

# NextSeq™ 550-System

Bewährte Plattform für ein breites Anwendungsspektrum – mit NGS- und Array-Technologie, anpassbarer Ausgabeleistung, erweiterten Analysefunktionen und Unterstützung durch Experten

## Vorteile

- Geeignet für wechselnden Bedarf**  
 Optionen für hohe und mittlere Ausgabe ermöglichen die Arbeit mit einer kleineren Anzahl von Proben sowie kürzere Durchlaufzeiten.
- Einfache Bedienung**  
 Bedienung über Schaltflächen, Load-and-go-Reagenzien und optimierte Informatiklösungen ermöglichen einen vereinfachten DNA-zu-Daten-Workflow.
- Ein System für zahlreiche Anwendungen**  
 Das Zweitechnologiesystem ermöglicht NGS- und Array-Studien mit hoher Datenqualität auf einem Gerät.

## Einleitung

Das NextSeq 550-System vereint bewährte NGS- 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-Ergebnisse-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 (Abbildung 2). 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.

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

– Angie Fawkes, Genetics Core,  
Edinburgh Clinical Research Facility

## 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.



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

Vorbereiten	Sequenzieren	Analysieren	Freigeben
< 3 Stunden manueller Aufwand	10 Minuten manueller Aufwand	DRAGEN Server oder BaseSpace Sequence Hub	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-Systems:** 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 x 75 bp. Die Analyse umfasst die Differenzialexpression und die Identifikation alternativer Transkripte.

## Geeignet für den Bedarf vielbeschäftigter Labore

Das NextSeq 550-System ermöglicht mit verschiedenen Durchsatzniveaus Anwendern eine optimale Betriebseffizienz. Das NextSeq 550-System ermöglicht zudem die Durchführung zahlreicher gängiger Sequenzierungsanwendungen mit einer 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-Profilings-Proben

**Tabelle 1: Herausragende Flexibilität für zahlreiche Anwendungen**

Sequenzierung					
Anwendung	Fließzelle mit hoher Leistung		Fließzelle mit mittlerer Leistung		Erforderliche Zugabe <sup>b</sup>
	Anzahl der Proben	Zeit	Anzahl der Proben	Zeit <sup>a</sup>	
Genexpressions-Profilung > 10 Mio. Reads 1 × 75 bp	40	11 Stunden	13	11 Stunden	25–1.000 ng mRNA 10–20 ng RNA insgesamt
mRNA-Seq > 25 Mio. Reads 2 × 75 bp	16	18 Stunden	5	15 Stunden	25–1.000 ng mRNA
Anreicherungs-Panel 12-Mb-Region > 20-fache Coverage bei > 95 % der Ziele	36	29 Stunden	12	26 Stunden	10–100 ng DNA
Gesamtexom-Sequenzierung 50-fache mittlere Coverage	12	18 Stunden	3	15 Stunden	50 ng DNA
Sequenzierung kleiner Gesamtgenome 130-Mb-Genom > 30-fache Coverage 2 × 150 bp	30	29 Stunden	10	26 Stunden	1–300 ng DNA
Array-Scanleistung					
BeadChip	Scandauer je BeadChip		Anzahl der Proben	Scandauer je Probe	
Infinium MethylationEPIC	40 Minuten		8	5 Minuten	
Infinium CytoSNP-850K	40 Minuten		8	5 Minuten	
Infinium HumanCytoSNP-12	40 Minuten		12	3,3 Minuten	
Infinium HumanKaryomap-12	40 Minuten		12	3,3 Minuten	

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 [www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html](http://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html).

**Tabelle 2: Sequenzierungsleistung des NextSeq 550-Systems<sup>a</sup>**

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

a. Installationsspezifikationen basieren auf der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten (zwischen 129 und 165 k/mm<sup>2</sup> Cluster nach Filterung). Die aktuellen Leistungsparameter können je nach Probentyp, Probenqualität und Cluster nach Filterung variieren. Der Prozentsatz der Basen > Q30 wird über den gesamten Lauf gemittelt.

**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 Terminen. 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.

**Optimierter NGS-Workflow**

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

**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 [www.illumina.com](http://www.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-Systems:

- Gebrauchsfertige Reagenzien
- Verbrauchsmaterialien mit RFID-Tags
- 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.

## 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<sup>1</sup> nutzt optimierte, hardwarebeschleunigte Algorithmen, die für branchenführende Präzision<sup>2</sup> beim Calling zahlreicher Variantentypen sorgen, darunter kleine Varianten (Small Variants, SV), Kopienzahlvariationen (Copy Number Variations, CNVs)<sup>†</sup> 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-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.

\* 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.<sup>1</sup>

† CNV-Calling in Studien zur Keimbahn-Gesamtexom-Sequenzierung

## Ein System, zwei Technologien

Das NextSeq 550-System vereint Sequenzierung und Microarray-Scans in einer Plattform. 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 stehen viele kostenlose Analysepakete zur Verfügung, die im Rahmen der Software-Architektur R für die Normalisierung und differenzielle Analyse von Methylierungsdaten geeignet sind.<sup>3,4</sup>

## Unerreichte Genauigkeit

Das NextSeq 550-System arbeitet mit der bewährten Illumina SBS-Chemie, mit der über 90 % aller Sequenzierungsdaten weltweit generiert werden.<sup>5</sup> 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.<sup>6</sup> 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 Gesamtgenom-, zielgerichtete Panel-, Exom- und Transkriptomdaten auf zahlreichen Coverage-Niveaus.

## 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, 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.

## Weitere Informationen

Weitere Informationen zum NextSeq 550-System finden Sie unter [www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/nextseq.html](http://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/nextseq.html).

Weitere Informationen zur DRAGEN Bio-IT-Plattform finden Sie unter [www.illumina.com/DRAGEN](http://www.illumina.com/DRAGEN).

## Quellen

1. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. PrecisionFDA-Website. [precision.fda.gov/challenges/10](https://precision.fda.gov/challenges/10). Aufgerufen am 7. Oktober 2020.
2. Illumina. Accuracy Improvements in Germline Small Variant Calling with the DRAGEN Platform. Aufgerufen am 7. Oktober 2020.
3. Morris TJ, Butcher LM, Feber A, et al. ChAMP: 450K chip analysis methylation pipeline. *Bioinformatics*. 2014;30(3):428–430.
4. Assenov Y, Muller F, Lutsik P, et al. Comprehensive analysis of DNA methylation with RnBeads. *Nat Methods*. 2015;11(11):1138–1140.
5. Archivierte Datenberechnungen. Illumina, Inc., 2017.
6. Archivierte Datenberechnungen. Illumina, Inc., 2018.

## Spezifikationen des NextSeq 550-Systems

Parameter	Spezifikation
Gerätekonfiguration	RFID-Tracking für Verbrauchsmaterialien
Gerätesteuerungscomputer (intern) <sup>a</sup>	Basiseinheit: Dual Intel Xeon E5-2618L-CPU mit 2,2 GHz Speicher: 96 GB RAM Festplatte: 750 GB Betriebssystem: Windows 10 Enterprise
Betriebsbedingungen	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 Belüftung: bis zu 2.048 BTU/h bei 600 W Nur für den Innengebrauch
Leuchtdiode (LED)	520 nm, 650 nm; Laserdiode: 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
Produktsicherheit und Compliance	NRTL-Zertifizierung IEC CE-Kennzeichnung gemäß 61010-1 FCC/IC-Zulassung

a. Änderungen der Computerspezifikationen vorbehalten.

## Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
NextSeq 550-System	SY-415-1002
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (150 Zyklen)	20024904
NextSeq 500/550 Mid-Output v2.5 Kit (300 Zyklen)	20024905
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (75 Zyklen)	20024906
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (150 Zyklen)	20024907
NextSeq 500/550 High-Output v2.5 Kit (300 Zyklen)	20024908
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (150 Zyklen)	20024909
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (300 Zyklen)	20024910
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (75 Zyklen)	20024911
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (150 Zyklen)	20024912
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (300 Zyklen)	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.