

Sistemas de Sequenciamento NextSeq™ 1000 e NextSeq™ 2000

Ampla gama de aplicações e simplicidade operacional com desempenho comprovado

- Utilitário de plataforma abrangente com flexibilidade e escalabilidade para expandir aplicações de bancada
- Fluxo de trabalho simplificado desenvolvido pela química XLEAP-SBS™ e análise secundária integrada do DRAGEN™
- Desempenho robusto e dados de alta qualidade fornecidos por um líder global renomado

illumina®

Somente para pesquisa. Não deve ser usado para procedimentos de diagnóstico.



Introdução

O sequenciamento de última geração (NGS, Next-Generation Sequencing) revolucionou a pesquisa biológica, expandindo o alcance e a profundidade das aplicações de sequenciamento que os laboratórios podem realizar. A comunidade científica pode fazer e responder a perguntas cada vez mais complexas. Em todo o espectro da pesquisa oncológica e de microbiomas, e em outras aplicações emergentes, mais cientistas estão buscando aproveitar o poder da tecnologia NGS.

A Illumina tem o compromisso de manter um histórico comprovado de fornecimento de soluções, possibilitando que os cientistas avancem e acelerem seus objetivos de sequenciamento. Durante décadas, a Illumina tem liderado o desafio de melhorar os recursos de sequenciamento, expandindo aplicações de bancada, simplificando fluxos de trabalho e maximizando a precisão.

Com os Sistemas de Sequenciamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000, a Illumina continuou esse compromisso com a inovação (figura 1, tabela 1). Essas plataformas de bancada líderes de mercado são impulsionadas pela tecnologia química e de informática integrada para o sequenciamento por síntese (SBS, Sequencing by Synthesis) da Illumina. Os usuários podem obter a produtividade, a qualidade dos dados e o custo necessário para atender às suas necessidades, desde pequenos a grandes lotes e aplicações simples com uso intensivo de dados, tudo em um sistema de bancada. O suporte especializado e consistente adicional e os laboratórios estão preparados para a carga de trabalho atual e para futuras aplicações emergentes.

Desempenho robusto e fluxo de trabalho simplificado

Química de SBS de alto desempenho

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são impulsionados pela química XLEAP-SBS, que é mais rápida, de alta qualidade e mais completa, construída sobre a base consolidada da química de SBS Illumina padrão. Os nucleotídeos XLEAP-SBS usam corantes de última geração e novos ligantes e blocos que são mais resistentes ao calor. Eles mostram uma redução de 50x na hidrólise e clivagem de bloco, 2,5x mais rápida para reduzir o faseamento e o pré-faseamento. A polimerase XLEAP-SBS foi projetada para incorporar nucleotídeos mais rapidamente e com uma fidelidade inigualável.



Figura 1: NextSeq 2000 Sequencing System: o NextSeq 2000 System oferece recursos de design inovadores, química avançada, bioinformática simplificada e um fluxo de trabalho intuitivo que possibilita a mais ampla gama de aplicações e flexibilidade de escala em um sistema de sequenciamento de bancada.

Os tempos de resposta mais rápidos com a tecnologia química XLEAP-SBS podem resultar em economia de tempo de um dia inteiro* em comparação com os tempos de corrida do SBS padrão.

Inovações que possibilitam o aumento da produtividade

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 aproveitam os avanços em óptica, design de instrumentos e química de reagentes para miniaturizar o volume da reação de sequenciamento, aumentando a produtividade e reduzindo o custo por corrida. Essa miniaturização fornece escalabilidade para várias quantidades de produção, mantendo os mesmos altos padrões de qualidade de dados que os de outras plataformas da Illumina. Inovações adicionais incluem lâminas de fluxo com padrão de alta densidade de cluster e um sistema óptico de superresolução que produz dados de imagem altamente precisos com maior resolução e sensibilidade, em comparação com sistemas de bancada tradicionais.

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 oferecem um fluxo de trabalho simplificado pronto para uso (figura 2). O hardware DRAGEN integrado possibilita uma análise secundária rápida e a compactação de dados. O instrumento inclui clusterização integrada e prepara arquivos FASTQ como parte da corrida de sequenciamento. Não são necessários equipamentos ou etapas extras.

* Por exemplo, os tempos para uma corrida de 2 × 150 bp de lâmina de fluxo P3 são oito horas mais rápidos com reagentes XLEAP-SBS em comparação com o SBS padrão.

Tabela 1: Parâmetros de desempenho dos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Duração da leitura	NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagents	NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagents ^a	NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagents ^a
Saída por lâmina de fluxo^b				
Leituras tipo single-end	100 milhões	400 milhões	1,2 bilhão	1,8 bilhão
1 × 50 bp	–	–	–	90 Gb
2 × 50 bp	10 Gb	40 Gb	120 Gb	180 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb	360 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb	540 Gb
2 × 300 bp	60 Gb	240 Gb	–	–
Pontuações de qualidade^c				
1 × 50 bp, 2 × 50 bp, 2 × 100 bp, 2 × 150 bp	≥ 90% das bases acima de Q30			
2 × 300 bp	≥ 85% das bases acima de Q30			
Tempo de corrida				
1 × 50 bp	–	–	–	12 h
2 × 50 bp	8 h	12 h	18 h	20 h
2 × 100 bp	–	19 h	31 h	34 h
2 × 150 bp	17 h	22 h	40 h	44 h
2 × 300 bp	34 h	42 h	–	–

a. Lâminas de fluxo P3 e P4 disponíveis apenas no NextSeq 2000 System.
 b. Especificações de produtividade com base em uma lâmina de fluxo única com o uso da biblioteca de controle Illumina PhiX e densidades de clusters compatíveis.
 c. As pontuações de qualidade são baseadas na biblioteca de controle Illumina PhiX; o desempenho pode variar de acordo com o tipo e a qualidade da biblioteca, o tamanho do inserto, a concentração de carregamento e outros fatores experimentais.



Figura 2: fluxo de trabalho intuitivo da biblioteca para a análise: os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 fornecem um fluxo de trabalho abrangente que inclui a fácil configuração de corrida, um amplo ecossistema de kits de preparação de bibliotecas compatíveis, operação pronta para uso e análise secundária integrada.

Desempenho real excepcional

Além das especificações do sistema, é importante considerar o desempenho real ao avaliar qual sistema de sequenciamento da Illumina é mais adequado para necessidades experimentais específicas. As especificações do produto da Illumina são tradicionalmente definidas para garantir o desempenho dentro ou acima das especificações. Quando a produtividade excede as especificações, o custo real por amostra diminui.

Os laboratórios que usam os kits SBS padrão e os kits XLEAP-SBS alcançam consistentemente dados muito acima das especificações quanto ao rendimento e à porcentagem de bases em ou acima de Q30 ($\% \geq Q30$) em seus sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Uma revisão do desempenho histórico de acordo com as especificações para kits SBS padrão em milhares de execuções demonstra que mais de 89% das execuções reais atingiram a produtividade e a porcentagem $\geq Q30$ acima das especificações (tabela 2). Da mesma forma, uma análise de centenas de corridas reais mostra que os dados gerados através de kits XLEAP-SBS apresentam desempenho consistente acima das especificações (tabela 3). Além disso, estudos internos da Illumina demonstram que dados de alta qualidade com 80% $\geq Q40$ são obtidos com reagentes P4 XLEAP-SBS (figura 3).

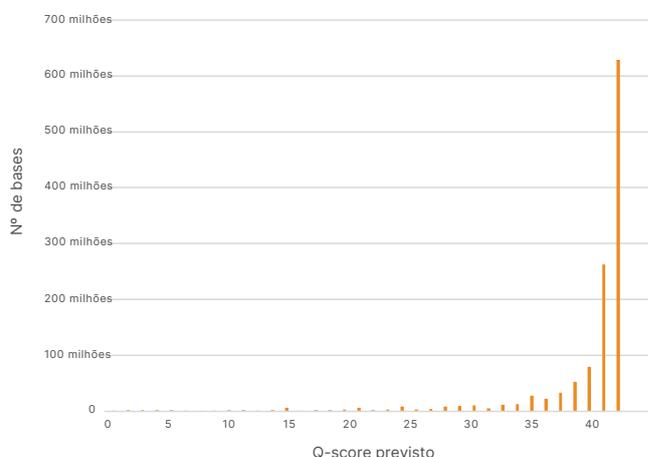


Figura 3: dados de alta qualidade gerados nos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 usando a tecnologia XLEAP-SBS: o histograma de Q-score filtrado gerado pela Illumina demonstra que os reagentes P4 XLEAP-SBS têm 80% ou mais bases em ou acima de Q40. O Q40 foi medido com o uso de um software interno de análise em tempo real que fornece pontuações Q-scores não combinadas.

Tabela 2: Exemplos de dados reais gerados com o uso de reagentes SBS padrão

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parâmetro	Especificação	Média em execuções recentes	Média entre os 10% mais altos das execuções
NextSeq 1000/2000 P2 Reagent kits (200 and 300 cycles)	Filtro de passagem de clusters	400 milhões	498 milhões	558 milhões
	Pontuação Q30	85%	90%	96%
NextSeq 1000/2000 P3 Reagent kits (200 and 300 cycles)	Filtro de passagem de clusters	1,2 bilhão	1,3 bilhão	1,4 bilhão
	Pontuação Q30	85%	90%	94%

Tabela 3: Exemplos de dados reais gerados com o uso de reagentes XLEAP-SBS

NextSeq 1000/2000 Reagents	Parâmetro	Especificação	Média em execuções recentes
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent kits	Filtro de passagem de clusters	400 milhões	523 milhões
	Pontuação Q30	90%	93%
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent kits	Filtro de passagem de clusters	1,2 bilhão	1,3 bilhão
	Pontuação Q30	90%	94%
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent kits	Filtro de passagem de clusters	1,8 bilhão	1,9 bilhão
	Pontuação Q30	90%	93%

Plataforma integrada fácil de usar

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 utilizam um cartucho de reagente integrado que inclui fluidos e suporte de resíduos, simplificando o carregamento da biblioteca e o uso do instrumento ([figura 4](#)). Descongele e prepare o cartucho de reagente, carregue a lâmina de fluxo e as bibliotecas preparadas no cartucho e insira o cartucho montado no instrumento. As etapas de desnaturação e diluição ocorrem automaticamente na placa.

Além da facilidade de uso, o design do cartucho totalmente integrado melhora a eficiência durante toda a corrida de sequenciamento. Ao miniaturizar muitas das reações de sequenciamento, o design exclusivo:

- Reduz os custos operacionais
- Melhora a reciclabilidade
- Minimiza o volume de resíduos

Os reagentes nunca deixam o cartucho, resultando em um design de instrumento seco que não requer limpeza, permite a manutenção simplificada do instrumento e otimiza a eficiência do instrumento.



Figura 4: cartucho de reagente dos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000: o cartucho integrado inclui reagentes, fluidos e suporte para resíduos. Basta descongelar e preparar o cartucho de reagente, inserir a lâmina de fluxo, carregar a biblioteca e introduzir o cartucho no instrumento.

Flexibilidade para fazer mais, escalabilidade para crescer mais

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 oferecem amplo utilitário de plataforma com a flexibilidade de expandir aplicações e escalabilidade de forma eficiente. Com resultados rápidos e precisos, saídas de 10 Gb até 540 Gb e opções de informática integrada, os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são ideais para uma ampla variedade de aplicações ([tabela 4](#), [tabela 5](#)) em metagenômica, transcriptômica espacial, estudos com lâmina única e muito mais.

Amplitude das aplicações

O NextSeq 2000 System oferece quatro tipos de lâminas de fluxo (P1, P2, P3 e P4) e 14 configurações de kit, enquanto o NextSeq 1000 System oferece† dois tipos de lâminas de fluxo (P1 e P2) e sete configurações de kit ([tabela 1](#)). Durações de leitura de 1 × 50 bp a 2 × 300 bp aceitam uma ampla variedade de aplicações e tamanhos de estudo ([tabela 4](#)):

- Kits de 600 ciclos para aplicações dependentes da duração da leitura, como montagem *de novo* de genomas completos pequenos, metagenômica direcionada, metagenômica shotgun, metatranscriptômica e determinação de perfis de repertório imunológico
- Kits de 300 ou 200 ciclos para sequenciamento de painéis direcionados, exomas e painéis grandes, transcriptomas, DNA tumoral circulante e genomas completos grandes
- Kits de 100 ou 50 ciclos para aplicações focadas em contagem, como expressão gênica, determinação do perfil de lâmina única e espacial

A lâmina de fluxo P4 do NextSeq 2000 fornece até 1,8 bilhão de leituras single-end por corrida, maximizando o processamento em lotes e alimentando projetos ricos em dados, como o sequenciamento de exoma, a multiômica e a análise de lâmina única e espacial.

† Para garantir a escalabilidade futura, os clientes que comprarem um NextSeq 1000 System podem atualizar facilmente para o NextSeq 2000 System.

Opções de análise simplificadas

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 oferecem acesso a um software de análise integrado, local e baseado na nuvem, proporcionando aos usuários a flexibilidade de analisar dados de uma maneira que atenda às suas necessidades (figura 5).

As corridas podem ser configuradas localmente ou na nuvem. Para a configuração local, os usuários podem criar sua própria planilha de amostras ou aproveitar um modelo Illumina predefinido, conforme a preferência. A configuração baseada na nuvem usa a aplicação Run Planner no BaseSpace™ Sequence Hub. Quando as informações da configuração de corrida estiverem prontas, elas serão importadas para os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Em seguida, os usuários selecionam e iniciam a corrida de interesse.

O software otimizado do instrumento fornece uma interface mais limpa e visualização aprimorada do instrumento e do status da corrida, em comparação com os sistemas de bancada anteriores.

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 produzem formatos de arquivo padrão do setor usados por vários sistemas de gerenciamento de informações laboratoriais (LIMS, Laboratory Information Management Systems) para rastreamento de amostras e gerenciamento de informações seguros e automatizados. A análise secundária pode ser configurada como parte da configuração de corrida, reduzindo o número necessário de pontos de contato do usuário.

Análise precisa e eficiente com análise secundária integrada do DRAGEN

A análise secundária integrada DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics, Análise de leitura dinâmica para GENomics) oferece uma solução precisa e eficiente para identificação de variantes. A plataforma DRAGEN usa algoritmos otimizados e acelerados por hardware para uma ampla variedade de soluções de análise genômica, incluindo a identificação de bases (BCL, Base Call), a conversão, a compactação, o mapeamento, o alinhamento, a classificação e a marcação de duplicidade de arquivos, bem como a identificação de variantes.

Tabela 4: Parte das aplicações mais abrangentes disponíveis nos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Aplicação ^a	P1 XLEAP-SBS		P2 XLEAP-SBS		P3 XLEAP-SBS		P4 XLEAP-SBS	
	N.º de amostras	Tempo	N.º de amostras	Tempo	N.º de amostras	Tempo	N.º de amostras	Tempo
Sequenciamento de genoma completo pequeno (300 ciclos) Genoma de 130 Mb; > 30× cobertura	7	17 h	30	22 h	92	40 h	138	44 h
Sequenciamento do exoma completo (200 ciclos) Aprox. 8 Gb por exoma, cobertura média de 100×	~2 ^b	17 h ^b	10	19 h	30	31 h	45	34 h
Determinação abrangente do perfil genômico de tumor sólido de FFPE (200 cycles)	–	–	8	19 h	24	31 h	36	34 h
Total de RNA-Seq (200 cycles) 50 milhões de pares de leitura por amostra	2 ^{b,c}	17 h ^b	8	19 h	24	31 h	36	34 h
mRNA-Seq (200 cycles) 25 milhões de pares de leitura por amostra	4 ^{b,c}	17 h ^b	16	19 h	48	31 h	72	34 h
RNA-Seq de lâmina única (100 ciclos) 5 mil lâminas, 20 mil leituras por lâmina	1 ^d	8 h	4	12 h	12	18 h	18	20 h
Análise de miRNA-Seq ou RNA pequeno (50 cycles) 11 milhões de leituras por amostra	9 ^e	8 h ^e	36 ^e	12 h ^e	108 ^e	18 h ^e	163	12 h
Sequenciamento de RNA 16S (600 ciclos)	384 ^f	34 h	384 ^f	42 h	–	–	–	–

a. A profundidade de sequenciamento recomendada dependerá, em grande parte, do tipo de amostra e do objetivo do experimento e precisará ser otimizada para cada estudo.

b. Kits de 200 ciclos não disponíveis para lâminas de fluxo P1. Use o kit P1 de 300 ciclos.

c. As durações de leitura recomendadas são 2 × 75 bp para Illumina Stranded Total RNA Prep e Illumina Stranded mRNA Prep e 2 × 100 bp para Illumina RNA Prep with Enrichment.

d. Os reagentes P1 são uma boa opção para experimentos de controle de qualidade de lâmina única.

e. Kits de 50 ciclos não disponíveis para lâminas de fluxo P1, P2 ou P3 XLEAP-SBS. Use kits de 100 ciclos.

f. Estão disponíveis, no máximo, 384 índices duplos exclusivos.

A solução integrada fornece acesso a pipelines de informática selecionados da DRAGEN (tabela 5), permitindo que os usuários gerem resultados em apenas duas horas. A informática DRAGEN usa os melhores algoritmos de pipeline da categoria para ajudar os usuários a superarem gargalos na análise de dados e reduzir a dependência de especialistas em informática externos. A análise integrada DRAGEN está incluída no custo do instrumento e não requer a compra de uma licença adicional.

Integração automática com a nuvem

Para usuários que preferem uma solução de análise baseada na nuvem, os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são integrados ao BaseSpace Sequence Hub e à Illumina Connected Analytics, que são nossas plataformas genômicas de computação em nuvem. A análise DRAGEN no BaseSpace Sequence Hub e na plataforma Illumina Connected Analytics apresenta recursos avançados de visualização de resultados e de análise em uma interface intuitiva. Na nuvem, os usuários podem acessar uma ampla seleção de ferramentas de bioinformática e compartilhar dados globalmente. Os dados gerados por meio dos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são compatíveis com formatos padrão do setor para uma importação conveniente na solução desejada.

Tabela 5: Pipelines de informática DRAGEN integrados aos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Pipeline ^a	Aplicações
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> Sequenciamento de exoma completo Ressequenciamento direcionado
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> Expressão gênica de transcriptoma completo Deteção de fusão de gene
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> Sequenciamento de transcriptoma completo em lâmina única
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> Sequenciamento de genoma completo
DRAGEN Amplicon ^b	<ul style="list-style-type: none"> Painéis amplicon de DNA Ressequenciamento direcionado
DRAGEN ORA ^c Compression	<ul style="list-style-type: none"> Compactação de arquivos FASTQ

- a. Outros pipelines de informática DRAGEN estão disponíveis na nuvem; acesse illumina.com/DRAGEN para obter uma lista completa.
 b. Compatível apenas com amostras de DNA.
 c. Arquivo de leitura original (ORA, Original Read Archive); DRAGEN ORA Compression pode ser habilitado com qualquer um dos pipelines DRAGEN.

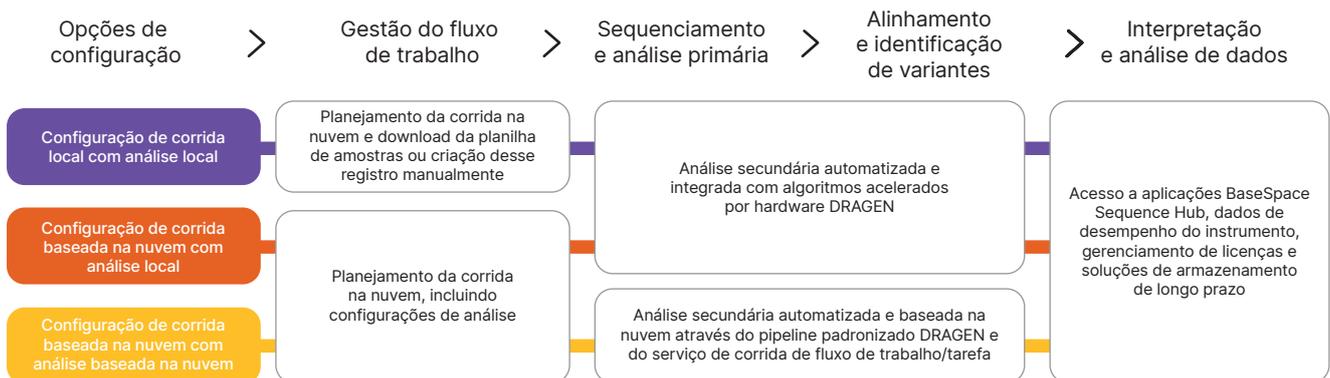


Figura 5: pacote de informática flexível: os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 apresentam opções de operação local e baseadas na nuvem para configuração e gerenciamento de corridas, além de análise de dados, possibilitando um sequenciamento personalizado para os usuários.

Liderança global comprovada

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 oferecem a certeza de uma solução testada em campo e uma parceria de sequenciamento confiável. Desde o lançamento em 2020, mais de dois mil instrumentos foram instalados e usados para gerar milhares de publicações. Com uma infraestrutura de fabricação e de qualidade global consolidada, a Illumina fornece um suporte abrangente e a melhor consistência de produtos da categoria, definindo o padrão para soluções de NGS.

A participação desta comunidade dá acesso a um grande ecossistema de aplicações, protocolos e informática que foram construídos em colaboração com milhares de pesquisadores e líderes de planejamento do setor em todo o mundo.

Confiança na inovação contínua

A Illumina tem um histórico comprovado de desenvolvimento de soluções genômicas que capacitam os pesquisadores na realização de estudos de forma que a produtividade, a escala e o preço atendam aos objetivos da pesquisa. A experiência do cliente está no centro de todas as inovações, tornando o mais fácil possível preparar amostras, bem como sequenciar e analisar dados.

Suporte simples e rápido

Construção modular

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são construídos de forma modular, simplificando o serviço e o suporte. Os sensores integrados monitoram o desempenho do sistema e alertam os usuários sobre possíveis problemas. Isso facilita a solução de problemas e os reparos dos engenheiros, economizando tempo.

Illumina Proactive

O Illumina Proactive é um serviço seguro e remoto de suporte ao desempenho do instrumento, projetado para detectar falhas de risco preventivamente, bem como para solucionar problemas com mais eficiência e evitar falhas durante a corrida. O serviço complementar ajuda a minimizar o tempo de inatividade não planejado e a evitar a perda desnecessária de amostras, antecipando reparos e alertando o pessoal de campo da Illumina sobre a necessidade de agendar visitas de manutenção.

Compromisso com o seu sucesso

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. Oferecemos todos os recursos necessários para acelerar o progresso.

Nossa equipe de suporte de nível internacional é composta por cientistas experientes e especialistas em preparação, sequenciamento e análise de bibliotecas, para ajudar você a maximizar seu investimento e a promover o desempenho máximo. 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 profundamente familiarizados com o NGS e com as aplicações que os clientes da Illumina utilizam em todo o mundo. O [Suporte técnico](#) está disponível por telefone cinco dias por semana ou on-line, 24 horas por dia, em todo o mundo e em vários idiomas.

Resumo

Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 expandem as possibilidades com um sistema de sequenciamento de bancada. Alta flexibilidade e escalabilidade combinadas com desempenho aprimorado usando a química XLEAP-SBS, possibilitando uma ampla gama de aplicações. Os sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000 oferecem tecnologia de NGS comprovada com simplicidade operacional, um fluxo de trabalho simplificado, além de análise e suporte abrangentes.

Saiba mais

[Sistemas de Sequenciamento NextSeq 1000 e NextSeq 2000](#)

Especificações dos sistemas NextSeq 1000 e NextSeq 2000

Especificações
<p>Configuração do instrumento Instrumento autônomo e seco com análise secundária DRAGEN com array de portas programáveis em campo (FPGA, Field-Programmable Gate Array) integrada</p>
<p>Computador de controle do instrumento Unidade de base: Microservidor 2U localizado no interior do instrumento Memória: 288 GB Disco rígido: SSD de 3,8 TB Sistema operacional: Linux CentOS 7.6</p>
<p>Ambiente de operação Temperatura: 15 °C a 30 °C Umidade: 20% a 80% de umidade relativa sem condensação Altitude: 0 a 2.000 metros Somente para uso em ambientes fechados</p>
<p>Laser Comprimentos de onda: 449 nm, 523 nm, 820 nm Segurança: Produto laser classe 1</p>
<p>Dimensões L x P x A: 55 cm x 65 cm x 60 cm Peso: 141 kg</p> <p>Dimensões da caixa L x P x A da caixa: 92 cm x 120 cm x 118 cm Peso com a caixa: 232 kg</p>
<p>Requisitos de alimentação Tensão de entrada do instrumento: 100 VCA a 240 VCA Frequência de entrada do instrumento: 50/60 Hz</p>
<p>Largura de banda para conexão de rede 200 MB/s/instrumento para uploads da rede interna 200 MB/s/instrumento para uploads do BaseSpace Sequence Hub 5 MB/s/instrumento para uploads de dados operacionais do instrumento</p>
<p>Conformidade e segurança do produto Certificado pelo NRTL, IEC 61010-1 Marcação CE Aprovado pela FCC/IC</p>

Informações para pedidos

Produto	N.º do catálogo
NextSeq 2000 Sequencing System	20038897
NextSeq 1000 Sequencing System	20038898
NextSeq 1000 to NextSeq 2000 upgrade	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100983
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100982
NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100981
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100987
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100986
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100985
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit (600 cycles) ^a	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (50 cycles) ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (100 cycles) ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (200 cycles) ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit (300 cycles) ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859

a. Os kits de reagentes XLEAP-SBS para os instrumentos NextSeq 1000 e NextSeq 2000 são enviados e armazenados na mesma temperatura que os kits de reagentes de SBS padrão.



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

© 2024 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-NA-00008 PTB v13.0