



SEQUENZIATORE DI SECONDA GENERAZIONE

(mod. ILLUMINA NextSeq1000 Sequencing System)

FORNITORE: ILLUMINA ITALY srl

ANNO DI ACQUISIZIONE: 2024

DOCENTE DI RIFERIMENTO: Prof.ssa Monica Gatti

Caratteristiche tecniche/dotazioni principali:

- Sequenziamento di tipo “Single-End” e “Paired-End”.
- Produttività:
 - minimo: 10 Gb;
 - massimo: 180 Gb;
 - numero di “reads”: fino a 400 milioni in “Single-End” (oppure 800 milioni in “Paired-End”).
- Velocità di sequenziamento: > 4 Gb in 1 ora.
- Cartucce integrate che includono reagenti, fluidica e supporto per gli scarti.
- Amplificazione clonale completamente automatizzata e inclusa all’interno dello strumento.
- Sistema ottico integrato nello strumento, dotato di un’elevata risoluzione.
- Accuratezza:
 - $\geq 90\%$ di basi con punteggio qualitativo superiore a Q30 (2x50 bp).
 - $\geq 85\%$ di basi con punteggio qualitativo superiore a Q30 (2x150 bp).
 - $\geq 80\%$ di basi con punteggio qualitativo superiore a Q30 (2x300 bp).
- Piattaforma integrata DRAGEN Bio-IT per un’analisi secondaria ultra-veloce e accurata.
- Compatibilità con librerie di terze parti senza la necessità di protocolli di conversione.

Principali applicazioni:

- Applicazioni in ambito medico/farmaceutico per lo studio di varianti geniche.
- Analisi trascrittomiche (sequenziamento dell’espressione genica sia di cellule singole che di popolazioni).
- Sequenziamento di piccoli genomi (batteri, lieviti, virus).
- Amplicon sequencing: studi metatassonomici di popolazioni microbiche, con sequenziamento di geni target.
- Shotgun metagenomics: studio complessivo di tutti i genomi presenti in un campione.
- Studio di piccoli RNA non codificati (es. siRNA, ncRNA, miRNA, etc.).

Strumento acquisito nell’ambito del Progetto del Dipartimento di Eccellenza MUR 2023-2027