	< 11	< 35	5.5-56	24
الحد الأقصى لطول القراءة (زوج قاعدي)	250 × 2	150 × 2	150 × 2	75 × 1	150 × 2	300 × 2	150 × 2
تحليل البيانات المضمّن	خادم DRAGEN المقترن ^ب		مدير التشغيل المحلي			مدير التشغيل المحلي	

أ. عند التشغيل في وضع البحث (RUO)، تمتلك أجهزة MiSeqDx وNextSeq 550Dx وNovaSeq 6000Dx نفس مواصفات الأداء الخاصة بأنظمة MiSeq وNextSeq 550 وNovaSeq 6000، على التوالي. ب. يُرجى مراجعة النشرة الداخلية المرفقة للاطلاع على المواصفات الخاصة بكل اختبار. ج. لمزيد من المعلومات حول مسارات التحليل المضمنة مع خادم DRAGEN المقترن، يُرجى الرجوع إلى illumina.com/systems/ivd-instruments/novaseq-6000dx.html



NovaSeq™ 6000Dx

ربط البيانات بالرؤى والنتائج

يوفر نظام Illumina كفاءات مدمجة لتسهيل العمليات. تساعد حلولنا البرمجية الشاملة على الحد من عقبات المعلوماتية الحيوية وتبسيط سير عمل الجينوم الخاص بكم. سواءً أكنتم في مرحلة البداية أم في مرحلة التوسع السريع، يتيح لكم برنامج Illumina Connected Software++ الاستفادة الكاملة من بياناتكم في تطبيقات البحث التي تشمل علم الأورام، والأمراض النادرة، والأمراض المعدية.

مدمج مع أنظمة التسلسل الخاصة بنا، يدعم Illumina Connected Software الباحثين في علم الجينوم والأبحاث السريرية من التحليل الأساسي إلى التحليل المتقدم، ويعمل على تحسين إدارة المختبر والعينات، ويكشف التغيرات الجينية بدقة. يجمع Illumina Connected Software بين سهولة الاستخدام والتخصيص، ل يتيح استخلاص البيانات والتحليلات لكلٍ من الدراسات ذات العينة الفردية والدراسات واسعة النطاق على مستوى السكان.

حيثما تكون بياناتكم، تقدم Illumina خيارات للتحليل على الخوادم المحلية أو على السحابة لتلبية احتياجاتكم. ملتزمون بالابتكار الدائم، نبتكر تقنيات معلوماتية حيوية حديثة تساعد على توسيع نطاق استخدام علوم الجينوم لكل الباحثين والمختصين.





دقة مُثبتة

توفر كيمياء التسلسل عن طريق التوليف (SBS) فائقة الدقة، بالإضافة إلى تحليل DRAGEN™ الثانوي، نتائج رائدة وحائزة على جوائز في تحديد المتغيرات الجينية الجرثومية والجسدية.## وبفضل تحليل DRAGEN المدمج المتاح في أجهزة مختارة، يمكن للمستخدمين تبسيط سير عملهم والحصول على تحليل ثانوي دقيق وشامل لأكثر التطبيقات شيوعاً.

معايير عالية لخصوصية البيانات

صُممت برمجياتنا لتكون ركيزتها الأساسية هي الأمان والالتزام بالمعايير، وذلك تلبيةً لأقصى المتطلبات الأمنية. تضمن معايير أمان وحوكمة مشاركة البيانات، وسجلات التدقيق المشفرة، والمشاركة الخاضعة للرقابة، الحفاظ على سلامة وأمن بياناتكم.

نخبة من شركاء التقنية الموثوقين

من أجل دعم نجاحكم، يقوم فريق خدمات المعلوماتية لدى Illumina بدمج خبراء المعلوماتية الحيوية وعلماء البيانات والمصممين لمساعدتكم على تهيئة سير العمل التحليلي وتحقيق أقصى قدر من الكفاءة وتقليل متطلبات التطوير.



دعم فني متواصل على مدار الساعة

في Illumina، الابتكار لا يتوقف عند صنع أفضل الأنظمة؛ بل يستمر لتقديم قيمة حقيقية للمستخدمين. اهتمامنا يمتد ليغطي كل جانب من تجربة المستخدم الخاصة بكم. ندعمكم في كل خطوة خلال رحلتكم وأهدافكم في التسلسل الجيني من الجيل التالي (NGS).

أقصى درجات الإنتاجية

تعدّ خدمة Illumina Proactive خدمة دعم مُطوّرة ستصبح ركيزتكم الأساسية التي تعتمدون عليها. قم بربط أجهزتك بلوحة تحكم MyIllumina المجانية والمخصصة لك، للحصول على تحليلات الأداء وحل المشكلات الفنية. احصل على تحديثات في الوقت الفعلي عن حالة التشغيل ومدى كفاءة استخدام أجهزتك. من خلال رصد المشكلات مسبقاً، يساعد فريقنا على تفادي توقف العمل المفاجئ وضمان نجاح تحليل عيناتكم.

الخطوة الأولى: دعونا نبحث عن الحل المناسب لكم

نحن نركز على تلبية متطلبات مختبركم الحالية والمستقبلية. نحن نساعدكم على تحديد النظام المناسب لمختبركم. بعد ذلك، تساعدكم برامجنا التدريبية المباشرة وأدواتنا عبر الإنترنت على اكتشاف كيفية توسيع نطاق أبحاثكم بالكامل.

الخطوة الثانية: الإعداد

بدءاً من تحضير المكتبات وصولاً إلى المعلوماتية الحيوية، سنساعدكم على تحقيق التميز التشغيلي، من خلال سير عمل مُحسّن يساعدكم على إدارة مختبركم بكفاءة عالية من حيث التكلفة والوقت.

الخطوة الثالثة: الصيانة والدعم

خبرة ربع قرن من الريادة العالمية نضعها بين أيديكم؛ ليس فقط لنضعكم على الطريق الصحيح، بل لنضمن استدامة ونجاح مختبركم. لدينا الإمكانيات والفرق والخبرة التي تضمن لكم الحصول على خدمة فائقة ومستقرة دائماً.

أنتم تُحدثون فرقاً في العالم. نحن بجانبكم في كل خطوة.

هدفنا هو تطبيق التقنيات الناشئة على تحليل التباين والوظيفة الجينية، مما يجعل الدراسات الممكنة اليوم شيئاً لم يكن يمكن تصوره قبل بضع سنوات فقط.

وهنا تكمن القوة الحقيقية لـ Illumina.. ولكم.

تهدف Illumina إلى أن تكون شريككم الأمثل، من خلال تقديم حلول مبتكرة في علم الجينوم، وتجربة مستخدم متكاملة، وخدمة عملاء عالية الجودة. بفضل حضورنا العالمي، نضمن لكم الدعم المطلوب لتعزيز نجاحكم. أينما يكن موقعكم في العالم، نوفر لكم الكفاءات والموارد والحلول اللازمة لدعم علومكم وتعظيم قدرتكم على الاكتشاف.



لقد مهدت كل الابتكارات الطريق
للوصول إلى يومنا هذا... عصر الجينوم.
نترقب بشغف وجهتنا القادمة معًا.

illumina®

نحن متاحون دائمًا لتلقي الأسئلة والرؤى وإجراء المحادثات.

يُرجى التفضّل بزيارة موقعنا illumina.com.

الهاتف المجاني 1.800.809.4566 (الولايات المتحدة) | رقم الهاتف +1.858.202.4566

techsupport@illumina.com | www.illumina.com

حقوق الطبع والنشر © لعام 2025 محفوظة لصالح شركة Illumina, Inc. جميع الحقوق محفوظة.
جميع العلامات التجارية مملوكة لشركة Illumina, Inc. أو أصحابها المعنيين. للحصول على معلومات
محددة حول العلامات التجارية، راجع www.illumina.com/company/legal.html.