

NextSeq™ Sequencing System und NextSeq 2000 Sequencing System

Höhere Effizienz und weniger
Einschränkungen für aktuelle
und künftige Anwendungen

- Flexibilität und Skalierbarkeit zur Erweiterung des Anwendungsspektrums dieses Tischsystems
- Einfacher Betrieb mit Load-and-Go-Kartuschen und geräteinternen Informatiklösungen
- Verbesserte Laufökonomie mit hoher Ausgabeleistung für größere Studien und datenintensive Verfahren

illumina®

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.



illumina®

Einleitung

Innovationen bei der Sequenzierung der nächsten Generation (NGS, Next-Generation Sequencing) helfen bei der Formulierung und Beantwortung immer komplexerer wissenschaftlicher Fragestellungen im Bereich Genomik. Ob Onkologie, Mikrobiomforschung, Einzelzellstudien oder andere in Entwicklung befindliche Anwendungen: Forscher benötigen kostengünstigere Sequenzierungskapazitäten für umfangreichere Studien mit mehr Proben bei höherer Sequenzierungstiefe.

Illumina unterstützt diesen Fortschritt in der Forschung mit innovativen Technologien und Systemen zur Analyse von Genom, Transkriptom und Epigenom. In den vergangenen 20 Jahren hat Illumina entscheidende Beiträge zur Erhöhung der Sequenzierungskapazitäten im gesamten Workflow geleistet, die die Anwendungen mit hohem und niedrigem Durchsatz vereinfachen und die Kosten senken.

Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System setzen diese Entwicklung fort ([Abbildung 1](#), [Tabelle 1](#)). Diese vollkommen neuartigen Plattformen zeichnen sich durch einen bahnbrechenden Systemaufbau ebenso aus wie durch Innovationen bei der Chemie, die Kompatibilität mit zahlreichen Bibliotheksvorbereitungsvarianten sowie eine Informatiklösung für die schnelle Sekundäranalyse im Gerät. Es sind eine Reihe unterschiedlicher Fließzellentypen und Kits für zahlreiche Kundenanforderungen in Bezug auf Batchverarbeitung und Durchsatz erhältlich, von der Sequenzierung der gesamten RNA (RNA-Seq) bis hin zur 16S-Sequenzierung und Shotgun-Metagenomik.

Das Ergebnis: Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System sind flexible, skalierbare Plattformen mit einem breiten Sortiment an Fließzellen für aktuelle und künftige Forschungsaufgaben.

Flexibilität zur Erweiterung, Skalierbarkeit für Wachstum

Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System sind mit aktuellen Entwicklungen in den Bereichen Optik, Gerätekonstruktion und Reagenzienchemie ausgestattet, die den Umfang der Sequenzierungsreaktion verkleinern und zugleich die Ausgabeleistung erhöhen sowie die Kosten pro Lauf reduzieren. Anwender profitieren jetzt von einem Durchsatz, einer Datenqualität und einem Kostenniveau, die ihren Anforderungen gerecht werden, von kleineren Batchgrößen und geringeren Durchsätzen bis hin zu Anwendungen mit hohem Durchsatz sowie hoher Intensität – und das alles auf einem Tischsequenziersystem.



Abbildung 1: Das NextSeq 2000 Sequencing System: Das NextSeq 2000 System von Illumina zeichnet sich durch innovative Merkmale, fortschrittliche Chemie, vereinfachte Bioinformatik und einen intuitiven Workflow aus, wodurch ein bislang unerreichtes Spektrum an Aufgaben auf einem Tischsequenziersystem erledigt werden kann.

Höhere Leistung dank technologischer Innovationen

Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System verwenden strukturierte Fließzellen, vergleichbar mit denen des NovaSeq™ 6000-Systems. Hieraus ergibt sich ein hochgradig flexibles, robustes und skalierbares Tischsystem, das sich durch eine Fließzelle mit hoher Clusterdichte auszeichnet und damit die Kosten pro Gigabase (Gb) des Sequenzierlaufs senkt.

Um die Vorteile dieser Fließzellen mit höherer Dichte voll ausnutzen zu können, sind das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System mit einem neuen optischen System ausgestattet, das Bilddaten mit höherer Auflösung und höherer Sensitivität liefert als herkömmliche Tischsysteme. Die Verkleinerung ermöglicht eine Skalierbarkeit auf verschiedenste Ausgabevolumina bei einer Datenqualität, die der des NextSeq 550 System und der des MiSeq™ System entspricht.

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System beruhen auf jahrzehntelanger Erfahrung und bieten die aktuelle SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese), die die Cluster-Helligkeit erhöht, Kanalüberlagerungen reduziert und das Signal-Rausch-Verhältnis verbessert. Durch die Kombination aus diesen Fortschritten und Verbesserungen bei der Zusammensetzung, die die Größe der Reaktion verringern,

erzielen Anwender der NextSeq 1000/2000-Reagenzien eine hohe Datenqualität, während zugleich weniger Lagerkapazitäten erforderlich sind, da weniger Reagenzien benötigt werden und damit auch weniger Abfälle entstehen. Die verbesserte Robustheit und die höhere Stabilität ermöglichen zudem den Versand der Fließzelle bei Umgebungstemperatur.

Tabelle 1: Leistungsparameter des NextSeq 1000 Sequencing System und des NextSeq 2000 Sequencing System

Read-Länge	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
Ausgabe pro Fließzelle^a			
Reads CPF	100 Mio.	400 Mio. (300 Mio. für 2 × 300 bp)	1,2 Mrd.
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 (300 Mio. Reads (CPF))	–
Qualitäts-Scores^b			
1 × 50 bp		≥ 90 % der Basen über Q30	
2 × 50 bp		≥ 90 % der Basen über Q30	
2 × 100 bp		≥ 85 % der Basen über Q30	
2 × 150 bp		≥ 85 % der Basen über Q30	
2 × 300 bp		≥ 80 % der Basen über Q30	
Laufzeit			
1 × 50 bp	–	–	ca. 11 h
2 × 50 bp	ca. 10 h	ca. 13 h	ca. 19 h
2 × 100 bp	–	ca. 21 h	ca. 33 h
2 × 150 bp	ca. 19 h	ca. 29 h	ca. 48 h
2 × 300 bp	ca. 34 h	ca. 44 h	–

a. Die Ausgabespezifikationen basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung der Illumina PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten; CPF: Clusters Passing Filter (Cluster nach Filterung).
 b. Die Qualitäts-Scores basieren auf einer Illumina PhiX-Kontrollbibliothek. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren.

Bahnbrechende Studien mit erweiterten Kapazitäten

Mit schnellen, genauen Ergebnissen, der Erweiterbarkeit von 10 Gb auf 360 Gb sowie flexiblen Informatikoptionen eignen sich das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System für einen breit gefächerten Anwendungsbereich (Tabelle 2), der u. a. Metagenomik, räumlich aufgelöste Transkriptomik, Onkologie, Erbkrankheiten und vieles mehr umfasst. Mit dem zugehörigen fachkundigen Support erhalten Labore alles, was sie zur Bewältigung aktueller und künftiger Aufgaben benötigen.

Leistungsstarker, vereinfachter Workflow auf Basis eines integrierten Systems sowie einer modernen Informatiklösung

Die Kundenerfahrung steht bei allen Innovationen von Illumina im Mittelpunkt. Damit werden die Probenvorbereitung, die Sequenzierung und die Analyse von Daten so einfach wie möglich. Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System bieten einen vereinfachten Workflow, der zum Vorteil von neuen und fortgeschrittenen Anwendern einfachen Load-and-Go-Betrieb mit einer modernen Informatiklösung (Abbildung 2 und Abbildung 3) vereint.

Anwenderfreundliche kartuschenbasierte Plattform

Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System verfügen über eine Kombikartusche, die Reagenzien, Fluidik und Abfallaufnahme enthält und damit das Laden von Bibliotheken und die Verwendung des Geräts vereinfacht. Tauen Sie einfach die Reagenzienkartusche auf, setzen Sie die Fließzelle in die Kartusche ein, laden Sie die Bibliothek in die Kartusche und legen Sie die zusammengesetzte Kartusche in das Gerät ein. Denaturierung und Verdünnung erfolgen automatisch im Gerät.

Zusätzlich zu der einfachen Bedienung verbessert der vollständig integrierte Aufbau der Kartusche die Effizienz des gesamten Sequenzierungslaufs. Dank der Verkleinerung zahlreicher Sequenzierungsreaktionen bietet die einzigartige Konstruktion folgende Vorteile:

- Niedrigere Betriebskosten
- Verbesserte Recyclbarkeit
- Verringerung der Abfallmengen

Da die Reagenzien in der Kartusche verbleiben, handelt es sich um ein Trockengerät, bei dem kein Waschlauf erforderlich ist. Das verringert den Wartungsaufwand und erhöht die Effizienz des Geräts.

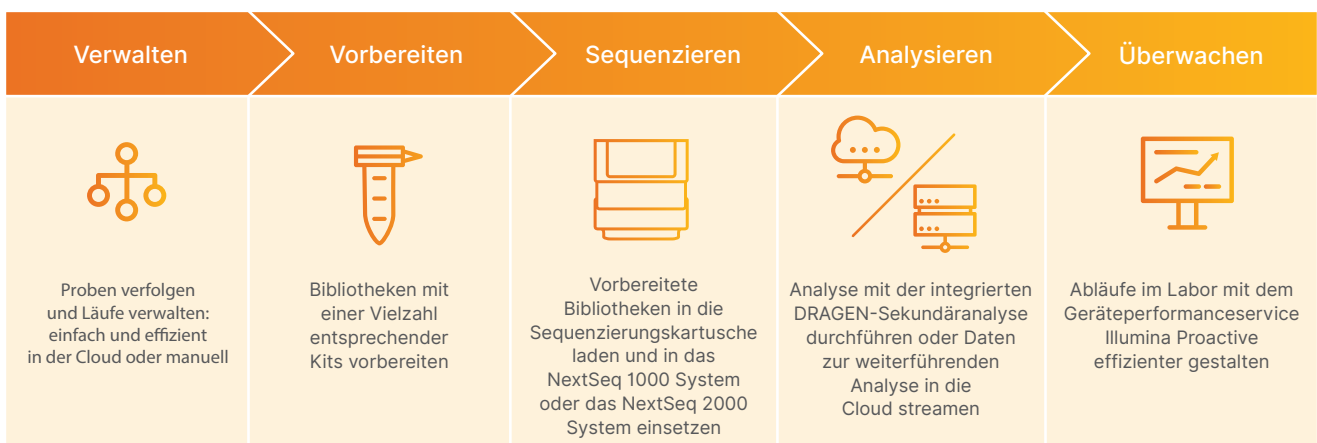


Abbildung 2: Intuitiver Workflow von der Bibliothek zur Analyse: Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System zeichnen sich durch einen umfassenden Workflow mit anwenderfreundlicher Laufkonfiguration, eine breite Palette an zugehörigen Bibliotheksvorbereitungskits, Load-and-Go-Betrieb und integrierte Sekundäranalyse auf dem Gerät aus.

Tabelle 2: Beispiele für die umfassenden Anwendungsmöglichkeiten des NextSeq 1000 Sequencing System und des NextSeq 2000 Sequencing System

Anwendung ^a	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit
Sequenzierung kleiner Genome (300 Zyklen) Genom mit 130 Mb; > 30-fache Coverage	7	ca. 19 h	30	ca. 29 h	90	ca. 48 h
Exomsequenzierung (200 Zyklen) 50-fache mittlere Ziel-Coverage; 90 % 20-fache Ziel-Coverage	4 ^b	ca. 19 h	16	ca. 21 h	48	ca. 33 h
Gesamt-RNA-Seq (200 Zyklen) 50 Mio. Read-Paare je Probe	2 ^{b,c}	ca. 19 h	16	ca. 21 h	24	ca. 33 h
mRNA-Seq (200 Zyklen) 25 Mio. Read-Paare je Probe	4 ^{b,c}	ca. 19 h	32	ca. 21 h	48	ca. 33 h
Einzelzell-RNA-Seq (100 Zyklen) ^a 5.000 Zellen, 20.000 Reads/Zelle	1 ^d	ca. 10 h	4	ca. 13 h	11	ca. 19 h
miRNA-Seq oder Analyse kleiner RNA (50 Zyklen) 11 Mio. Reads/Probe	9 ^e	ca. 10 h	36 ^f	ca. 13 h	108	ca. 11 h
16S-RNA-Sequenzierung (600 Zyklen)	384 ^g	ca. 34 h	384 ^g	ca. 44 h	–	–

- a. Die empfohlene Sequenzierungstiefe ist abhängig von Probenart und Untersuchungsziel. Sie muss studienspezifisch optimiert werden.
- b. P1-Kit für 300 Zyklen verwenden.
- c. Die empfohlenen Read-Längen sind 2 × 75 bp bei Illumina Stranded Total RNA Prep und Illumina Stranded mRNA Prep sowie 2 × 100 bp bei Illumina RNA Prep with Enrichment.
- d. P1-Reagenzien eignen sich bestens für Einzelzell-Versuche zur Qualitätskontrolle.
- e. P1-Kit für 100 Zyklen verwenden.
- f. P2-Kit für 100 Zyklen verwenden.
- g. Max. 384 eindeutige doppelte Indizes sind verfügbar.

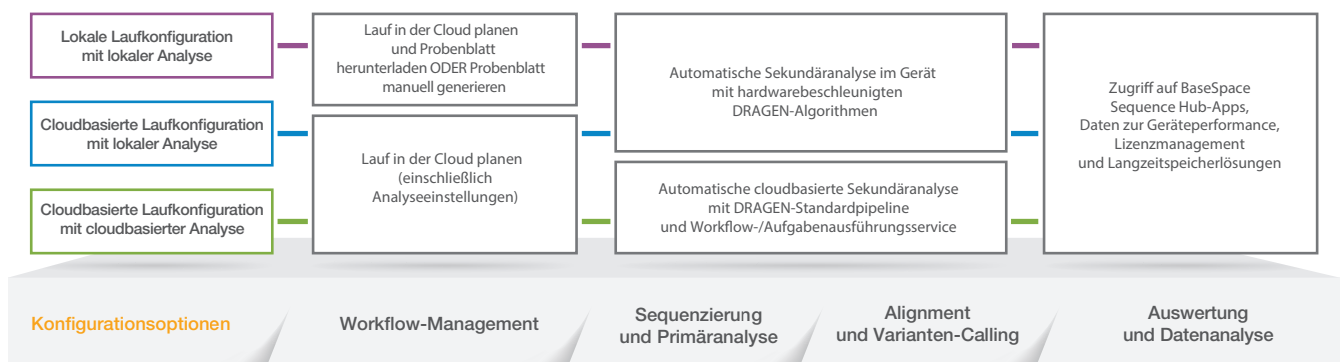


Abbildung 3: Flexible Informatiksuite: Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System bieten Optionen für Laufkonfiguration, Laufmanagement und Analyse lokal sowie in der Cloud, sodass Benutzer die Sequenzierung ganz nach Wunsch durchführen können.

Einfachere Analyse, flexible Optionen

Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System ermöglichen den Zugriff auf geräteeigene, lokale und cloudbasierte Analysesoftware, sodass Anwender Daten wie gewünscht analysieren können.

Läufe können lokal und in der Cloud konfiguriert werden. Bei der lokalen Konfiguration können Benutzer ein eigenes Probenblatt erstellen oder eine praktische, vorausgefüllte Vorlage von Illumina verwenden. Die Konfiguration in der Cloud erfolgt mithilfe der Run Planner-App in BaseSpace™ Sequence Hub. Nach der Fertigstellung werden die Laufkonfigurationsdaten in das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System importiert. Anschließend starten Benutzer den gewünschten Lauf. Die optimierte Gerätesoftware zeichnet sich gegenüber früheren Tischsystemen durch eine übersichtlichere Benutzeroberfläche mit leicht ablesbaren Bildschirmen, verständlicheren Laufmetriken und einer verbesserten Darstellung von Geräte- und Laufstatus aus. Das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System stellen Dateien in branchenüblichen Formaten bereit, die in zahlreichen LIMS (Laborinformations- und Managementsystemen) zur Anwendung kommen, und ermöglichen so die automatische Probenverfolgung sowie ein automatisches Datenmanagement. Die Sekundäranalyse kann im Rahmen der Laufkonfiguration eingerichtet werden, sodass weniger Benutzereingriffe erforderlich sind.

Genauere und effiziente DRAGEN-Sekundäranalyse im Gerät

Bei der geräteinternen DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics)-Sekundäranalyse handelt es sich um eine genaue und effiziente Lösung für das Varianten-Calling. Die DRAGEN-Plattform verwendet Hardwarebeschleunigung und optimierte Algorithmen für zahlreiche Genomanalyselösungen wie Konvertierung von Base-Call-Dateien (BCL), Komprimierung, Mapping, Alignment, Sortierung, Dublettenmarkierung und Varianten-Calling. Für neue und künftige Anwendungen werden neue Pipelines bereitgestellt. Die geräteeigene Lösung bietet Zugriff auf ausgewählte DRAGEN-Informatikpipelines (Tabelle 3), mit denen Anwender in nur zwei Stunden Ergebnisse erhalten. Die DRAGEN-Informatiklösungen nutzen unerreichte Pipelinealgorithmen, mit denen neue und erfahrene Anwender Schwierigkeiten bei der Datenanalyse bewältigen können und somit weniger abhängig von externen Informatikexperten sind. Anwender können Pipelines im praktischen Einsatz schneller und mit weniger Aufwand ausführen und sich so eingehender mit den Ergebnissen beschäftigen. Die integrierte DRAGEN-Analyselösung ist in den Gerätekosten enthalten. Der Erwerb einer zusätzlichen Lizenz ist nicht erforderlich.

Tabelle 3: Sofort einsatzbereite DRAGEN-Informatikpipelines im NextSeq 1000 System und im NextSeq 2000 System

Pipeline ^a	Anwendungen	Wichtigste Funktionen
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> • Exomsequenzierung • Gezielte Resequenzierung 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Calling kleiner Varianten • Keimbahn- und somatischer Modus (nur Tumor) • Calling struktureller Varianten (SV) • Calling von Kopienzahlvarianten (CNV, Copy Number Variant) • Anwendungsspezifische Manifestdateien
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Transkriptom-Genexpression • Erkennung von Genfusionen 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Erkennung von Fusionen • Genexpression • Differenzialexpression
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> • Transkriptom-Sequenzierung bei Einzelzellen 	<ul style="list-style-type: none"> • Zellen-Barcodes und Fehlerkorrektur • Alignment • Genexpression • Zellfilterung • Grundlegende Berichts- und Visualisierungsfunktionen
DRAGEN ORA ^b Compression	<ul style="list-style-type: none"> • Komprimieren von FASTQ-Dateien 	<ul style="list-style-type: none"> • Verlustfreie Komprimierung • Bis zu 5-fache Verringerung der Dateigröße
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> • Genomsequenzierung 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Calling kleiner Varianten • SV/CNV-Calling^c • Repeat-Expansion^c • Homozygotie-Regionen^c • CYP2D6-Genotypisierung^c
DRAGEN Amplicon ^d	<ul style="list-style-type: none"> • DNA-Amplikon-Panels • Gezielte Resequenzierung 	<ul style="list-style-type: none"> • Alignment • Calling kleiner Varianten • Keimbahn- und somatischer Modus (nur Tumor)

a. In der Cloud sind weitere DRAGEN-Informatikpipelines verfügbar; vollständige Liste unter illumina.com/DRAGEN.
 b. ORA, Original Read Archive; DRAGEN ORA Compression lässt sich für alle DRAGEN-Pipelines verwenden.
 c. Funktion ausschließlich für Humangenome verfügbar.
 d. Wird nur für DNA-Proben und ab DRAGEN v3.8 unterstützt.

Zahlreiche Apps in BaseSpace Sequence Hub

Anwender, die eine cloudbasierte Analyselösung bevorzugen, erhalten Zugriff auf BaseSpace Sequence Hub, eine Cloud-Computing-Plattform für Genomik, die das Datenmanagement vereinfacht und Forschern benutzerfreundliche Analysesequenzierungstools bietet. In der Cloud finden Anwender zahlreiche Bioinformatiktools und können Daten weltweit teilen. Die mit dem NextSeq 1000 System und dem NextSeq 2000 System generierten Daten sind kompatibel mit branchenüblichen Formaten und lassen sich so problemlos in die gewünschte Lösung importieren.

Optimierte Probenkontrolle und weniger Ausfallzeiten dank Service von Weltklasse

Mit dem weltweit unerreichten Support, für den bei Illumina ein Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse zuständig ist, profitieren Sie jederzeit optimal von Ihrem Kauf und halten Betriebsunterbrechungen auf minimalem Niveau. Dieses engagierte Team besteht aus hochqualifizierten Servicetechnikern, Technical Applications Scientists (TAS), Field Application Scientists (FAS), Systemsupporttechnikern, Bioinformatikern und IT-Netzwerkexperten, die alle bestens mit der NGS und den Anwendungen der Illumina-Kunden weltweit vertraut sind. Den technischen Support erreichen Sie telefonisch an fünf Tagen in der Woche. Der Onlinesupport steht weltweit rund um die Uhr in zahlreichen Sprachen zur Verfügung. Für welche Option Sie sich auch entscheiden: Die Support-Teams sind für Sie da, wenn Sie sie benötigen.

Einfacherer, schnellerer Support dank modularem Aufbau

Der modulare Aufbau des NextSeq 1000 System und des NextSeq 2000 System vereinfacht Wartung und Support. Geräteeigene Sensoren überwachen die Systemperformance und warnen die Anwender bei möglichen Problemen. Wartungstechniker können Fehlerbehebungen und Reparaturen einfacher durchführen, was Zeit und Aufwand spart.

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. Wir verfügen über alle Ressourcen, die Sie benötigen, um den Fortschritt zu beschleunigen.

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. Durch den Hinweis auf anstehende Reparaturen an Illumina-Service-Technikern, die dann einen Wartungstermin vereinbaren können, trägt der Service dazu bei, ungeplante Ausfallzeiten auf ein Minimum zu reduzieren und den unnötigen Verlust von Proben zu verhindern.

Kapazitäten für die Zukunft und höhere Effizienz für Aufgaben von heute

Mit über 17.000 aktiven Systemen setzt Illumina den Standard für NGS-Lösungen. Wenn Sie Teil dieser Community werden, erhalten Sie Zugriff auf ein umfassendes Ökosystem aus Anwendungen, Protokollen und Informatiklösungen, die gemeinsam mit Tausenden Forschern und Branchenführern aus aller Welt entwickelt wurden.

Illumina bietet seit langem Genomiklösungen, die die kostengünstige Durchführung von Studien mit dem Durchsatz und Umfang ermöglichen, die zum Erreichen von Forschungszielen erforderlich sind. Das NextSeq 2000 System zeichnet sich durch ein breiteres Spektrum an Durchsatzoptionen für neue und künftige Anwendungen aus, während sich aktuelle Anwendungen zugleich wirtschaftlicher durchführen lassen. Der Durchsatz des NextSeq 1000 System ist zwar geringer als beim NextSeq 2000 System. Dafür ist das NextSeq 1000 System jedoch kostengünstiger. Kunden, die ein NextSeq 1000 System erwerben, können dieses bei Bedarf auf ein NextSeq 2000 System aufrüsten.

Zusammenfassung

Das NextSeq 1000 Sequencing System und das NextSeq 2000 Sequencing System setzen neue Maßstäbe für Tischsequenziersysteme. Dank der Eignung für eine breite Palette an Anwendungen aufgrund der hohen Flexibilität sowie der Skalierbarkeit profitieren kleine und große Labore gleichermaßen von bislang unerreichten Kapazitäten für die Forschung und darüber hinaus.

Weitere Informationen

NextSeq 1000 Sequencing System und NextSeq 2000 Sequencing System: [illumina.com/NextSeq2000](https://www.illumina.com/NextSeq2000)

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
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

Systemspezifikationen für das NextSeq 1000 System und das NextSeq 2000 System

Spezifikationen

Gerätekonfiguration

Eigenständiges Gerät ohne Verbrauchsmaterialien mit DRAGEN-FPGA-Sekundäranalyse (Field-Programmable Gate Array)

Gerätesteuerungscomputer

Basiseinheit: 2U-Mikroserver im Gerät
Arbeitsspeicher: 288 GB
Festplatte: 3,8 TB SSD
Betriebssystem: Linux CentOS 7.6

Betriebsbedingungen

Temperatur: 15–30 °C
Luftfeuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend)
Höhe: 0–2000 m
Nur für den Innengebrauch

Laser

Wellenlängen: 449 nm, 523 nm, 820 nm
Sicherheit: Laserprodukt der Klasse 1

Abmessungen

B × T × H: 55 cm × 65 cm × 60 cm
Gewicht: 141 kg

Maße der Transportkiste

B × T × H (verpackt): 92 cm × 120 cm × 118 cm
Verpacktes Gewicht: 232 kg

Leistungsbedarf

Geräteeingangsspannung: 100 VAC bis 240 VAC
Geräteeingangsfrequenz: 50/60 Hz

Bandbreite für Netzwerkverbindung

200 MB/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads
200 MB/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-Uploads
5 MB/s je Gerät für das Hochladen von Betriebsdaten des Geräts

Produktsicherheit und Compliance

NRTL-Zertifizierung IEC
CE-Kennzeichnung gemäß 61010-1
FCC/IC-Zulassung



+1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 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-NA-00008 DEU v5.0