

NextSeq™ 1000 & NextSeq 2000 시퀀싱 시스템

입증된 성능을 기반으로 한
광범위한 애플리케이션과
운영 간편성

- 폭넓은 플랫폼 활용성과 벤치탑 애플리케이션의 확대를 지원하는 유연성 및 확장성
- XLEAP-SBS™ chemistry와 온보드 DRAGEN™ Secondary Analysis로 간소화된 워크플로우
- 신뢰받는 글로벌 리더가 제공하는 강력한 성능과 품질 높은 데이터

illumina®



소개

차세대 시퀀싱(Next-generation sequencing, NGS) 기술은 생물학 연구 분야에 획기적인 발전을 가져왔으며, 랩에서 수행할 수 있는 시퀀싱 애플리케이션의 범위와 깊이를 확대했습니다. 이제 연구자들은 더욱더 복잡한 과학적 질문을 제기하고 이에 대한 답을 구할 수 있게 되었습니다. 점점 더 많은 과학자들이 종양학, 마이크로바이옴(microbiome) 연구 및 기타 새롭게 떠오르는 애플리케이션의 연구 시 NGS 기술을 활용하려 하고 있습니다.

Illumina는 과학자들이 더 높은 시퀀싱 연구 목표를 세우고 이를 빨리 달성하도록 돕기 위한 솔루션을 꾸준히 제공하기 위해 노력하고 있습니다. Illumina는 지난 몇십 년 동안 벤치탑 애플리케이션을 확대하고 워크플로우를 간소화하며 정확도를 크게 높여 시퀀싱 역량 강화를 주도해 왔습니다.

이러한 Illumina의 혁신을 향한 노력은 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템에서도 엿볼 수 있습니다(그림 1, 표 1). 이 시장을 선도하는 벤치탑 플랫폼에는 Illumina의 고성능 sequencing by synthesis(SBS) chemistry와 통합된 온보드 인포매틱스(informatics)가 적용되어 있습니다. 연구자는 한 대의 벤치탑 시스템을 가지고 작은 배치(batch)나 큰 배치를 사용하는 연구부터 간단한 애플리케이션이나 데이터 집약적인 애플리케이션까지 요구 사항에 부합하는 처리량(throughput), 데이터 품질 및 비용으로 다양한 연구를 진행할 수 있습니다. 또한 랩은 Illumina 전문가의 변함없는 지원을 받아 현재의 업무를 원활히 수행할 뿐만 아니라 앞으로 새롭게 떠오를 애플리케이션에도 미리 대비할 수 있습니다.

강력한 성능과 간소한 워크플로우

고성능 SBS chemistry

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에는 이미 입증된 Illumina의 표준 SBS chemistry를 기반으로 하며 더 우수한 속도와 품질을 제공하는 강력한 XLEAP-SBS chemistry가 적용되었습니다. XLEAP-SBS 뉴클레오티드(nucleotide)는 내열성이 더 뛰어난 최첨단 염료, 새로운 링커(linker) 및 블록(block)을 사용하며, 가수분해(hydrolysis)가 50배 감소되고 블록 절단(block cleavage) 속도는 2.5배 빨라져 페이징(phasing) 및 프리페이징(prephasing)이 줄었습니다. 또 XLEAP-SBS 중합효소(polymerase)는 뉴클레오티드를 전보다 훨씬 더 빠르고 높은 충실도(fidelity)로 결합할 수 있도록 설계되었습니다. XLEAP-SBS chemistry는 표준 SBS chemistry와 비교했을 때 작업 소요 시간이 짧아 하루 정도의 업무 시간을 절약할 수 있습니다.*

* 예: P3 플로우 셀을 사용한 2 × 150 bp 런(run)의 소요 시간은 XLEAP-SBS 시약이 표준 SBS 시약보다 8시간 짧음



그림 1: NextSeq 2000 시퀀싱 시스템 — 매우 광범위한 애플리케이션과 규모의 유연성을 지원하는 혁신적인 디자인 요소, 진보된 chemistry, 간소화된 바이오인포매틱스 및 직관적인 워크플로우를 제공하는 벤치탑 시퀀싱 시스템

기술 혁신을 통한 생산성 향상

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 데이터 아웃풋을 높이고 1회 런 비용을 절감하는 동시에 시퀀싱 반응 부피(reaction volume)를 소형화(miniaturization)하기 위해 최첨단 광학 시스템, 기기 디자인 및 시약 chemistry를 활용합니다. 이처럼 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 소형화를 통해 유연하게 연구 규모의 변동에 따라 다양한 데이터 아웃풋 옵션을 선택할 수 있게 해 주며, 다른 Illumina 플랫폼과 동일한 수준의 높은 데이터 품질을 제공합니다. 또 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에는 클러스터 밀도(cluster density)가 높은 패턴화된 플로우 셀(patterned flow cell)과 기존 벤치탑 시스템보다 높은 해상도와 민감도로 매우 정확한 이미징 데이터를 생산하는 새로운 고해상도 광학 시스템과 같은 혁신적인 기술도 적용되었습니다.

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 로딩만 하면 시퀀싱 수행이 가능한 간소화된 워크플로우를 제공합니다(그림 2). 기기에 내장된 DRAGEN 하드웨어는 신속한 2차 분석과 데이터 압축을 지원합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 기기 내에서 클러스터를 생성하고 시퀀싱 런 중 FASTQ 파일을 준비합니다. 추가적인 장비나 단계는 필요하지 않습니다.

표 1: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템의 성능 파라미터

리드 길이 (Read length)	NextSeq 1000/2000 P1 XLEAP-SBS 시약	NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS 시약	NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS 시약 ^a	NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS 시약 ^a
플로우 셀당 데이터 아웃풋^b				
싱글 엔드 리드 (Single-end read)	100M 개	400M 개	1.2B 개	1.8B 개
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	-	-
Q-Score^c				
1 × 50 bp, 2 × 50 bp, 2 × 100 bp, 2 × 150 bp			Q30 이상 염기 ≥ 90%	
2 × 300 bp			Q30 이상 염기 ≥ 85%	
런 타임				
1 × 50 bp	-	-	-	12시간
2 × 50 bp	8시간	12시간	18시간	20시간
2 × 100 bp	-	19시간	31시간	34시간
2 × 150 bp	17시간	22시간	40시간	44시간
2 × 300 bp	34시간	42시간	-	-

a. P3 및 P4 플로우 셀은 NextSeq 2000 시스템에서만 사용이 가능함
 b. 데이터 아웃풋은 공식적으로 권장되는 클러스터 밀도(cluster density)에서 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 한 개의 플로우 셀로 얻은 수치를 근거로 함
 c. Q-Score(Quality score, 품질 점수)는 Illumina의 PhiX Control 라이브러리를 사용해 얻은 수치를 근거로 함. 성능은 라이브러리의 종류와 품질, 삽입 크기, 로딩 농도, 기타 실험 요인에 따라 상이할 수 있음



그림 2: 라이브러리 준비부터 분석까지 가능한 직관적인 워크플로우 — 쉬운 런 설정, 다양한 종류의 호환 가능한 라이브러리 프랩 키트, 로딩만 하면 수행되는 시퀀싱, 통합된 온보드 2차 분석을 포함하는 포괄적인 워크플로우를 제공하는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

뛰어난 실사용 성능

특정 실험 요구 사항에 가장 부합하는 Illumina 시퀀싱 시스템을 찾기 위해서는 시스템 사양뿐만 아니라 실사용 성능도 고려하는 것이 중요합니다. 일반적으로 Illumina 제품의 사양은 명시된 사양을 충족하거나 그 이상의 성능을 제공하도록 되어 있습니다. 시퀀싱 아웃풋이 사양보다 높을 때 샘플당 실사용 비용은 감소합니다.

표준 SBS 및 XLEAP-SBS 키트를 모두 사용하는 랩에서는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 명시된 Q30 이상 염기(base) 수율(yield) 및 백분율(% ≥ Q30) 사양보다 훨씬 우수한 품질의 데이터를 일관되게 생성하고 있습니다. 표준 SBS 키트의 성능을 수천 번의 런에 걸쳐 사양과 비교해 검토한 결과, 89%가 넘는 실제 런의 데이터 아웃풋과 % ≥ Q30이 명시된 사양보다 높은 것으로 나타났습니다(표 2). 마찬가지로 수백 번의 실제 런을 검토한 결과, XLEAP-SBS 키트를 이용해 생성한 데이터도 일관적으로 명시된 사양보다 우수한 성능을 보여주었습니다(표 3). 또한 Illumina 내부 연구 결과에 따르면, P4 XLEAP-SBS 시약 사용 시 ≥ Q40 염기가 80%인 고품질의 데이터가 생성되는 것이 확인되었습니다(그림 3).

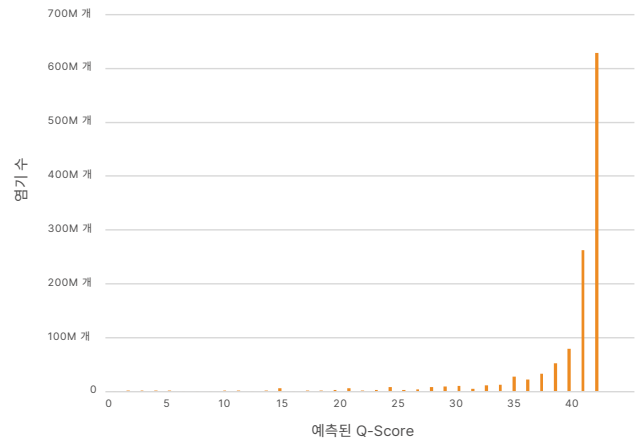


그림 3: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템으로 XLEAP-SBS chemistry를 이용해 생성된 고품질 데이터 — Illumina가 생성해 필터링한 Q-Score 히스토그램을 통해 P4 XLEAP-SBS 시약 사용 시 ≥ Q40 염기가 80% 이상인 것이 확인됨. 이때 Q40은 비닝되지 않은(unbinned) Q-Score를 제공하는 내부용 Real-Time Analysis(RTA) 소프트웨어로 측정됨

표 2: 표준 SBS 시약을 이용해 생성된 실제 데이터의 예시

NextSeq 1000/2000 시약	파라미터	사양	최근 런 평균 데이터	상위 10% 런 평균 데이터
NextSeq 1000/2000 P2 Reagent Kit (200 & 300 cycles)	필터를 통과하는 클러스터 (Clusters passing filter, CPF)	400M 개	498M 개	558M 개
	Q30 점수	85%	90%	96%
NextSeq 1000/2000 P3 Reagent Kit (200 & 300 cycles)	CPF	1.2B 개	1.3B 개	1.4B 개
	Q30 점수	85%	90%	94%

표 3: XLEAP-SBS 시약을 이용해 생성된 실제 데이터의 예시

NextSeq 1000/2000 시약	파라미터	사양	최근 런 평균 데이터
NextSeq 1000/2000 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit	CPF	400M 개	523M 개
	Q30 점수	90%	93%
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit	CPF	1.2B 개	1.3B 개
	Q30 점수	90%	94%
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit	CPF	1.8B 개	1.9B 개
	Q30 점수	90%	93%

사용이 용이한 통합 플랫폼

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템은 유체(fluidics)와 폐기물 홀더를 포함하는 통합형 시약 카트리지를 채택함으로써 라이브러리 로딩과 기기 사용 절차를 간소화했습니다(그림 4). 따라서 연구자는 시약 카트리지를 해동한 후 플로우 셀을 해동된 카트리지에 삽입하고 카트리지에 라이브러리를 로딩한 다음 조립한 카트리지를 기기에 장착하기만 하면 됩니다. 변성(Denaturation) 및 희석(dilution) 단계는 기기 내에서 자동으로 실행됩니다.

완전히 통합된 카트리지 디자인은 사용이 용이할 뿐만 아니라 시퀀싱 런의 전반적인 효율성도 향상시킵니다. 이러한 독특한 카트리지 디자인은 대부분의 시퀀싱 반응을 소형화함으로써 다음과 같은 혜택을 제공합니다.

- 운영 비용의 절감
- 재활용성 향상
- 폐기물의 양 최소화

기기가 dry instrument로 설계되어 있고 시약은 항상 카트리지에 들어 있기 때문에 별도의 워시(wash)가 필요하지 않습니다. 따라서 기기 유지 관리 절차가 간소하고 기기 효율성이 최적화되어 있습니다.



그림 4: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시약 카트리지 — 시약, 유체, 폐기물 홀더가 포함되어 있어 시약 카트리지를 해동한 후 플로우 셀을 해동된 카트리지에 삽입하고 카트리지에 라이브러리를 로딩한 다음 조립한 카트리지를 기기에 장착하기만 하면 되는 통합된 카트리지

다양한 연구를 지원하는 유연성, 성장을 돕는 데이터 생산력 확장성

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 폭넓은 플랫폼 활용성을 제공하며, 애플리케이션의 확대와 효율적인 연구 규모 확장을 지원하는 유연성을 갖추고 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 빠르고 정확한 결과를 제공하고, 10 Gb에서 최대 540 Gb의 데이터를 생성하며, 통합된 인포매틱스 옵션을 갖추고 있어 균유전체학(metagenomics, 이하 메타지노믹스) 연구, 공간 전사체학(spatial transcriptomics) 연구, 단일세포(single-cell) 연구 등 다양한 애플리케이션에 적합합니다(표 4, 표 5).

애플리케이션의 범위

NextSeq 2000 시스템은 네 종류의 플로우 셀(P1, P2, P3 및 P4)과 14가지 키트 구성을 제공하며, NextSeq 1000 시스템[†]은 두 종류의 플로우 셀(P1 및 P2)과 7가지 키트 구성을 제공합니다(표 1). 1 × 50 bp에서 2 × 300 bp의 리드 길이는 다양한 애플리케이션과 연구 규모를 지원합니다(표 4).

- 작은 전장 유전체(Small whole genome)의 *de novo* assembly(드 노보 어셈블리), 표적 메타지노믹스, 샷건 메타지노믹스(shotgun metagenomics), 메타트랜스크립토믹스(metatranscriptomics), 면역 레퍼토리 프로파일링(immune repertoire profiling) 등 리드 길이에 의존적인 애플리케이션에 권장되는 600사이클 키트
- 표적 패널, 엑솜(exome) 패널 및 대형 패널 시퀀싱, 전사체 시퀀싱, 순환 종양 DNA(circulating tumor DNA, ctDNA) 시퀀싱, 큰 전장 유전체(large whole genome) 시퀀싱에 권장되는 300사이클 또는 200사이클 키트
- 유전자 발현(Gene expression) 분석, 단일세포 시퀀싱, 공간 프로파일링 등 카운팅(counting)에 중점을 둔 애플리케이션에 권장되는 100사이클 또는 50사이클 키트

NextSeq 2000 P4 플로우 셀은 런당 최대 1.8B 개의 싱글 엔드 리드를 제공하므로 배치당 샘플 수를 크게 늘려 주고, 엑솜 시퀀싱, 멀티오믹스(multiomics), 단일세포 시퀀싱, 공간 분석 등 방대한 데이터를 생성하는 프로젝트에 활용이 가능합니다.

[†] NextSeq 1000 시스템 사용 고객은 향후 연구 규모 확장에 대비해 NextSeq 2000 시스템으로 손쉽게 업그레이드 가능

간소화된 분석 옵션

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 온보드, 로컬 그리고 클라우드 기반의 분석 소프트웨어를 모두 제공합니다. 따라서 연구자는 필요에 따라 적합한 옵션을 선택해 유연하게 데이터를 분석할 수 있습니다(그림 5).

또한 연구자는 로컬 런을 설정하거나 클라우드에서 런을 설정할 수 있습니다. 로컬 런을 설정할 경우 직접 샘플 시트(sample sheet)를 만들거나 편리한 Illumina의 프리셋 템플릿을 선택해 사용할 수 있습니다. 클라우드에서 런을 설정할 경우에는 BaseSpace™ Sequence Hub에서 Run Planner 앱을 사용하면 됩니다. 런 설정 정보가 모두 입력되면 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에서 입력된 런 설정을 가져옵니다. 이후 연구자는 해당 런을 선택하여 바로 런을 수행할 수 있습니다.

또한 최적화된 기기 소프트웨어는 과거의 다른 벤치탑 시스템들과 비교했을 때 한층 더 깔끔한 인터페이스, 명확하게 시각화된 기기 및 런 상태 정보를 제공합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq

2000 시스템은 안전하고 자동화된 샘플 추적 및 정보 관리를 위해 다양한 실험실 정보 관리 시스템(laboratory information management system, LIMS)에 사용되는 업계 표준 파일 형식으로 데이터를 생성합니다. 런 설정 단계에서 2차 분석을 설정할 수 있어 사용자 터치포인트도 줄여줍니다.

온보드 DRAGEN Secondary Analysis를 통한 정확하고 효율적인 분석

온보드 DRAGEN(Dynamic Read Analysis for GENomics) Secondary Analysis는 정확하고 효율적인 변이 검출(variant calling) 솔루션을 제공합니다. DRAGEN 플랫폼은 베이스 콜(base call, BCL) 파일 변환(file conversion), 데이터 압축(compression), 매핑(mapping), 정렬(alignment), 분류(sorting), 중복 표시(duplicate marking), 변이 검출 등 다양한 유전체 분석 솔루션에 최적화된 하드웨어 가속 알고리즘(hardware accelerated algorithm)을 사용합니다.

표 4: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템이 지원하는 애플리케이션의 예시

연구용 애플리케이션 ^a	P1 XLEAP-SBS		P2 XLEAP-SBS		P3 XLEAP-SBS		P4 XLEAP-SBS	
	샘플 수	시간	샘플 수	시간	샘플 수	시간	샘플 수	시간
작은 전장 유전체 시퀀싱(Small whole-genome sequencing, 300사이클) 130 Mb 유전체, > 30x 커버리지	7개	17시간	30개	22시간	92개	40시간	138개	44시간
전장 엑솜 시퀀싱(Whole-exome sequencing, 200사이클) 엑솜당 약 8 Gb, 100x 평균 커버리지	약 2개 ^b	17시간 ^b	10개	19시간	30개	31시간	45개	34시간
Total RNA-Seq(200사이클) 50M 개의 리드 페어/샘플	2개 ^{b,c}	17시간 ^b	8개	19시간	24개	31시간	36개	34시간
mRNA-Seq(200사이클) 25M 개의 리드 페어/샘플	4개 ^{b,c}	17시간 ^b	16개	19시간	48개	31시간	72개	34시간
단일세포 RNA 시퀀싱(100사이클) 5K 개의 세포, 세포당 20K 개의 리드	1개 ^d	8시간	4개	12시간	12개	18시간	18개	20시간
miRNA-Seq 또는 small RNA 분석(50사이클) 11M 개의 리드/샘플	9개 ^e	8시간 ^e	36개 ^e	12시간 ^e	108 ^e 개	18시간 ^e	163개	12시간
16S RNA 시퀀싱(600사이클)	384개 ^f	34시간	384개 ^f	42시간	-	-	-	-

a. 권장되는 시퀀싱 깊이(depth)는 대체로 샘플의 종류와 실험 목적에 따라 결정되며, 각 연구에 맞춰 최적화 필요

b. P1 플로우 셀은 200사이클 키트가 제공되지 않음. P1 300사이클 키트 사용 권장

c. Illumina Stranded Total RNA Prep 및 Illumina Stranded mRNA Prep의 경우 2 x 75 bp, Illumina RNA Prep with Enrichment의 경우 2 x 100 bp의 리드 길이 권장

d. P1 시약은 단일세포 QC(quality control, 품질 관리) 실험에 적합

e. P1, P2 또는 P3 XLEAP-SBS 플로우 셀은 50사이클 키트가 제공되지 않음. 100사이클 키트 사용 권장

f. 최대 384개의 고유한 듀얼 인덱스(unique dual index, UDI) 사용 가능

온보드 솔루션은 연구자가 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인(표 5)을 선택해 최소 2시간 내에 결과를 얻을 수 있도록 해 줍니다. DRAGEN 인포매틱스는 동급 최강의 파이프라인 알고리즘을 채택해 데이터 분석 시 발생할 수 있는 병목 현상을 해결하고 외부 인포매틱스 전문가에 대한 의존성을 낮출 수 있도록 도와줍니다. 온보드 DRAGEN 분석은 기기 비용에 포함되어 있어 추가적인 라이선스 구매가 필요하지 않습니다.

자동 클라우드 통합

클라우드 기반의 분석 솔루션을 선호하는 연구자를 고려하여 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 Illumina의 클라우드 컴퓨팅 플랫폼인 BaseSpace Sequence Hub 및 Illumina Connected Analytics와 통합되어 있습니다. 연구자는 BaseSpace Sequence Hub와 Illumina Connected Analytics에서 DRAGEN 분석을 실행해 직관적인 인터페이스를 통한 고급 결과 시각화 및 분석 기능을 경험할 수 있습니다. 또 연구자는 클라우드에서 다양한 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 도구를 선택하고 데이터를 전 세계 연구자들과 공유할 수 있습니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템이 생성한 데이터는 업계 표준 형식의 파일과 호환되므로 연구자가 원하는 솔루션으로 손쉽게 데이터를 가져올 수 있습니다.

표 5: NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 통합된 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인

파이프라인	연구용 애플리케이션
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> 전장 엑솜 시퀀싱 표적 재시퀀싱(Targeted resequencing)
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> 전장 전사체 유전자 발현(Whole-transcriptome gene expression) 분석 유전자 융합(Gene fusion) 검출
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> 단일세포 전장 전사체 시퀀싱(Single-cell whole-transcriptome sequencing)
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> 전장 유전체 시퀀싱
DRAGEN Amplicon ^b	<ul style="list-style-type: none"> DNA 앰플리콘 패널 표적 재시퀀싱
DRAGEN ORA ^c Compression	<ul style="list-style-type: none"> FASTQ 파일 압축

a. 그 밖에 클라우드에서 제공되는 DRAGEN 인포매틱스 파이프라인의 전체 목록은 [illumina.com/dragen](https://www.illumina.com/dragen)에서 확인 가능
 b. DNA 샘플만 지원
 c. ORA = original read archive. DRAGEN ORA Compression은 모든 DRAGEN 파이프라인에서 지원



그림 5: 유연한 인포매틱스 제품군 — 연구자가 로컬 또는 클라우드 기반 런 설정, 런 관리, 데이터 분석 옵션을 선택해 원하는 대로 시퀀싱을 수행할 수 있도록 해 주는 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템

신뢰받는 글로벌 리더

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 현장 검증을 거친 확실한 솔루션을 제공하는 신뢰할 수 있는 시퀀싱 파트너입니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 2020년 출시 이후 전 세계 2천 대 이상의 기기가 설치되었으며, 수천 건의 논문에 인용되었습니다. Illumina는 발전된 글로벌 품질 관리 및 제조 인프라를 토대로 포괄적인 지원과 업계 최고 수준의 제품 일관성을 제공하며 NGS 솔루션의 기준을 제시하고 있습니다.

Illumina 시스템 사용자 커뮤니티의 일원이 되면 전 세계 수천 명의 연구자들과 업계 선도자들이 협력해 구축한 다양한 애플리케이션, 프로토콜 및 인포매틱스 생태계를 활용할 수 있습니다.

믿을 수 있는 지속적인 혁신

Illumina는 연구자가 연구 목적에 적합한 처리량, 규모 및 비용으로 연구를 수행할 수 있도록 해 주는 유전체학 솔루션을 개발해 왔습니다. Illumina는 모든 혁신의 중심에 고객의 경험을 두고 고객이 최대한 쉽게 샘플 준비, 시퀀싱 및 데이터 분석을 수행할 수 있도록 지원하고 있습니다.

빠르고 편리한 지원

모듈식 제작

모듈식으로 제작된 NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 서비스와 지원 절차를 간소화했습니다. 내장된 센서가 시스템의 성능을 모니터링하고 잠재적 문제를 파악해 기기 사용자에게 알려 줍니다. 이를 통해 Illumina의 서비스 엔지니어가 더 쉽게 문제 해결과 수리를 진행할 수 있게 되므로 궁극적으로 시간을 절약할 수 있습니다.

Illumina Proactive

Illumina Proactive는 선제적으로 작동 중단을 감지하고, 런 문제를 더 효율적으로 해결하며, 런 실패(in-run failure)를 방지하도록 설계된 안전한 원격 기기 성능 지원 서비스입니다. 이 보완적 서비스는 수리를 예측하고 Illumina의 현장 직원에게 고객과 방문 정비 일정을 조율하도록 알림을 발송하여 예상치 못한 기기의 비가동 시간(downtime)을 최소화하고 불필요한 샘플 손실을 피할 수 있게 해 줍니다.

성공적인 연구를 돕는 기술 지원

각 시스템 구매 시 1년의 품질 보증 기간이 적용되며, 포괄적인 유지보수, 수리 및 성능 적격성 평가(qualification) 솔루션이 준비되어 있습니다. 아울러 Illumina는 현장 교육, 지속적인 지원, 전화 상담, 웨비나, 전 세계 여러 Illumina 지사에서 진행되는 교육 과정도 제공하고 있으며, 발전의 가속화를 위해 고객이 필요로 하는 리소스를 모두 마련해 두었습니다.

Illumina는 연구자의 투자를 최대한 활용하고, 최고 성능을 지원하기 위해 라이브러리 준비, 시퀀싱 및 분석에 대한 전문 지식을 갖춘 숙련된 과학자들로 구성된 세계적 수준의 기술지원팀을 운영하고 있습니다. Illumina의 기술지원팀은 고도의 자격을 갖춘 필드 서비스 엔지니어(field service engineer, FSE), 테크니컬 애플리케이션 사이언티스트(technical applications scientist, TAS), 필드 애플리케이션 사이언티스트(field applications scientist, FAS), 시스템 서포트 엔지니어, 바이오인포매틱스 전문가 그리고 IT 네트워크 전문가로 이루어져 있으며, NGS뿐만 아니라 전 세계 고객분들이 원하는 광범위한 애플리케이션에 대해 높은 이해력을 보유하고 있습니다. 기술 지원의 경우 전 세계적으로 전화 서비스는 주 5일, 온라인 서비스는 연중무휴 다국어로 제공되고 있습니다.

요약

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 벤치탑 시퀀싱 시스템으로 수행 가능한 작업의 한계를 크게 넓혀줍니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 뛰어난 유연성과 확장성 그리고 XLEAP-SBS chemistry의 사용으로 강화된 성능을 바탕으로 광범위한 애플리케이션을 지원합니다. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템은 입증된 NGS 기술, 운영 간편성, 분석 단계를 포함하는 간소화된 워크플로우, 포괄적인 기술 지원을 제공합니다.

상세 정보

[NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시퀀싱 시스템](#)

NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템의 사양

사양
기기 구성 DRAGEN FPGA(field-programmable gate array, 필드 프로그래밍 가능 게이트 어레이) Secondary Analysis가 통합된 독립형 dry instrument
기기 제어 컴퓨터 베이스 유닛: 2U 마이크로서버 내장 메모리: 288 GB 드라이브: 3.8 TB SSD OS: Linux CentOS 7.6
운영 환경 온도: 15~30°C 습도: 비응축 상대 습도 20~80% 고도: 0~2,000 m 실내 전용
레이저 파장: 449 nm, 523 nm, 820 nm 안전성: 1등급 레이저 제품(Class 1 laser product)
규격 너비 × 깊이 × 높이: 55 cm × 65 cm × 60 cm 무게: 141 kg 패키지 규격 패키지 너비 × 깊이 × 높이: 92 cm × 120 cm × 118 cm 패키지 무게: 232 kg
전력 요구 사항 기기 입력 전압: AC 100~240 V 기기 입력 주파수: 50/60 Hz
네트워크 연결 대역폭 내부 네트워크 업로드: 200 Mbps/기기 BaseSpace Sequence Hub 업로드: 200 Mbps/기기 기기 운영 데이터 업로드: 5 Mbps/기기
제품 안전 및 규정 준수 NRTL 인증 IEC 61010-1 CE 마크 획득 FCC/IC 승인

제품 목록

제품명	카탈로그 번호
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. NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템에 사용되는 XLEAP-SBS Reagent Kit는 표준 SBS Reagent Kit와 동일한 온도로 배송 및 보관됨



무료 전화(한국) 080-234-5300
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. All rights reserved.
 모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
 특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
 M-NA-00008 v12.0 KOR