

# NextSeq™ 1000 和 NextSeq 2000 测序系统

探索当前及新兴应用，效率更高，限制更少

- 具有从容应对未来需求的扩展能力，同时可帮助提高当下的效率  
可扩展的创新平台支持在台式系统上进行更深入的调查、更大规模的研究，并实现更高的分辨率
- 助力实现技术突破，为可持续性发展提供支持  
经济实惠的高通量系统可提供准确的结果，满足日益复杂的新兴应用的需求
- 提供直观的体验，让客户可最大限度地利用时间和资源  
易于使用的系统和机载信息学简化了工作流程和分析，无论是新手还是专家用户，都能轻松上手使用 NGS



通过大幅降低测序成本、简化工作流程和提高灵活性, 获得更大的能力进行更深入的探索 and 发现, 从而可支持几乎任何规模的新应用及新兴应用。

创新的新一代测序 (NGS) 正在助力基因组学协会提出并解答日益复杂的科学问题。在肿瘤学、微生物组研究、单细胞研究和其他新兴应用领域, 研究人员需要测序功能来帮助其对更多样品进行更大规模的研究, 同时加深测序深度并降低成本。

为了支持这些研究领域的扩展, Illumina 致力于为用户提供创新技术和系统方面的最新研究成果, 帮助其探索基因组、转录组和表观基因组。在过去的 20 年中, Illumina 率先改进了整个工作流程中的测序功能, 使其更易于使用, 同时降低了成本。NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统延续了这一传统 (图 1、表 1)。这些颠覆性平台提供了突破性的系统设计、化学反应创新、与大量文库制备选项的兼容性, 以及用于快速二级分析的机载集成信息学。

**结论:** Illumina NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统是可扩展的平台, 可支持当下和未来的研究。



**图 1: NextSeq 2000 测序系统** — NextSeq 2000 系统提供创新的设计功能、先进的化学反应、简化的生物信息学和直观的工作流程, 可在台式测序系统上实现最广泛的应用和规模灵活性。

**表 1: NextSeq 1000 和 2000 测序系统的性能参数**

片段长度	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents	NextSeq 1000/2000 P2 Reagents	NextSeq 2000 P3 Reagents
<b>每个流动槽的输出<sup>a</sup></b>			
1 × 50 bp (仅 P3)	–	–	60 Gb
2 × 50 bp	–	40 Gb	120 Gb
2 × 100 bp	–	80 Gb	240 Gb
2 × 150 bp	30 Gb	120 Gb	360 Gb
片段 CPF	100M	400M	1.2B
<b>质量分值<sup>b</sup></b>			
1 × 50 bp		90% 及以上的碱基高于 Q30	
2 × 50 bp		90% 及以上的碱基高于 Q30	
2 × 100 bp		85% 及以上的碱基高于 Q30	
2 × 150 bp		85% 及以上的碱基高于 Q30	
<b>运行时间</b>			
1 × 50 bp	–	–	约 11 小时
2 × 50 bp	–	约 13 小时	约 19 小时
2 × 100 bp	–	约 21 小时	约 33 小时
2 × 150 bp	约 19 小时	约 29 小时	约 48 小时

a. 使用 Illumina PhiX 对照品文库在支持的簇密度下基于单个流动槽的输出规格; CPF 即 Clusters Passing Filter (簇通过过滤)

b. 质量分值取决于 Illumina PhiX 对照品文库; 性能可能因文库类型和质量、插入片段大小、装入浓度和其他实验因素而异

## 更深入地了解我们的开创性台式系统

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统利用了光学、仪器设计和试剂化学反应领域的最新研究成果，减小了测序反应体积，同时增加了输出并降低了每次运行的成本。现在，只需一台台式测序系统，就能帮助用户实现扩大研究规模和范围所需的通量、数据质量和成本。

### 通过我们迄今为止最直观的体验增加输出

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统使用的图形化流动槽与驱动 NovaSeq™ 6000 系统的流动槽相似。因此，该台式系统高度灵活、功能强大且可扩展，可提供迄今为止市场上所有 NGS 系统中簇密度最高的流动槽，降低了测序运行的每千兆碱基 (Gb) 成本。

为了充分利用这些密度更高的流动槽，NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统采用了一种全新的超分辨率光学系统，可生成分辨率和灵敏度比传统台式系统更高的高精度成像数据。这一微型系统提供了能够实现各种输出数量的可扩展性，同时保持了 NextSeq 550 系统用户享有的同样高标准的数据质量。

## 增强的试剂化学反应帮助实现高质量数据和更低的运行成本

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统基于我们数十年专业经验构建而成，采用下一版行业领先的边合成边测序 (SBS) 化学反应，该化学反应经过优化，可增加簇亮度、减少通道串扰，并提高信噪比。这方面的进步与可减小实际反应大小的配方改进相结合，使 NextSeq 1000/2000 试剂用户能够实现高质量数据，并在总体上减少试剂量和浪费，同时最大限度地降低物理存储要求。此外，稳健性和稳定性的提升使流动槽能够在室温环境下运输。

## 提供更广泛的功能，充当突破性研究的先锋军

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统能够提供快速、准确的结果、从 30 Gb 到 360 Gb 不等的输出量，灵活的信息学选项，非常适合在肿瘤学、遗传病、生殖健康、农业基因组学等领域广泛应用 (表 2)。同时，我们会为当下的工作负载和未来的新兴应用配备始终如一的专家支持和实验室。

表 2: 可在 NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统上进行的更多应用中的部分示例

应用	NextSeq 1000/2000 P1 Reagents		NextSeq 1000/2000 P2 Reagents		NextSeq 2000 P3 Reagents	
	样品数量	时间	样品数量	时间	样品数量	时间
小型全基因组测序 (300 次循环) 130 兆碱基基因组; 超过 30 倍覆盖度	7	约 19 小时	30	约 29 小时	90	约 48 小时
全外显子组测序 (200 次循环) 50 倍平均靶向覆盖度; 20 倍 90% 靶向覆盖度	4 (300 次循环)	约 19 小时	16	约 21 小时	48	约 33 小时
单细胞 RNA 测序 (100 次循环) <sup>a</sup> 4000 个细胞, 1 万到 5 万个片段/细胞	-	-	2-10	约 13 小时	6-30	约 19 小时
miRNA 测序或小 RNA 分析 (50 次循环) 1100 万个片段/样品	-	-	-	-	108	约 11 小时

a. 建议的测序深度很大程度上取决于样品类型和实验目标，并且需要针对每个研究进行优化

## 简化的工作流程功能强大，由集成系统和高级信息学驱动

在 Illumina，每一项创新都以客户体验为核心，致力于尽可能使样品制备、测序和数据分析变得更加轻松。NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统提供了简化的工作流程，兼具即装即用的便捷性和高级信息学的优势（图 2 和图 3），新用户和高级用户都能因其受益。

### 基于夹盒的易用平台

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统利用了集成式夹盒，夹盒内含试剂、射流和废液盒，可简化文库的装入和仪器的使用。用户只需解冻试剂夹盒，将流动槽插入夹盒，将文库装入夹盒，然后将组装好的夹盒插入仪器。变性和稀释步骤将在仪器上自动进行。

除了易用性之外，完全集成的夹盒设计还提高了整个测序运行期间的效率。通过使许多测序反应小型化，该独特设计：

- 降低了测序成本
- 提高了资源的回收再利用
- 最大限度地减少了废液量

由于试剂不会离开夹盒，采用这种设计的仪器可保持干爽，无需进行清洗，因而简化了仪器维护并优化了仪器效率。

### 灵活的运行设置选项

可以在本地或云中设置运行。对于本地设置，用户可以创建自己的样品表或利用方便的预设 Illumina 模板。基于云的设置使用 BaseSpace™ Sequence Hub 中的 Run Planner 应用程序。运行设置信息配置好后，即会导入到 NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统中。然后，用户选择并启动所需的运行。与早期的台式系统相比，经过优化的仪器软件提供的界面更简洁（屏幕易于阅读）、运行指标更容易理解，呈现的仪器和运行状态更直观。NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统可输出各种实验室信息管理系统 (LIMS) 使用的行业标准文件格式，可用于进行安全的自动化样品跟踪和信息管理。

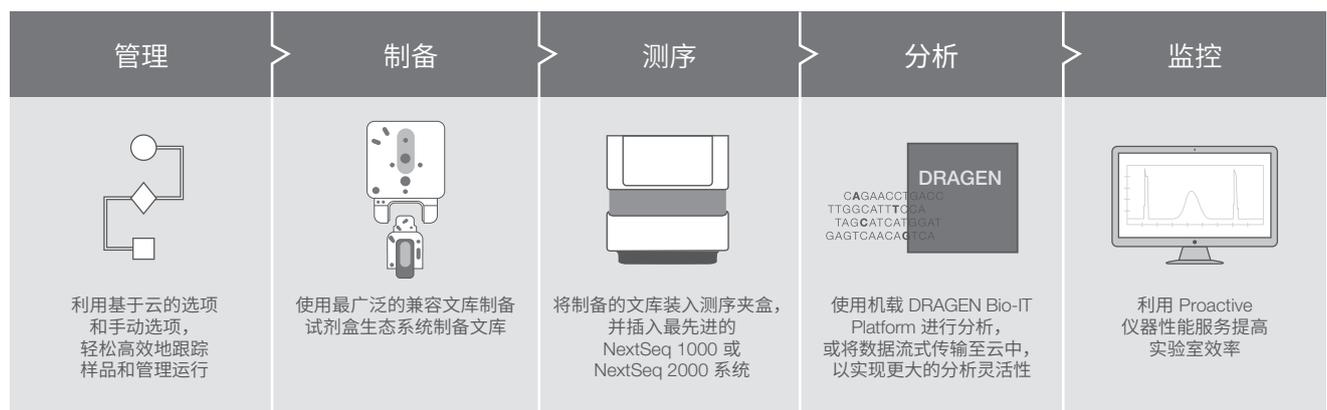


图 2: 直观的文库到分析工作流程 — NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统提供了全面的工作流程，包括用户友好的运行设置、最广泛的兼容文库制备试剂盒生态系统、即装即用操作和集成的机载二级分析。

### 简化的分析, 灵活的选项

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统可以访问机载、本地和基于云的分析软件, 使用户能够灵活地根据具体需求来分析数据。

### 利用机载 DRAGEN™ Bio-IT Platform 实现快速分析

机载 DRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics, 基因组学动态片段分析) Bio-IT Platform 提供了准确的超快速二级分析解决方案。DRAGEN 平台使用适用于多种基因组分析解决方案的优化硬件加速算法, 包括碱基检出 (BCL) 文件转换、压缩、映射、比对、排序、重复标记和变异检出。将推出多种新管道来满足各种新应用及新兴应用的需求。机载解决方案提供选择 DRAGEN 信息学管道 (表 3) 的功能, 使用户能够在短短两个小时内生成结果。DRAGEN 信息学使用一流的管道算法帮助新手和专家用户克服数据分析中的瓶颈, 并减轻对外部信息学专家的依赖。用户运行生产级管道所需的时间和精力减少, 可以将更多精力放在分析结果方面。

### BaseSpace Sequence Hub 中的应用程序生态系统

习惯使用基于云的分析解决方案的用户可以使用 BaseSpace Sequence Hub 来进行分析, 这是一个基因组学云计算平台, 它以用户友好的方式将简化的数据管理和分析测序工具直接提供给研究人员。在云中, 用户可以访问各种各样的生物信息学工具, 并在全球范围内共享数据。使用 NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统生成的数据与行业标准格式兼容, 便于导入到所选解决方案中。

表 3: 集成到 NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统中的按钮式 DRAGEN 信息学管道

管道 <sup>a</sup>	应用	关键功能
DRAGEN Enrichment	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 全外显子组测序</li> <li>• 靶向重测序</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 比对</li> <li>• 小型变异检出</li> <li>• 胚系变异和体细胞变异 (仅限肿瘤) 模式</li> <li>• 结构变异 (SV) 检出</li> <li>• 自定义清单文件</li> </ul>
DRAGEN RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 全转录组基因表达</li> <li>• 基因融合检测</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 比对</li> <li>• 融合检测</li> <li>• 基因表达</li> <li>• 差异表达</li> </ul>
DRAGEN Single-Cell RNA	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 单细胞全转录组测序</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 流动槽条形码和错误更正</li> <li>• 比对</li> <li>• 基因表达</li> <li>• 细胞过滤</li> <li>• 基本报告和可视化</li> </ul>
DRAGEN ORA <sup>b</sup> Compression	<ul style="list-style-type: none"> <li>• FASTQ 文件压缩</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 无损压缩</li> <li>• 文件大小最多可减少 5 倍</li> </ul>
DRAGEN Germline	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 全基因组测序</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 比对</li> <li>• 小型变异检出</li> <li>• SV/CNV<sup>c</sup> 检出</li> <li>• 重复扩张<sup>c</sup></li> <li>• 纯合区域<sup>c</sup></li> <li>• CYP2D6 基因分型<sup>c</sup></li> </ul>
DRAGEN Amplicon <sup>d</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• DNA 扩增子集合</li> <li>• 靶向重测序</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 比对</li> <li>• 小型变异检出</li> <li>• 胚系变异和体细胞变异 (仅限肿瘤) 模式</li> </ul>

a. 云中提供了更多 DRAGEN 信息学管道; 有关完整列表, 请访问 [illumina.com/DRAGEN](http://illumina.com/DRAGEN)

b. ORA 即 Original Read Archive (原始读取档案)

c. 该功能仅适用于人类基因组; CNV 即 Copy Number Variant (拷贝数变异)

d. 仅支持 DNA 样品; 从 DRAGEN v3.8 开始提供



图 3: 灵活的信息学套件 — NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统都提供了本地和基于云的运行设置、运行管理和数据分析选项, 可让用户按自己的方式运行测序。

## 模块化结构，提供更简单、更快速的支持

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统以模块化方式构建，简化了服务和支持的提供。机载传感器可监控系统性能，并针对可能发生的问题向用户发出警报。服务工程师可以更轻松地进行故障诊断和维修，最终节省时间并减少失败。

## 世界一流的服務，提供更強大的樣品控制，並減少停機時間

Illumina Proactive 是一项安全的远程仪器性能支持服务，可预先检测风险故障，更有效地诊断运行故障，并防止运行中出现故障。该服务通过预测所需的维修并提醒 Illumina 现场人员安排上门维护，有助于最大限度地减少计划外停机时间，并避免不必要的样品损失。

## 助力实现技术突破，为可持续性发展提供支持

为了帮助您最大限度地提高投资收益，支持峰值性能，并最大限度地减少中断，Illumina 配备了世界一流的支持团队，由经验丰富的科学家组成，人人都是文库制备、测序和分析方面的专家。该专业团队包括高素质的现场服务工程师 (FSE)、技术应用科学家 (TAS)、现场应用科学家 (FAS)、系统支持工程师、生物信息学家和 IT 网络专家，全都非常熟悉新一代测序和 Illumina 客户在全球进行的应用。提供每周 5 天电话技术支持，或者在全球提供全天候多语言在线支持。无论采用哪种方式，支持团队都可以在您需要时为您提供服务。

每笔系统采购都包括一年的服务保修。我们还提供全面的维护、维修和验证解决方案。此外，Illumina 在全球各个 Illumina 办公地点提供现场培训、不间断支持、电话咨询、网络研讨会和课程。我们随时为您提供所需的一切资源，助您加快进度。

## 加入世界最大的基因组学生态系统

Illumina 拥有超过 1.7 万个活动系统，已成为 NGS 解决方案标准的制定者。加入此社区，您将会接触到一个由全球数千名研究人员和行业思想领袖携手打造的应用程序、操作流程和信息学大型生态系统。

## 具有从容应对未来需求的扩展能力，同时可帮助提高当下的效率

Illumina 在开发基因组学解决方案方面成绩斐然，可让研究人员以符合其研究目标的通量、规模和价格开展研究。用户可以根据适合其需求的数据输出要求，在这两个系统和三种流动槽配置中进行选择。NextSeq 2000 系统可提供更高的通量选项，能够满足新应用及新兴应用的需求，同时为当前应用实现更好的运行经济效益。与 NextSeq 2000 系统相比，NextSeq 1000 系统提供的通量更低，系统价格也更低。为了确保将来可以灵活地扩展，购买 NextSeq 1000 系统的客户可轻松升级到 NextSeq 2000 系统。

## 总结

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统变革了台式测序系统可以实现的功能。凭借改进的技术、先进的化学反应、简化的工作流程以及机载二级分析，研究人员在进行探索、发现和其他活动时将拥有前所未有的灵活性。

## 了解详情

NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 测序系统，  
[illumina.com/NextSeq2000](http://illumina.com/NextSeq2000)

## 订购信息

产品	商品目录号
NextSeq 2000 测序系统	20038897
NextSeq 1000 测序系统	20038898
NextSeq 1000 升级到 NextSeq 2000	20047256
NextSeq 1000/2000 P1 Reagents (300 次循环)	20050264
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (100 次循环)	20046811
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (200 次循环)	20046812
NextSeq 1000/2000 P2 Reagents (300 次循环)	20046813
NextSeq 2000 P3 Reagents (50 次循环)	20046810
NextSeq 2000 P3 Reagents (100 次循环)	20040559
NextSeq 2000 P3 Reagents (200 次循环)	20040560
NextSeq 1000/2000 片段和标签引物	20046115
NextSeq 1000/2000 标签引物试剂盒	20046116
NextSeq 1000/2000 片段引物试剂盒	20046117

## NextSeq 1000 和 NextSeq 2000 系统规格

规格
<b>仪器配置</b> 集成了 DRAGEN Bio-IT 现场可编程门阵列 (FPGA) 二级分析的独立包装干爽仪器
<b>仪器控制计算机</b> 基本装置: 仪器中内置的 2U 微服务器 内存: 288 GB 硬盘驱动器: 3.8 TB SSD 操作系统: Linux CentOS 7.6
<b>操作环境</b> 温度: 15°C-30°C 湿度: 20%-80% 相对湿度 (非冷凝) 海拔: 0-2000 米 仅供室内使用
<b>激光</b> 波长: 449 纳米, 523 纳米, 820 纳米 安全等级: 1 类激光产品
<b>尺寸</b> 宽 × 深 × 高: 60 厘米 × 65 厘米 × 60 厘米 重量: 141 千克 <b>含箱尺寸</b> 含箱宽 × 深 × 高: 92 厘米 × 120 厘米 × 118 厘米 含箱重量: 232 千克
<b>电源要求</b> 仪器输入电压: 100 到 240 伏交流电 仪器输入频率: 50/60 赫兹
<b>网络连接带宽</b> 对于内部网络上载, 每台仪器的带宽为 200 Mb/秒 对于 BaseSpace Sequence Hub 上传, 每台仪器的带宽为 200 Mb/秒 对于仪器操作数据上传, 每台仪器的带宽为 5 Mb/秒
<b>产品安全和合规性</b> 经 NRTL 认证的 IEC 61010-1 经 CE 认证 经 FCC/IC 批准



illumina • 1.800.809.4566 (美国免费电话) • +1.858.202.4566 (电话) • techsupport@illumina.com • [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2021 Illumina, Inc. 保留所有权利。

所有商标均为 Illumina, Inc. 或其各自所有者的财产。有关特定的商标信息, 请参见 [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html)。M-NA-00008 CHS v3.0