

Système NextSeq^{MC} 550

Plateforme éprouvée offrant le séquençage nouvelle génération et des technologies à puces à ADN, un rendement ajustable, une analyse de données perfectionnée et une assistance technique experte pour une vaste gamme d'applications.

Points saillants

- **Prenez en charge les besoins de capacité dynamique**
Les options à débit élevé et moyen réduisent les exigences relatives au nombre d'échantillons tout en permettant des temps de traitement plus rapides
- **Profitez de sa simplicité de fonctionnement**
Le contrôle à l'aide d'un bouton, les cartouches de réactifs chargement-exécution et l'informatique simplifiée permettent un flux de travail de l'ADN aux données plus simple
- **Utilisez un seul système pour plusieurs applications**
Un système à technologie double permet le séquençage nouvelle génération et des études de puces à ADN comprenant des données de qualité sur un seul instrument

Introduction

Le système NextSeq 550 combine les capacités du séquençage nouvelle génération et des puces à ADN avec des rendements ajustables, ce qui permet laboratoires, grands comme petits, de choisir une échelle qui correspond à leurs besoins. En tant qu'instrument fondamental dans le portefeuille de systèmes de séquençage nouvelle génération d'Illumina, le système NextSeq 550 est idéal pour les laboratoires qui souhaitent croître au-delà de leur capacité actuelle et pour les nouveaux laboratoires intéressés à exploiter les capacités complémentaires du séquençage et du génotypage sur un seul instrument (Figure 1). Son flux de travail rapide, de l'ADN aux résultats, permet le séquençage rapide des exomes, des panels ciblés et des transcriptomes en une seule analyse, avec la possibilité de passer à un séquençage à débit moins ou plus élevé au besoin (Figure 2). Les scientifiques d'Illumina sont disponibles à toutes les étapes du parcours pour offrir leur soutien et leurs conseils, ce qui permet aux grands laboratoires de recherche clinique de modifier l'échelle avec confiance et aux laboratoires plus modestes d'employer les technologies de génotypage et de séquençage.

« L'aspect le plus important du système NextSeq 550 est sa facilité d'utilisation. Il est vraiment devenu notre outil à toute épreuve au cours des cinq dernières années. »

—Angie Fawkes, Genetics Core, Installation de recherche clinique d'Édimbourg

Prise en charge des capacités dynamiques

Le système NextSeq 550 permet aux chercheurs de rester à l'affût de la technologie, et ainsi de passer rapidement d'une application à une autre, et de configurer le rendement en fonction du volume d'échantillons et de la couverture requise. Ce système solide et évolutif transforme une vaste gamme d'applications à débit élevé en des outils de tous les jours abordables.



Figure 1: Système NextSeq 550 : une plateforme éprouvée combinant la puissance du séquençage nouvelle génération et les technologies à puces à ADN pour appuyer des études génomiques précises à travers une vaste gamme d'applications.

Préparation	Séquençage	Analyse	Partage
< 3 heures de manipulation	10 minutes de manipulation	Plateforme DRAGEN ou BaseSpace Sequence Hub	Stockage illimité et sécurisé
6,5 HEURES	15 à 18 HEURES	< 4 MINUTES PAR 80 MILLIONS DE LECTURES AVEC LA PLATEFORME DRAGEN	INSTANTANÉMENT

Figure 2: Exemple de flux de travail du système de séquençage NextSeq 550 : le système NextSeq 550 propose un flux de travail de séquençage simple et intégré, de la préparation des bibliothèques jusqu'à l'analyse des données. Les durées de flux de travail varieront selon le type d'expérience et de test. Les détails illustrés sont pour Stranded mRNA Prep d'Illumina et une longueur de lecture 2 × 75 pb. Les analyses comprennent l'expression différentielle et l'identification d'autres produits de la transcription.

Satisfaction des demandes des laboratoires actifs

Le système NextSeq 550 offre divers débits de séquençage et procure aux utilisateurs un degré d'efficacité opérationnelle optimal. Le système NextSeq 550 fournit également des résultats en une journée pour de nombreuses applications de séquençage répandues. À l'aide de cet instrument, les utilisateurs peuvent séquencer un large éventail d'échantillons par analyse :

- 1 à 12 exomes
- 1 à 16 transcriptomes
- 6 à 96 panels ciblés
- 12 à 40 échantillons de profilage de l'expression génique

Tableau 1 : Souplesse parfaite pour de multiples applications

Séquençage						
Application	Flow Cell à débit élevé		Flow Cell à débit moyen		Entrées requises ^b	
	Nbre d'échantillons	Durée	Nbre d'échantillons	Durée ^a		
Profilage de l'expression génique > 10 millions de lectures 1 × 75 pb	40	11 heures	13	11 heures	25 à 1 000 ng d'ARNm 10 à 20 ng d'ARN total	
ARNm-Seq > 25 millions de lectures 2 × 75 pb	16	18 heures	5	15 heures	25 à 1 000 ng d'ARNm	
Panel d'enrichissement Région 12 Mb > couverture de 20x > 95 % des cibles	36	29 heures	12	26 heures	10 à 100 ng d'ADN	
Séquençage d'un exome entier Couverture moyenne de 50x	12	18 heures	3	15 heures	50 ng d'ADN	
Séquençage d'un petit génome entier Génome de 130 Mb > couverture de 30x 2 × 150 pb	30	29 heures	10	26 heures	1 à 300 ng d'ADN	

Performance de balayage de puces à ADN			
BeadChip	Temps de numérisation par puce BeadChip	Nbre d'échantillons	Durée de balayage par échantillon
Puce MethylationEPIC Infinium	40 minutes	8	5 minutes
Infinium CytoSNP-850K	40 minutes	8	5 minutes
Infinium HumanCytoSNP-12	40 minutes	12	3,3 minutes
Infinium HumanKaryomap-12	40 minutes	12	3,3 minutes

a. La durée totale comprend la génération d'amplifiats, le séquençage et la définition des bases sur un système NextSeq 550.
b. La quantité d'entrée dépend de la qualité de l'échantillon et de la solution de préparation de bibliothèque utilisée. Pour une liste complète de trousse de préparation de bibliothèques Illumina, visitez www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits.html

Tableau 2 : Performance de séquençage du système NextSeq 550^a

Configuration de la Flow Cell	Longueur de séquences	Output (Sortie)	Qualité des données
Flow Cell à débit élevé Jusqu'à 400 millions de lectures uniques Jusqu'à 800 millions de lectures appariées	2 × 150 pb	100 à 120 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 pb	50 à 60 Gb	> 80 % > Q30
	1 × 75 pb	25 à 30 Gb	> 80 % > Q30
Flow Cell à débit moyen Jusqu'à 130 millions de lectures uniques Jusqu'à 260 millions de lectures appariées	2 × 150 pb	32 à 39 Gb	> 75 % > Q30
	2 × 75 pb	16 à 19 Gb	> 80 % > Q30

a. Les spécifications d'installation sont basées sur la bibliothèque de contrôle PhiX d'Illumina, aux densités d'amplifiats prises en charge (entre 129 et 165 k/mm² d'amplifiats passant le filtre). Les paramètres de performance réels peuvent varier en fonction du type d'échantillon, de la qualité de l'échantillon et du nombre d'amplifiats passant le filtre. Le pourcentage de bases > Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.

Habilitation des laboratoires de recherche clinique

Pour les laboratoires qui disposent déjà du système NextSeq 550, l'achat d'un instrument supplémentaire augmente la capacité de séquençage en laboratoire, ce qui permet une redondance et une modularité sans avoir besoin d'une revalidation. Un nombre incalculable de publications et d'adoption par des centres génomiques proéminents a démontré que le système NextSeq 550 constitue un ajout fiable à n'importe quelle flotte.

Habilitation des laboratoires plus petits

Le système NextSeq 550 est facile à configurer et il procure aux utilisateurs l'extensibilité pour répondre aux exigences relatives aux demandes et aux temps de traitement. Les configurations à deux Flow Cell (débit élevé et moyen) permettent aux laboratoires de passer aisément d'un débit faible à un débit élevé avec chaque analyse de séquençage (Tableau 1 et Tableau 2). Le système NextSeq 550 fournit une assistance intégrée pour le séquençage à lectures appariées et permet à l'utilisateur de définir des longueurs de lecture pouvant atteindre 2 × 150 pb. Le système appuie la suite intégrale de solutions de préparation de bibliothèques et d'enrichissement ciblé proposée par Illumina, garantissant la compatibilité avec toute la gamme de séquençage d'Illumina. Ceci permet aux laboratoires d'étendre les études à des systèmes NextSeq 2000 et NovaSeq^{MC} 6000 à plus haut débit ou d'effectuer des études de suivi sur une autre plateforme, comme celle du système MiSeq^{MC}.

Flux de travail SNG rationalisé

Le système NextSeq 550 fait partie d'un flux de travail entièrement intégré allant de la préparation des bibliothèques à l'analyse des données, la génération de rapports et le partage des données (Figure 2).

Trousses de préparation de bibliothèques pour une variété d'applications

Illumina offre plusieurs trousse de préparation de bibliothèques compatibles avec le système NextSeq 550. Les solutions comprennent des panneaux ciblés pour étudier des régions d'intérêt particulières et prennent en charge diverses méthodes. Pour voir la liste complète, consultez le site www.illumina.com.

Système au fonctionnement simple

Le système du NextSeq 550 est doté d'une interface utilisateur intuitive et de la conception charge-et-lance qui permettent aux utilisateurs de réaliser diverses applications de séquençage en réduisant au minimum le temps de formation et de configuration de l'instrument.

Le système NextSeq 550 offre :

- Des cartouches de réactifs prêtes à utiliser
- Des consommables dotés d'un code d'identification par radiofréquence (IRF)
- Des capacités intégrées de séquençage et de génération d'amplifiats
- Des commandes faciles à suivre

Les bibliothèques préparées sont chargées dans le système NextSeq 550, qui effectue le séquençage automatiquement et rapidement. Les données sont générées en aussi peu que 6,5 heures pour une analyse de séquençage de 75 cycles et en moins de 30 heures pour des lectures appariées de 150 cycles.

Une bio-informatique rationalisée

Pour l'analyse des données, les commandes intégrées du système effectuent les définitions des bases et la détermination du score de qualité. Il existe plusieurs options disponibles pour une analyse secondaire, y compris la plateforme Bio-IT DRAGEN^{MC}, une suite de pipeline d'analyse de données rapide, précise et intuitive offerte à travers le BaseSpace^{MC} Sequence Hub infonuagique ou sur place via un serveur local. Un large écosystème d'outils logiciels d'analyse de données libres et commerciaux peut aussi être utilisé.

Une analyse rapide grâce à la plateforme DRAGEN Bio-IT sur BaseSpace Sequence Hub

La plateforme Bio-IT DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) (Analyse de lecture dynamique pour la GÉNOMique) offre des analyses secondaires ultrarapides. Cette solution informatique primée par PrecisionFDA^{†1} utilise des algorithmes optimisés avec accélération matérielle pour fournir une précision à la fine pointe de l'industrie² pour appeler de nombreux types de variants, y compris des petits variants, des variations du nombre de copies (CNV)[†], et des indels. Grâce aux meilleurs algorithmes de pipeline de DRAGEN, les utilisateurs novices et experts peuvent surmonter les congestions dans l'analyse des données et réduire les recours à des experts informatiques externes.

La plateforme DRAGEN est disponible dans le nuage informatique par le biais de BaseSpace Sequence Hub, la plateforme de gestion des données infonuagiques d'Illumina facile à utiliser. À partir du nuage, les utilisateurs peuvent accéder à une large sélection d'outils de bioinformatique dans un format convivial et partager des données à travers le monde.

BaseSpace Sequence Hub est une plateforme dont la sécurité est une priorité qui comprend le chiffrement complet, la vérification et un contrôle des accès rigoureux. Elle est conforme avec la Health Insurance Portability and Accountability Act (HIPAA), ISO 27001 (Système de gestion de la sécurité de l'information) et le règlement général sur la protection des données (RGPD).

Local Run Manager

Sinon, les clients peuvent effectuer une analyse sur ou hors instrument à l'aide de Local Run Manager. Local Run Manager fournit une solution intégrée pour la création et l'analyse d'analyses de séquençage avec la capacité de lier des modules à partir de la configuration jusqu'à l'analyse.

* Les distinctions Meilleure performance pour les régions difficiles à mapper et Meilleure performance pour toutes les régions de comparaison ont été accordées à la plateforme Bio-IT DRAGEN lors du 2020 PrecisionFDA Truth Challenge V2¹.

† CNV appelées dans les études de séquençage de l'exome entier germinal.

Un système, deux technologies

Le système NextSeq 550 intègre des capacités de séquençage et de balayage de microréseaux dans une seule plateforme. Ceci réduit le besoin d'instruments multiples, et permet d'économiser de l'argent et l'espace limité du laboratoire.

Flexibilité expérimentale grâce au balayage des puces à ADN

Le balayage de microréseaux sur le système NextSeq 550 crée des laboratoires à multiples facettes ayant un accès instantané à une technologie puissante pour une exploration plus en profondeur. Le balayage à puces à ADN est propulsé par la technologie à billes BeadArray^{MC} et la chimie éprouvée Infinium^{MC}. La chimie de confiance Infinium produit une qualité de données et des débits d'appel exceptionnels ainsi que des résultats reproductibles.

La capacité de balayer des microréseaux offre une méthode orthogonale rentable pour identifier les régions à méthylation différentielle en utilisant la puce Infinium MethylationEPIC BeadChip et une confirmation rapide des CNV en utilisant la puce Infinium CytoSNP BeadChip. Le système NextSeq 550 optimise le menu d'applications de recherche de pointe tout en réduisant les coûts liés à l'instrument au minimum.

Analyse des données de puces à ADN

Les données des puces à ADN peuvent être analysées avec diverses solutions logicielles d'Illumina ou d'applications tierces. Pour les données de la puce Infinium MethylationEPIC BeadChip, Illumina offre le module de méthylation GenomeStudio^{MC} Methylation Module qui permet aux chercheurs de réaliser des analyses de méthylation différentielle pour les études à petite échelle. Dans le cas des études à grande échelle, de nombreux ensembles d'analyse sont offerts dans le marché et fonctionnent dans le cadre de R pour la normalisation et l'analyse différentielle des données de méthylation^{3,4}.

D'une précision exceptionnelle

La chimie SBS éprouvée d'Illumina se trouve au cœur du système NextSeq 550, lequel est utilisé pour générer > 90 % des données de séquençage au monde⁵. Cette méthode brevetée, fondée sur un terminateur réversible, permet le séquençage parallèle de millions de fragments d'ADN et la détection des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN en formation. La méthode élimine les erreurs et les définitions de bases manquées associées aux chaînes de nucléotides répétées (homopolymères).

Les Flow Cell dans les trousse optimisées de réactifs NextSeq v2.5 maintiennent l'intensité fluorescente de départ, ce qui améliore encore davantage la performance tout au long de l'analyse⁶. De plus, les Flow Cell v2.5 sont plus résilientes que leurs prédécesseurs, étant en mesure de supporter plus d'humidité et de chaleur, et un entreposage plus long que les Flow Cell v2. En outre, elles peuvent être expédiées à la température ambiante. Grâce à la chimie de NextSeq v2.5, le système NextSeq 550 procure une précision exceptionnelle des données pour une vaste gamme de méthodes, dont le petit génome entier, des panels ciblés, des exomes et du transcriptome, à un large éventail de niveaux de couverture.

Service et soutien de catégorie mondiale

Augmentation du contrôle des échantillons et réduction des interruptions

Illumina Proactive est un service de soutien à la performance des instruments à distance et sécuritaire conçu pour détecter un risque de défaillance de façon préventive, dépanner les analyses plus efficacement et éviter les défaillances en cours d'analyse. Le service aide à réduire les temps d'arrêt imprévus et à éviter la perte inutile d'échantillons.

Maximiser l'investissement, appuyer une performance optimale et minimiser les interruptions

ILLUMINA fournit une équipe de soutien de catégorie mondiale composée de scientifiques expérimentés qui sont experts dans la préparation de bibliothèques, le séquençage et l'analyse. Cette équipe dévouée comprend des ingénieurs de service hautement qualifiés de terrain (FSE), des scientifiques des applications techniques (TAS), des scientifiques des applications de terrain (FAS), des ingénieurs de support système, des bio-informaticiens et des experts en réseaux informatiques, tous parfaitement familiarisés avec les applications que les clients d'ILLUMINA exécutent à travers le monde entier. L'assistance technique est disponible de partout dans le monde et en plusieurs langues, par téléphone 5 jours par semaine ou en ligne 24/7.

Chaque achat de système comprend une garantie de service d'un an. Des solutions complètes de maintenance, de réparation et de qualification sont également disponibles. De plus, ILLUMINA offre la formation sur place, le soutien continu, les consultations téléphoniques, des webinaires et des cours dans différents bureaux d'ILLUMINA à travers le monde.

Résumé

Tirant profit de la chimie SBS, d'un fonctionnement convivial et d'un flux de travail de l'ADN aux données simplifié, le système NextSeq 550 est un partenaire de laboratoire idéal. Accédez au séquençage nouvelle génération et à des technologies de puces à ADN sur un seul système, obtenez le débit et la synchronisation nécessaires grâce aux différentes options de Flow Cell et constatez ce qui peut être accompli avec un système NextSeq 550 dès aujourd'hui.

En savoir plus

Pour en apprendre davantage sur le système NextSeq 550, visitez le www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/nextseq.html

Pour en apprendre davantage sur la plateforme Bio-IT DRAGEN, visitez le www.illumina.com/DRAGEN

Références

1. Truth Challenge V2 : appel de variants de lectures courtes ou longues dans des régions difficiles à mapper. Site Web PrecisionFDA. precision.fda.gov/challenges/10. Consulté le 7 octobre 2020.
2. ILLUMINA. Précision accrue des appels des petits variants germinaux avec la plateforme DRAGEN. Consulté le 7 octobre 2020.
3. Morris T.J., Butcher L.M., 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. Calcul des données internes. ILLUMINA, Inc. 2017.
6. Calcul des données internes. ILLUMINA, Inc., 2018.

Spécifications du système NextSeq 550

Paramètre	Spécification
Configuration de l'instrument	Suivi RFID pour consommables
Ordinateur de commande de l'instrument (interne) ^a	Unité de base : processeur bicœur Intel Xeon E5-2618L de 2,2 GHz Mémoire vive : 96 Go de RAM Disque dur : 750 Go Système d'exploitation : Windows 10 entreprise
Environnement de fonctionnement	Température : 19 °C à 25 °C (22 °C ± 3 °C) Humidité : humidité relative de 20 à 80 % sans condensation Altitude : moins de 2 000 m (6 500 pi) Qualité de l'air : classement pollution de degré II Aération : maximum de 2048 BTU/h à 600 W Réservé pour un usage intérieur
Diode électroluminescente (DEL)	520 nm, 650 nm; diode laser : 780 nm, classe IIIb
Dimensions	L x P x H : 53,3 cm x 63,5 cm x 58,4 cm (21,0 po x 25,0 po x 23,0 po) Poids : 83 kg (183 lb) Poids emballé : 151,5 kg (334 lb)
Exigences d'alimentation	100 à 120 Vca 15 A 220 à 240 Vca 10 A
Identification par radiofréquence (RFID)	Fréquence : 13,56 MHz Alimentation : courant d'alimentation de 120 mA, puissance de sortie RF de 200 mW
Sécurité et conformité du produit	Certifié NRTL CEI Certifié CE 61010-1 Conforme FCC/IC

a. Les spécifications informatiques sont susceptibles de changer.

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Système NextSeq 550	SY-415-1002
Trousse à rendement moyen NextSeq 500/550 v2.5 (150 cycles)	20024904
Trousse à rendement moyen NextSeq 500/550 v2.5 (300 cycles)	20024905
Trousse à rendement élevé NextSeq 500/550 v2.5 (75 cycles)	20024906
Trousse à rendement élevé NextSeq 500/550 v2.5 (150 cycles)	20024907
Trousse à rendement élevé NextSeq 500/550 v2.5 (300 cycles)	20024908
Trousse à rendement moyen TG NextSeq 500/550 v2.5 (150 cycles)	20024909
Trousse à rendement moyen TG NextSeq 500/550 v2.5 (300 cycles)	20024910
Trousse à rendement élevé TG NextSeq 500/550 v2.5 (75 cycles)	20024911
Trousse à rendement élevé TG NextSeq 500/550 v2.5 (150 cycles)	20024912
Trousse à rendement élevé TG NextSeq 500/550 v2.5 (300 cycles)	20024913

Les consommables qui portent le code TG comprennent des caractéristiques qui aident les clients à réduire la fréquence de revalidation. Ces consommables sont remis uniquement en vertu d'une entente d'approvisionnement, et le client doit fournir une prévision à caractère contraignant. Communiquez avec le responsable commercial pour en obtenir plus.

ILLUMINA • 1 800 809 4566 numéro sans frais (États-Unis) • tél. + (1) 858 202 4566 • techsupport@illumina.com
• www.illumina.com

© 2020 ILLUMINA, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'ILLUMINA, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
Pub. No. 770-2013-053-G FRA QB11101

illumina[®]