

NextSeq™ 550 シーケンスシステム

イルミナシーケンステクノロジーによる迅速で高い柔軟性と拡張性を誇るハイスループットのベンチトップ型シーケンサーで、トランスクリプトームとターゲットリシーケンスのアプリケーションが実施できます

特長

- 研究ニーズに合わせた高い柔軟性**
 幅広いアプリケーションをサポートし、リード長の選択と複数のデータ出力の設定が可能
- 迅速なデータ取得**
 スピードが重視される研究のための迅速なデータ生成と、基礎研究の加速が可能
- 傑出したデータ品質**
 実績ある Sequence by Synthesis (SBS) ケミストリーにより困難なホモポリマー領域でも高品質な結果を提供
- タッチパネル操作と簡単なデータ解析**
 DNA からデータ出力までが自動化され、さらに合理化されたバイオインフォマティクスにより、データ解析をローカルか、クラウド上で選択して実施できる
- 選択したイルミナ BeadChips のスキャンが可能**
 Infinium™ MethylationEPIC アレイで差別的メチル化領域を決定したり、選択した CytoSNP アレイを用いたコピー数バリエーションの計測が可能

はじめに

NextSeq 550 シーケンスシステムは、実績あるイルミナの次世代シーケンサー (NGS) に、高い相補性のあるマイクロアレイスキャンに加えた革新的なシステムで、ハイスループットのパワーをもたらします (図 1)。統合型のシーケンスおよびマイクロアレイスキャンシステムは基礎研究室に効率よく適合し、複数の装置を導入する必要がありません。DNA からデータまでのワークフローは迅速化および統合化されており、ターゲットパネル、エクソーム、トランスクリプトーム解析を迅速にわずか 1 ランで実施できます。また、必要に応じてロースループットまたはハイスループットを選択できる柔軟性も兼ね備えています。また、イルミナのサイエンティストがすべてのステップにわたってサポートを行い、研究者が新たに革新的な探索成果を得るためのお手伝いをします。

新たな探索を可能に

NextSeq 550 システムは、多様なアプリケーションと新たなテクノロジーに柔軟に対応し、サンプル量とカバレッジのニーズに応じたデータ出力設定が可能です。頑健で拡張性のあるシステムにより、幅広いハイスループットアプリケーションを、コスト効率よく日々の研究ツールとしてお使いいただけるようになりました。今では、最も小規模の研究室でも幅広い NGS アプリケーションやマイクロアレイアプリケーションにアクセスでき、このような研究室の研究および研究目標を進めることができます。



図 1: NextSeq 550 システム NextSeq 550 システムは、SBS ケミストリーとユーザーフレンドリーなワークフローで最新の技術に対応することにより、エクソーム、トランスクリプトーム、およびターゲットリシーケンスのさまざまなアプリケーションで高品質な結果を提供します。



図 2: NextSeq 550 システムのシーケンスワークフロー NextSeq 550 システムは、サンプル調製からデータ解析まで、簡単に統合されたワークフローを提供します。ワークフロー時間は実験およびアッセイタイプによって異なります。こちらに記載している時間は mRNA 発現プロファイリング実験で 75 bp × 2 を想定しています。解析結果は発現差および選択的転写物の同定を含みます。

迅速で簡単なシーケンスワークフロー

NextSeq 550 システムはライブラリー調製からデータ解析、レポート生成、およびデータ共有までが統合されたワークフローの一部です (図 2)。直感的なユーザーインターフェースとロードしてすぐにランが開始できるデザインにより、より少ないユーザートレーニングや装置セットアップ時間で、さまざまなシーケンスアプリケーションを行うことができます。NextSeq 550 システムへのライブラリーのロードからセットアップまでは 10 分以内に完了します。他社のプラットフォームでは追加の特別な周辺機器が必要ですが、NextSeq 550 システムはクラスター形成とシーケンスを 1 台の装置に統合し、データ解析はオンサイトあるいはクラウドで行えるように設計されています。

ライブラリー調製後、ライブラリーを NextSeq 550 システムにロードしてセット後、シーケンスが自動的に素早く行われます。次世代シーケンサーのデータは、75 サイクルシーケンスランの場合は 12 時間、そしてペアエンド 150 サイクルランの場合は 30 時間以内に産出されます。SBS ケミストリーおよびファイル形式変換を採用することにより、NextSeq 550 システムは確立されたプロトコール、ワークフロー、データセットそしてデータ解析ツールを網羅するエコシステムを提供します。

表 1：複数アプリケーションに対応する最高の柔軟性

アプリケーション	高出力フローセル		中出力フローセル	
	サンプル数	時間	サンプル数	時間
遺伝子発現プロファイリング 1000 万リード以上 75 bp × 1	40	11 時間	13	11 時間
mRNA-Seq 2500 万リード以上 75 bp × 2	16	18 時間	5	15 時間
濃縮パネル 12 Mb 領域 95% 以上のターゲット領域を 20 × 以上でカバー	36	29 時間	12	26 時間
全エクソームシーケンス 平均カバレッジ 50 ×	12	18 時間	3	15 時間
小さな全ゲノムシーケンス 130 Mb ゲノム 30 × 以上でカバー 150 bp × 2	30	29 時間	10	26 時間

幅広いシーケンスアプリケーションをサポートする多様性と柔軟性

NextSeq 550 システムは最も優れた操作効率性を提供し、プロジェクトの規模やシーケンス出力に柔軟で最適なシーケンサーといえます。また NextSeq 550 システムは下記のような非常に定評あるシーケンスアプリケーションの解析も約 1 日で行えます。本システムを用いて、1 ランあたり次のような幅広いサンプル数のシーケンスを行うことが可能です：

- エクソーム、1 ~ 12 サンプル
- トランスクリプトーム、1 ~ 16 サンプル
- ターゲットパネル、6 ~ 96 サンプル
- 遺伝子発現プロファイリング、12 ~ 40 サンプル

NextSeq 550 システムの設定は簡易化されており、さまざまなスループットに対応できる拡張性があるため、ユーザーはどの研究プロジェクト規模でも容易に操作することができます。サンプル数やカバレッジのニーズに応じて、研究者は 2 種類のフローセル設定（高出力あるいは中出力）を選択でき、ロースループットからハイスループットまでシーケンスランごとの切り替えも容易に実施できます（表 1）。NextSeq 550 システムはペアエンドシーケンスを可能にする統合的なサポートを提供し、150 bp × 2 までユーザーがリード長を設定することができます。このシステムでは、イルミナのライブラリー調製およびターゲット濃縮ソリューションのすべてをご利用いただくことができます。ライブラリーはすべてのイルミナシーケンサー製品群において互換性があるため、研究を拡張する時はより高いスループットの HiSeq™ および NovaSeq™ システムを、フォローアップの研究には MiSeq™ システムをお使いいただくことが可能です（図 3）。

SBS ケミストリーによる傑出した精度

NextSeq 550 シーケンスシステムの中核となるのは、高い実績を誇り世界で最も広く使用されている次世代シーケンステクノロジーであるイルミナ SBS ケミストリーです¹。独自の可逆的ターミネーターによる手法は、数千万の DNA 断片を並列にシーケンスを行い、DNA 鎖に取り込まれる 1 塩基を検出します。



NovaSeq システム
あらゆる手法や多様な研究規模へ
拡張可能な柔軟性を備えたシーケンサー



NextSeq 550 システム
小規模ゲノム解析向けのスピード、
簡便性と柔軟性を兼ね備えた
デスクトップシーケンサー



MiSeq シリーズ
ターゲットシーケンスと
微生物ゲノム解析向けスピードと
簡便性を兼ね備えた
デスクトップシーケンサー

図 3：イルミナ NGS シーケンスシステムシリーズ イルミナの NGS システムは幅広いアプリケーション、サンプルのタイプ、およびシーケンス規模に合わせたソリューションを提供しています。柔軟性のあるスループットと簡単に効率化されたワークフローにより、各システムは高品質および高精度のデータを提供します。データの比較や共有、解析は BaseSpace™ Sequence Hub でシームレスに行えます。

この手法により、繰り返し配列領域（ホモポリマー）に関連するエラーやコールミスが最小限に抑えられます。さらに、NextSeq v2.5 Reagent Kit は最適化された v2.5 フローセルを使用します。v2.5 フローセルは開始時の蛍光強度を維持することで、ランを行っている間の性能が改善します²。NextSeq v2.5 ケミストリーを用いることで、NextSeq 550 システムは幅広いカバレッジレベルでヒトゲノム、ターゲットパネル、エクソーム、トランスクリプトームデータを含む幅広い手法に対する傑出した精度を実現します。

表 2: NextSeq 550 システムパフォーマンス項目

NextSeq 550 システムパフォーマンス項目 ^a					
フローセル設定	リード長	アウトプット	ランタイム	データ品質	必要なインプット量
高出力フローセル 最大 4 億シングルリード 最大 8 億ペアエンドリード	150 bp × 2	100 ~ 120 Gb	29 時間	Q30 以上の塩基が 75% 以上	TruSeq™ ライブラリー調製キット 使用時 100 ng ~ 1 µg
	75 bp × 2	50 ~ 60 Gb	18 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	
	75 bp × 1	25 ~ 30 Gb	11 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	
中出力フローセル 最大 1.3 億シングルリード 最大 2.6 億ペアエンドリード	150 bp × 2	32 ~ 39 Gb	26 時間	Q30 以上の塩基が 75% 以上	
	75 bp × 2	16 ~ 19 Gb	15 時間	Q30 以上の塩基が 80% 以上	

a. 時間は NextSeq 550 システム上で実施するクラスター形成、シーケンス、ベースコールを含みます。据付時の仕様は、イルミナ PhiX コントロールライブラリーを使い、サポート範囲内でのクラスター密度 (129 ~ 165 k/mm² パスフィルタークラスター) を基にしています。実際のパフォーマンス項目は、サンプルの種類、クオリティ、そしてパスフィルタークラスターに依存します。Q30 以上の塩基の割合は、そのラン全体の平均値です。

NextSeq 550 システムアレイスキャン項目		
BeadChip	ビーズチップあたりスキャン時間	サンプルあたりスキャン時間
Infinium MethylationEPIC BeadChip	40 分	5 分
Infinium CytoSNP-850K BeadChip	40 分	5 分
HumanCytoSNP-12 BeadChip	40 分	3.3 分
Infinium HumanKaryomap-12 BeadChip	40 分	3.3 分

アレイスキャンによる傑出した柔軟性

NextSeq 550 システムは非常に補完性の高いテクノロジー* であるマイクロアレイスキャンをサポートすることによって傑出した柔軟性が実現します (表 2)。研究者は NextSeq 550 システムに搭載されたマイクロアレイスキャンによって、強力なテクノロジーにすぐにアクセスすることができます。マイクロアレイのスキャンには、CytoSNP BeadChip を用いてコピー数バリエーションを迅速に確認したり、Infinium MethylationEPIC BeadChip を用いてさまざまなメチル化領域を決定するためにコスト効率の良いオルトゴナル法を使用しています。NextSeq 550 システムを使うことで、最先端の研究アプリケーションの幅を最大限に活用することができると同時に、装置導入のコストを抑えることができます。このシステムは遺伝性疾患、がんなどの幅広いアプリケーションをサポートしています。

合理化されたバイオインフォマティクス

NextSeq 550 シーケンスシステムにはさまざまなデータ解析オプションがあります。ベースコールおよびクオリティスコアは、装置に統合されたコンピューターで行います。シーケンスランデータは幅広いオープンソースや、イルミナデータのために開発された市販されたパイプラインを介して解析することができます。また、装置上または Local Run Manager を使って装置外で解析を実施することができます。Local Run Manager はランセットアップから解析までのモジュールをつなげる性能を備えており、シーケンスランの作成および解析のための統合型ソリューションを提供します。幅広い手法のアレイが自動解析で利用でき、例えば、

アンプリコン解析、DNA 濃縮解析、および GenerateFASTQ 解析などがあげられます。利用可能なモジュールの全リストはイルミナのサポートページでご覧になれます。クラウドベースソリューションもイルミナのゲノムコンピューティング環境である BaseSpace™ Sequence Hub を経由して利用でき、データが即座に転送され、解析されて安全に保管することができます。Sequence Hub 解析アプリには、アライメント、バリエーション検出、アノテーション、可視化、および interpretation (解釈) などがあります。また、BaseSpace Sequence Hub はエクソームおよびトランスクリプトーム、全ゲノム、そして体細胞変異コール用のデータ解析アプリも搭載しています。業界標準のデータフォーマットを採用しているため、サードパーティの開発者がさらなる下流データ解析のための商用ツールおよびオープンソースのツールを開発して、豊富なエコシステムを構築しています。

アレイベースの分子細胞遺伝学研究または体外受精 (IVF) データから得られたアレイと NGS の統合データについては、BlueFuse™ Multi ソフトウェアが包括的なデータ解析のためのフレームワークを提供します。このソフトウェアは、全ゲノム解析実験で産出されたデータを高機能な処理アルゴリズムと直感的な可視化フォーマットを使って管理、検索、表示します。Infinium MethylationEPIC BeadChip のデータについては、Genome Studio™ Methylation Module による解析がサポートされており、小規模研究のための差次的メチル化解析を実施することが可能です。大規模研究用に、ソフトウェアフレームワーク R 上で利用可能な無料の解析パッケージが多数提供されており、ノーマライゼーションやメチル化データの差次的解析を実施できます³⁻⁴。

* Infinium MethylationEPIC、CytoSNP-850K、HumanCytoSNP-12、および HumanKaryomap-12 DNA BeadChip のマイクロアレイスキャンをサポートしています。

まとめ

NextSeq 550 システムは、NGS およびマイクロアレイスキャンを全世界のラボで日常的な研究ツールとしてご利用いただける革新的な装置です。最新の SBS ケミストリーを採用し、高い柔軟性を誇る NextSeq 550 システムが備えるユーザーフレンドリーな操作および DNA からデータを得るまでの効率化されたワークフローにより、研究者は最も定評のあるハイスループットなアプリケーションを 1 日以内で実施することができます。本システムの 2 種類のフローセルおよび試薬の組み合わせにより、必要に応じてロースループットなアプリケーションにも対応でき、研究者はさまざまなプロジェクト規模およびプロジェクトのニーズに応じて柔軟に運用できます。

製品情報

システム名	カタログ番号
NextSeq 550 システム	SY-415-1002

試薬キット名	カタログ番号
NextSeq 500 Mid-Output v2.5 Kit (150 Cycles)	20024904
NextSeq 500 Mid-Output v2.5 Kit (300 Cycles)	20024905
NextSeq 500 High-Output v2.5 Kit (75 Cycles)	20024906
NextSeq 500 High-Output v2.5 Kit (150 Cycles)	20024907
NextSeq 500 High-Output v2.5 Kit (300 Cycles)	20024908
TG ^a NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (150 Cycles)	20024909
TG NextSeq 500/550 Mid-Output Kit v2.5 (300 Cycles)	20024910
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (75 Cycles)	20024911
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (150 Cycles)	20024912
TG NextSeq 500/550 High-Output Kit v2.5 (300 Cycles)	20024913

a. TG というラベルの付いた消耗品には、再検証の頻度を減らすことを意図した機能が備わっています。これらの消耗品はサプライ契約の下でのみ入手することができ、今後将来の注文予定を報告する必要があります。詳細については、弊社の担当者にお問い合わせください。

参考文献

- 社内資料 Illumina, Inc. 2015.
- 社内資料 Illumina, Inc. 2018.
- Morris TJ, Butcher LM, Feber A, et al. [ChAMP: 450K chip analysis methylation pipeline](#). *Bioinformatics*. 2014;30(3):428-430.
- Assenov Y, Muller F, Lutsik P, et al. [Comprehensive analysis of DNA methylation with RnBeads](#). *Nat Methods*. 2015;11(11):1138-1140.

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com



www.facebook.com/illuminakk

NextSeq 550 システム仕様

パラメーター	仕様
装置の構成	RFIDトラッキング機能付きの試薬消耗品
装置コントロール コンピューター (内蔵) ^a	CPU: Intel Xeon E5-2448L 1.8 GHz CPU × 2 メモリー: 96 GB RAM ハードドライブ: 750 GB オペレーティングシステム: Windows 10 embedded standard
オペレーティング環境	温度: 19°Cから 25°C (22°C ± 3°C) 湿度: 20% ~ 80%、結露なきこと 高度: 2000 m (6500 ft) 以下 空気質: 汚染度評価 II 換気: 最大 2048 BTU/時 @600 W 屋内で使用のこと
発光ダイオード (LED)	520 nm、650 nm: レーザーダイオード 780 nm、 クラス IIIb
寸法	幅 × 奥行 × 高さ: 53.3 cm × 63.5 cm × 58.4 cm 重量: 83 kg 梱包重量: 151.5 kg
所要電源	100–120 VAC 15 A 220–240 VAC 10 A
無線自動識別装置 (RFID)	周波数: 13.56 MHz 電源: 供給電流 120 mA、RF 出力 200 mW
製品安全性および準拠	NRTL 認証 IEC 61010-1 CE マーク取得 FCC/IC 認証

a. コンピューターの仕様は定期的に更新されます。最新の構成についてはお問い合わせください。

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件: jp.illumina.com/tc

© 2020 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc または各所有者に帰属します。
商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

Pub. No. 770-2013-053-F-JPN 08JAN2020

illumina®