

NextSeq™ 550 System

Anwendungsspezifische
Sequenzierungsausgabe
und Array-Scans auf
einem Gerät

- Dank kurzer Durchlaufzeiten sowie Optionen mit hoher und mittlerer Ausgabe geeignet für wechselnde Kapazitätsanforderungen
- Einfache Bedienung per Tastendruck, Load-and-go-Reagenzien und optimierter Informatik
- NGS- und Array-Technologien für genaue genomische Studien in einer breiten Palette von Anwendungen

illumina®

Einleitung

Das NextSeq 550 System vereint bewährte NGS- (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) und Array-Funktionen mit anpassbarer Ausgabeleistung, was kleinen und großen Laboren die Abstimmung auf den jeweiligen Bedarf ermöglicht. Als Basisgerät im NGS-Sortiment von Illumina eignet sich das NextSeq 550 System ideal für den Ausbau vorhandener Laborkapazitäten sowie für den Aufbau neuer Labore, die damit von einem Gerät profitieren, das Sequenzierung und Genotypisierung vereint (**Abbildung 1**). Der schnelle DNA-zu-Ergebnis-Workflow ermöglicht eine zügige Sequenzierung von Exomen, zielgerichteten Panels und Transkriptomen in einem einzigen Lauf. Bei Bedarf ist ein Wechsel zwischen hohem und niedrigem Durchsatz möglich. Wann immer nötig, erhalten Kunden Unterstützung durch Wissenschaftler von Illumina. So können große klinische Forschungslabore ihre Kapazitäten problemlos ausbauen, während kleinere Labore ebenso einfach davon profitieren, sowohl Genotypisierungs- als auch Sequenzierungstechnologien einsetzen zu können.



Abbildung 1: NextSeq 550 System: Bewährte Plattform, die NGS- und Array-Technologie für präzise genomische Studien in einem breiten Anwendungsspektrum vereint.

Für wechselnden Bedarf

Mit dem NextSeq 550 System verfügen Forscher über modernste Technologie, können flexibel zwischen Anwendungen wechseln und die Ausgabeleistung an das Probenvolumen und die gewünschte Coverage anpassen. Das zuverlässige, skalierbare System macht den Einsatz einer breiten Palette an Hochdurchsatzanwendungen in der täglichen Arbeit erschwinglich.

Geeignet für den Bedarf vielbeschäftigter Labore

Das NextSeq 550 System ermöglicht mit verschiedenen Durchsatzniveaus Anwendern eine optimale Betriebseffizienz. Das NextSeq 550 System bietet zudem für zahlreiche, häufig eingesetzte Sequenzierungsanwendungen eine Durchlaufzeit von einem Tag. Mit diesem Gerät können Anwender ein großes Spektrum an Proben in nur einem Lauf sequenzieren:

- 1–12 Exome
- 1–16 Transkriptome
- 6–96 zielgerichtete Panels
- 12–40 Genexpressions-Profiling-Proben

Einsatz in klinischen Forschungslaboren

Labore, die bereits über ein NextSeq 550 System verfügen, können mit der Anschaffung eines weiteren Geräts ihre Kapazität erhöhen und profitieren von Redundanz und Modularität, ohne dass eine erneute Validierung erforderlich ist. Zahllose Veröffentlichungen und der Einsatz in führenden Genomikzentren unterstreichen, dass es sich beim NextSeq 550 System um eine wertvolle Ergänzung für jede Laborausstattung handelt.

Einsatz in kleineren Laboren

Das NextSeq 550 System lässt sich einfach konfigurieren. Damit erhalten Anwender die notwendige Flexibilität für die Anpassung an den jeweiligen Bedarf und die Einhaltung von Anforderungen hinsichtlich der Durchlaufzeiten. Die beiden Fließzellenkonfigurationen (hohe und mittlere Ausgabeleistung) ermöglichen Laboren für jeden Sequenzierungslauf den einfachen Wechsel zwischen niedrigem und hohem Durchsatz (**Tabelle 1** und **Tabelle 2**). Das NextSeq 550 System bietet integrierte Unterstützung für die Paired-End-Sequenzierung mit benutzerdefinierten Read-Längen von bis zu 2 × 150 bp. Das System unterstützt die vollständige Suite der Illumina-Bibliotheksvorbereitungs- und Zielanreicherungs-lösungen und bietet Kompatibilität über das gesamte Illumina-Sequenzierungsportfolio hinweg. Damit können Labore Studien auf den höheren Durchsatz der Systeme NextSeq 2000 und NovaSeq™ 6000 ausweiten oder Folgestudien auf einer anderen Plattform wie dem MiSeq™ System durchführen.

Tabelle 1: Sequenzierungsleistung des NextSeq 550 System

Konfiguration der Fließzelle	Read-Länge	Ausgabe	Datenqualität
Fließzelle mit hoher Leistung Bis zu 400 Mio. Single-Reads Bis zu 800 Mio. Paired-End-Reads	2 × 150 bp	100–120 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 bp	50–60 Gb	> 80 % > Q30
	1 × 75 bp	25–30 Gb	> 80 % > Q30
Fließzelle mit mittlerer Leistung Bis zu 130 Mio. Single-Reads Bis zu 260 Mio. Paired-End-Reads	2 × 150 bp	32–39 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 bp	16–19 Gb	> 80 % > Q30

Installationspezifikationen basieren auf der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten (zwischen 129 und 165 k/mm² Cluster nach Filterung). Die aktuellen Leistungsparameter können je nach Probenotyp, Probenqualität und Cluster nach Filterung variieren. Der Prozentsatz der Basen > Q30 wird über den gesamten Lauf gemittelt.

Tabelle 2: Herausragende Flexibilität für zahlreiche Anwendungen

Sequenzierung					
Anwendung	Fließzelle mit hoher Leistung		Fließzelle mit mittlerer Leistung		Erforderliche Zugabe ^b
	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit ^a	
Genexpressions-Profilung > 10 Mio. Reads 1 × 75 bp	40	11 h	13	11 h	25–1.000 ng mRNA 10–20 ng RNA insgesamt
mRNA-Seq > 25 Mio. Reads 2 × 75 bp	16	18 h	5	15 h	25–1.000 ng mRNA
Anreicherungs-Panel 12-Mb-Region > 20-fache Coverage bei > 95 % der Ziele	36	29 h	12	26 h	10–100 ng DNA
Exomsequenzierung 50-fache mittlere Coverage	12	18 h	3	15 h	50 ng DNA
Sequenzierung kleiner Genome 130-Mb-Genom > 30-fache Coverage 2 × 150 bp	30	29 h	10	26 h	1–300 ng DNA

Array-Scanleistung

BeadChip	Scandauer je BeadChip	Anzahl der Proben	Scandauer je Probe
Infinium MethylationEPIC	40 min	8	5 min
Infinium CytoSNP-850K	40 min	8	5 min
Infinium HumanCytoSNP-12	40 min	12	3,3 min
Infinium HumanKaryomap-12	40 min	12	3,3 min

a. Die Gesamtzeiten umfassen Clusterbildung, Sequenzierung und Base-Calling auf einem NextSeq 550 System.

b. Die Zugabemenge hängt von der Probenqualität und der verwendeten Bibliotheksvorbereitungslösung ab. Eine vollständige Liste der Bibliotheksvorbereitungskits von Illumina finden Sie unter illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html.

Optimierter NGS-Workflow

Das NextSeq 550 System ist Teil eines Komplet-Workflows, der von der Bibliotheksvorbereitung und der Datenanalyse bis hin zur Berichterstellung und Datenbereitstellung reicht (Abbildung 2).

Vorbereiten < 3 Stunden manueller Aufwand	Sequenzieren 10 Minuten manueller Aufwand	Analysieren DRAGEN Server oder BaseSpace Sequence Hub	Freigeben Sicher, unbegrenzter Speicherplatz
6,5 STUNDEN	15-18 STUNDEN	<4 MINUTEN FÜR 80 MIO. READS MIT DER DRAGEN-PLATTFORM	 SOFORT

Abbildung 2: Beispiel für den Sequenzierungsworkflow des NextSeq 550 System: Das NextSeq 550 System bietet einen einfachen integrierten Workflow, von der Vorbereitung der Proben bis hin zur Datenanalyse. Die Workflowzeiten variieren je nach Versuch und Assay-Typ. Die Angaben beziehen sich auf Illumina Stranded mRNA Prep und eine Read-Länge von 2 × 75 bp. Die Analyse umfasst die Differenzialexpression und die Identifikation alternativer Transkripte.

Bibliotheksvorbereitungskits für zahlreiche Anwendungen

Illumina hat zahlreiche Bibliotheksvorbereitungskits im Angebot, die mit dem NextSeq 550 System kompatibel sind. Die Lösungen umfassen zielgerichtete Panels zur Untersuchung spezifischer Regionen von Interesse und eignen sich für verschiedene Verfahren. Eine vollständige Liste finden Sie unter illumina.com.

Anwenderfreundliches System

Das NextSeq 550 System zeichnet sich durch eine intuitive Benutzeroberfläche und unbeaufsichtigten Betrieb aus, sodass Anwender mit minimalem Aufwand für Schulung und Geräteeinrichtung zahlreiche Sequenzierungsanwendungen durchführen können.

Vorteile des NextSeq 550 System:

- Gebrauchsfertige Reagenzien
- Verbrauchsmaterialien mit RFID-Tags (Radio Frequency Identification)
- Clusterbildung und Sequenzierung im Gerät
- Einfach durchzuführende Routinen

Vorbereitete Bibliotheken werden zur schnellen automatisierten Sequenzierung in das NextSeq 550 System geladen. Die Daten für einen Sequenzierungslauf mit 75 Zyklen werden in nur 6,5 Stunden und für einen Paired-End-Lauf mit 150 Zyklen in weniger als 30 Stunden generiert.

„Die herausragendste Eigenschaft des NextSeq 550 System ist die einfache Bedienung. In den letzten fünf Jahren hat sich das System zu unserem Standardgerät entwickelt.“

–Dr. Angie Fawkes, Genetics Core, Edinburgh Clinical Research Facility

Optimierte Bioinformatik-Software

Zur Datenanalyse führen interne Systemroutinen das initiale Base-Calling und die initiale Qualitätsbewertung durch. Für die Sekundäranalyse stehen zahlreiche Optionen zur Verfügung, darunter auch die DRAGEN™ Bio-IT Plattform, eine Suite schneller, präziser und intuitiver Datenanalysepipelines, die in der Cloud über BaseSpace™ Sequence Hub oder vor Ort über einen lokalen Server erfolgen können. Des Weiteren steht ein umfassendes Angebot an kostenpflichtiger und Open-Source-Datenanalysesoftware zur Verfügung.

Schnelle Analyse mit der DRAGEN Bio-IT Plattform auf BaseSpace Sequence Hub

Die DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT Plattform ermöglicht eine ultraschnelle Sekundäranalyse. Die mit dem PrecisionFDA Award ausgezeichnete Informatiklösung*¹ nutzt optimierte, hardwarebeschleunigte Algorithmen, die für branchenführende Präzision² beim Calling zahlreicher Variantentypen sorgen, darunter kleine Varianten, Kopienzahlvariationen (CNVs, Copy Number Variations)[†] und Indels. Mit den unerreichten DRAGEN-Pipelinealgorithmen bewältigen neue und erfahrene Benutzer Schwierigkeiten bei der Datenanalyse und sind somit weniger abhängig von externen Informatikexperten.

* Die DRAGEN Bio-IT Plattform wurde 2020 bei der PrecisionFDA Truth Challenge V2 für die beste Leistung in den Kategorien „Schwer zu mappende Regionen“ und „Alle Benchmark-Regionen“ ausgezeichnet.¹

† CNV-Calling in Studien zur Keimbahn-Exomsequenzierung

Die DRAGEN-Plattform ist in der Cloud über BaseSpace Sequence Hub, die einfach bedienbare Cloud-Computing-Plattform für das Datenmanagement von Illumina, verfügbar. In der Cloud finden Anwender zahlreiche anwenderfreundliche Bioinformatiktools und können Daten weltweit teilen.

BaseSpace Sequence Hub umfasst eine End-to-End-Verschlüsselung, Auditing sowie eine differenzierte Zugriffskontrolle und stellt die Sicherheit der Plattform damit an erste Stelle. BaseSpace Sequence Hub ist konform mit dem Health Insurance Portability and Accountability Act (HIPAA), der ISO-Norm 27001 (Informationssicherheits-Managementsystem) und den Bestimmungen der DSGVO.

Local Run Manager

Außerdem haben Kunden auch die Möglichkeit, eine geräteinterne bzw. geräteexterne Analyse mit Local Run Manager durchzuführen. Local Run Manager bietet eine integrierte Lösung für die Erstellung und die Analyse von Sequenzierungsläufen, mit der Möglichkeit, Module von der Laufkonfiguration bis zur Analyse zu verknüpfen.

Unerreichte Genauigkeit

Den Kern des NextSeq 550 System bildet die bewährte SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) von Illumina. Diese proprietäre Methode auf Basis reversibler Terminatoren ermöglicht die parallele Sequenzierung von Millionen von DNA-Fragmenten. Dabei werden einzelne Basen erkannt, während sie in wachsende DNA-Stränge eingebaut werden. Diese Methode verhindert Fehler und verpasste Calls in Verbindung mit Abfolgen wiederholter Nukleotide (Homopolymere).

Fließzellen in optimierten NextSeq v2.5-Reagenzien-Kits behalten die anfängliche Fluoreszenzintensität bei, was die Leistung während des gesamten Laufs weiter verbessert.³ Zudem sind die v2.5-Fließzellen belastbarer. Sie können höherer Feuchtigkeit sowie höheren Temperaturen ausgesetzt und auch länger gelagert werden als v2-Fließzellen. Der Versand bei Raumtemperatur ist ebenfalls möglich. Zusammen mit der NextSeq v2.5-Chemie erzielt das NextSeq 550 System eine herausragende Genauigkeit für zahlreiche Anwendungsbereiche wie kleine Genom-, zielgerichtete Panel-, Exom- und Transkriptomdaten auf zahlreichen Coverage-Niveaus.

Ein System, zwei Technologien

Das NextSeq 550 System vereint Sequenzierung und Microarray-Scans in einer Plattform ([Tabelle 2](#)). Labore müssen nicht länger mehrere Geräte anschaffen und sparen so Geld und Platz.

Flexible Versuche dank Array-Scans

Da sich auf dem NextSeq 550 System Microarrays scannen lassen, erhalten umfassend aufgestellte Labore direkten Zugang zu einer leistungsstarken Technologie, die weitere Anwendungsmöglichkeiten eröffnet. Die Array-Scans erfolgen mithilfe der Bead-basierten BeadArray™-Technologie und bewährter Infinium™-Chemie. Die zuverlässige Infinium-Chemie gewährleistet herausragende Datenqualität, überragende Call-Raten sowie reproduzierbare Ergebnisse.

Das Scannen von Microarrays bietet eine kostengünstige orthogonale Methode zur Bestimmung unterschiedlich methylierter Regionen mit dem Infinium MethylationEPIC BeadChip und die schnelle Bestätigung von CNVs mit dem Infinium CytoSNP BeadChip. Das NextSeq 550 System erweitert die Auswahl an modernsten Forschungsanwendungen und minimiert zugleich die Gerätekosten.

Analysieren von Array-Daten

Array-Daten können mithilfe verschiedener Illumina-Softwarelösungen und Drittanbieter-Apps analysiert werden. Für Infinium MethylationEPIC BeadChip-Daten bietet Illumina die Software GenomeStudio™ Methylation Module. Diese ermöglicht Forschern bei kleineren Studien eine differenzielle Methylierungsanalyse. Für große Studien sind viele Analysepakete frei verfügbar, die im Rahmen der Software-Architektur R für die Normalisierung und differenzielle Analyse von Methylierungsdaten geeignet sind.^{4,5}

„Der Wechsel zwischen Sequenzierung und Methylierung ist extrem einfach.“

–Dr. Mike Friez, Director of the Diagnostic Laboratories beim Greenwood Genetic Center

Service und Support von Weltklasse

Verbesserte Probenkontrolle und weniger Ausfallzeiten

Bei Illumina Proactive handelt es sich um einen sicheren Gerätesupportservice per Fernzugriff, mit dem sich das Ausfallrisiko präventiv bestimmen, Lauffehler effizienter beheben und Ausfälle während Läufen verhindern lassen. So lassen sich ungeplante Ausfallzeiten und der Verlust von Proben weitestgehend verhindern.

Maximale Rendite, Spitzenleistung und weniger Unterbrechungen

Illumina bietet weltweit unerreichten Support mit einem Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse. Dieses engagierte Team besteht aus hochqualifizierten Servicetechnikern, Technical Applications Scientists (TAS), Field Application Scientists (FAS), Systemsupporttechnikern, Bioinformatikern und IT-Netzwerkexperten, die alle bestens mit den Anwendungen der Illumina-Kunden weltweit vertraut sind. Den technischen Support erreichen Sie weltweit in mehreren Sprachen telefonisch an fünf Tagen in der Woche oder online rund um die Uhr.

Bei jedem Systemkauf ist eine einjährige Servicegarantie inbegriffen. Zusätzlich sind umfassende Wartungs-, Reparatur- und Qualifikationslösungen erhältlich. Neben Vor-Ort-Schulungen, fortlaufender Unterstützung und Telefonsupport bietet Illumina Webinare und Schulungen an verschiedenen Standorten von Illumina weltweit an.

Zusammenfassung

Mit bewährter SBS-Chemie, einfacher Bedienung und optimiertem DNA-zu-Ergebnisse-Workflow ist das NextSeq 550 System das optimale Gerät für Labore. Profitieren Sie von branchenführender NGS- und Array-Technologie in einem System und erreichen Sie dank dem Angebot unterschiedlicher Fließzellen die erforderlichen Durchsätze und Durchlaufzeiten. Informieren Sie sich noch heute über die Einsatzmöglichkeiten, die das NextSeq 550 System eröffnet.

Spezifikationen des NextSeq 550 System

Parameter	Spezifikation
Geräte-konfiguration	RFID-Tracking für Verbrauchsmaterialien
Gerätesteue-rungscomputer (intern) ^a	Basiseinheit: Dual Intel Xeon E5-2618L-CPU mit 2,2 GHz Arbeitsspeicher: 96 GB RAM Festplatte: 750 GB Betriebssystem: Windows 10 Enterprise
Betriebs-bedingungen	Temperatur: 19 °C bis 25 °C (22 °C ± 3 °C) Luftfeuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend) Höhe: unter 2.000 m Luftqualität: Verschmutzungsgrad II Lüftung: bis zu 2.048 BTU/h bei 600 W Nur für den Innengebrauch
Leuchtdiode (LED)	510–525 nm (grün) und 645–655 nm (rot) Laserdioden: 780 nm, Klasse IIIb
Abmessungen	B × T × H: 53,3 cm × 63,5 cm × 58,4 cm Gewicht: 83 kg Bruttogewicht: 151,5 kg
Leistungsbedarf	100–120 V Wechselstrom 15 A 220–240 V Wechselstrom 10 A
RFID (Radio Frequency Identification)	Frequenz: 13,56 MHz Leistung: Versorgungsstrom 120 mA, RF-Ausgangsleistung 200 mW
Produkt-sicherheit und Compliance	NRTL-Zertifizierung IEC 61010-1 Mit CE-Prüfzeichen FCC/IC-Zulassung

a. Änderungen der Computerspezifikationen vorbehalten.

Weitere Informationen

NextSeq 550 System: illumina.com/nextseq550

DRAGEN Bio-IT Plattform: illumina.com/DRAGEN

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
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

Verbrauchsmaterialien mit der Kennzeichnung TG enthalten Merkmale, die dem Kunden helfen, die Häufigkeit der Revalidierung zu reduzieren. Diese Verbrauchsmaterialien können nur im Rahmen eines Liefervertrags erworben werden und der Kunde muss eine verbindliche Prognose bereitstellen. Weitere Informationen hierzu erhalten Sie von Ihrem zuständigen Kundenbetreuer.

Quellen

1. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. PrecisionFDA-Website. precision.fda.gov/challenges/10. Aufgerufen am 8. Januar 2021.
2. Illumina. [Accuracy Improvements in Germline Small Variant Calling with the DRAGEN Platform](#). Aufgerufen am 8. Januar 2021.
3. Archivierte Datenberechnungen. 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 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2022 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-01298 DEU v1.0