

Systeme de séquençage NovaSeq^{MC} 6000

Débit ajustable et souplesse d'analyse pour pratiquement tous les génomes, toutes les méthodes de séquençage et toutes les échelles de projets.

Points saillants

- **Plateforme ajustable**

Ajustement du rendement des données, du délai d'obtention des résultats et du prix par échantillon aux besoins de l'étude

- **Exécution souple**

Configuration de la méthode de séquençage, du type de Flow Cell et de la longueur de lecture pour prendre en charge une vaste gamme d'applications

- **Exploitation uniformisée**

Augmentez l'efficacité du laboratoire grâce à un flux de travail simplifié et à une durée de manipulation écourtée.

Introduction

Le système NovaSeq 6000 (figure 1) marque la nouvelle ère du séquençage grâce à des innovations révolutionnaires, fournissant aux utilisateurs le débit, la vitesse et la souplesse dont ils ont besoin pour réaliser des projets de manière plus rapide et plus abordable que jamais. S'appuyant sur la technologie éprouvée de séquençage nouvelle génération (SNG) d'Illumina, divers types de Flow Cell, deux flux de travail pour le chargement des librairies et diverses combinaisons de longueurs de lecture, le système NovaSeq 6000 permet d'ajuster efficacement le débit pour mieux répondre à pratiquement tous les besoins envisageables de n'importe quelle étude.

Désormais, les applications qui requièrent de grandes quantités de données, comme le séquençage du génome humain entier, le séquençage des exomes à une grande profondeur et le profilage des tumeurs et des tissus normaux, peuvent être réalisées d'une manière encore plus rentable. Pour une plus grande polyvalence, le flux de travail NovaSeq Xp prend en charge le chargement de lignes individuelles pour séquencer différentes librairies dans chacune des lignes de Flow Cell. Lorsque combiné avec un débit de Flow Cell moins élevé, le même instrument peut être utilisé pour des méthodes moins intensives en données. Chaque projet, peu importe sa taille ou son objectif, tirera profit du fonctionnement simple et de l'intégration aux outils de stockage de données et d'analyse qui aident à uniformiser l'ensemble du flux de travail expérimental. Que vous utilisiez un seul système de séquençage nouvelle génération ou toute une flotte d'appareils, le système NovaSeq 6000 donne de nouvelles possibilités pour une vaste gamme de types d'échantillons, de méthodes de séquençage et d'applications.

Plateforme ajustable

Le système NovaSeq 6000 donne accès à une puissante solution à débit élevé pour la génomique qui permet aux utilisateurs de réaliser des études selon le débit et le prix par échantillon qui correspondent à leurs objectifs de recherche.



Figure 1 : Le système NovaSeq 6000 : transforme le séquençage en alliant débit, souplesse et simplicité d'utilisation pour pratiquement tout génome, toute méthode et toute échelle.

Obtenez des données qui répondent aux besoins des projets

Le système NovaSeq 6000 permet un rendement pouvant atteindre 6 Tb et 20 milliards de lectures en moins de deux jours. De multiples combinaisons de types de Flow Cell et de longueurs de lecture offrent des configurations de rendement et de durée d'analyse flexibles en fonction des besoins des projets (tableau 1). Les Flow Cell NovaSeq S Prime (SP), S1 et S2 permettent un séquençage rapide et puissant convenant à la plupart des applications à débit élevé. Grâce à la possibilité d'effectuer moins de lectures que la Flow Cell HiSeq^{MC} 2500 ou HiSeq 4000 et à la flexibilité du chargement de lignes individuelles, les Flow Cell NovaSeq SP et S1 permettent aux utilisateurs du système HiSeq de passer facilement à cet outil sans avoir à regrouper un lot d'échantillons additionnels par analyse. (Lectures de comparaison pour le système HiSeq 2500 fondées sur les spécifications de la Flow Cell v4 à débit élevé.) La Flow Cell S4 NovaSeq permet le séquençage à débit élevé économique pour un éventail d'applications, ce qui rend attrayant et abordable le séquençage du génome entier ou de l'exome entier pour plus de laboratoires.

Exécution souple

Le système NovaSeq 6000 offre des options de séquençage extrêmement souples pour une vaste gamme de rendement (figure 2). Les utilisateurs peuvent choisir parmi les quatre types de Flow Cell (SP, S1, S2 ou S4), lancer une ou deux Flow Cell à la fois et sélectionner l'une des différentes longueurs de lecture afin d'ajuster facilement le rendement et le débit d'échantillons de chaque analyse de séquençage (tableau 1).

Optimisation des configurations du chargement des librairies

Le système NovaSeq 6000 offre deux méthodes de chargement des Flow Cell : le flux de travail NovaSeq Xp ou le flux de travail standard.

Flux de travail NovaSeq Xp

Le flux de travail NovaSeq Xp facultatif, disponible séparément, permet aux utilisateurs de charger individuellement chaque ligne de la Flow Cell pour séparer différents projets ou différentes méthodes. Le flux de travail NovaSeq Xp permet aussi aux utilisateurs de multiplexer les échantillons dans une ligne pour maximiser le nombre total d'échantillons par Flow Cell (c'est-à-dire 96-plex par ligne dans chacune des quatre lignes d'une Flow Cell NovaSeq S4, pour un total de 384 échantillons). De plus, ce multiplexage réduit la quantité d'entrées d'ADN requises par rapport au flux de travail standard.

Le flux de travail NovaSeq Xp offre une option de recharge à la génération d'amplifiats sur l'instrument standard. Il se compose d'une trousse NovaSeq Xp contenant des réactifs et un collecteur jetable pour le chargement des échantillons, ainsi que du dock de Flow Cell NovaSeq Xp qui contient les Flow Cell pour le chargement. Le flux de travail NovaSeq Xp est compatible avec l'automatisation.

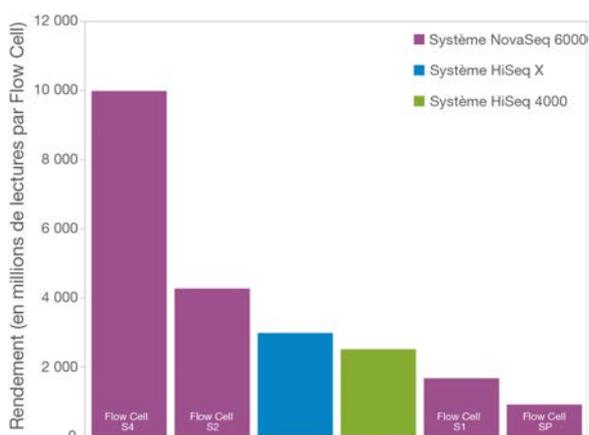


Figure 2 : Le système NovaSeq 6000 offre la gamme de rendements la plus vaste : Le système NovaSeq 6000 produit de 80 Gb et 800 millions de lectures à 3 Tb et 10 milliards de lectures de données en mode Flow Cell simple. Le mode double Flow Cell permet un rendement pouvant atteindre 6 Tb et 20 milliards de lectures. Le rendement ajustable permet d'employer le système NovaSeq 6000 dans une vaste gamme d'applications.

Flux de travail standard

Pour un chargement d'échantillons plus rapide, le système NovaSeq 6000 offre le flux de travail standard qui propose la génération d'amplifiats entièrement automatisée sur l'instrument, ce qui permet une utilisation facile et réduit la durée de manipulation. Les librairies préparées sont chargées directement dans un tube d'échantillon qui s'insère dans une cartouche préconfigurée de réactifs, laquelle est chargée directement dans le système en prévision de la génération automatique d'amplifiats.

Vaste gamme de méthodes de séquençage

Le système NovaSeq 6000 est compatible avec les diverses trousse de préparation de librairies d'Illumina et prend en charge une vaste gamme de méthodes allant du profilage d'expression au séquençage du génome entier, y compris tout ce qui se trouve entre les deux (tableau 2).

Exploitation uniformisée

Le système NovaSeq 6000 augmente l'efficacité du laboratoire grâce à plusieurs fonctions avancées (figure 3) :

- Les cartouches de réactifs chargement-exécution représentent une diminution de 80 % en consommables par comparaison aux systèmes de la série HiSeq.
- Les réactifs prêts à l'utilisation n'exigent aucune autre préparation que la décongélation; ils éliminent toute intervention des utilisateurs, réduisent les erreurs humaines et diminuent considérablement la durée de configuration des analyses.
- Les consommables dotés d'un code d'identification par radiofréquence (IRF) permettent de retracer automatiquement les réactifs et de veiller à ce que tous les réactifs de séquençage et toutes les Flow Cell soient compatibles.
- Le chargement automatisé des Flow Cell et la génération d'amplifiats sur l'instrument diminuent la durée de manipulation.
- La durée de conservation prolongée des réactifs permet une planification efficace des projets futurs
- La trousse de 35 cycles augmente les options du flux de travail, y compris de CovidSeq et d'autres applications, tout en réduisant le coût par lecture
- La chimie des réactifs améliorée rationalise le flux de travail, augmente le nombre d'identifiants uniques moléculaires (IMU) pour s'adapter aux stratégies d'indexage complexes et prend en charge un large éventail de solutions de préparation des librairies Illumina (Tableau 2)

Tableau 1 : Spécifications des Flow Cell du système NovaSeq 6000

Type de Flow Cell	SP	S1	S2	S4
Lignes par Flow Cell	2	2	2	4
Rendement par Flow Cell^{a, b}				
1 x 35 pb	S. O.	S. O.	S. O.	280 à 350 Gb
2 x 50 pb	65 à 80 Gb	134 à 167 Gb	333 à 417 Gb	S. O.
2 x 100 pb	134 à 167 Gb	266 à 333 Gb	667 à 833 Gb	1 600 à 2 000 Gb
2 x 150 pb	200 à 250 Gb	400 à 500 Gb	1 000 à 1 250 Gb	2 400 à 3 000 Gb
2 x 250 pb	325 à 400 Gb	S. O.	S. O.	S. O.
Lectures uniques APF	0,65-0,8 G	1,3-1,6 G	3,3-4,1 G	8-10 G
Lectures appariées APF	1,3-1,6 G	2,6-3,2 G	6,6-8,2 G	16-20 G
Scores de qualité^c				
1 x 35 pb		Q30 ≥ 90 %		
2 x 50 pb		Q30 ≥ 90 %		
2 x 100 pb		Q30 ≥ 85 %		
2 x 150 pb		Q30 ≥ 85 %		
2 x 250 pb		Q30 ≥ 75 %		
Durée de l'analyse^d				
1 x 35 pb	S. O.	S. O.	S. O.	Env. 14 heures
2 x 50 pb	Env. 13 heures	Env. 13 heures	Env. 16 heures	S. O.
2 x 100 pb	Env. 19 heures	Env. 19 heures	Env. 25 heures	Env. 36 heures
2 x 150 pb	Env. 25 heures	Env. 25 heures	Env. 36 heures	Env. 44 heures
2 x 250 pb	Env. 38 heures	S. O.	S. O.	S. O.

a. Les données sur le rendement et les lectures sont fondées sur le mode Flow Cell simple et l'utilisation d'une librairie de contrôle PhiX d'Illumina aux densités d'amplifiats prises en charge. Le système NovaSeq 6000 peut activer une ou deux Flow Cell en même temps.

b. **S. O.** = sans objet, **APF** = amplifiats passant le filtre.

c. Les scores de qualité sont fondés sur les trousseaux de réactifs NovaSeq 6000 SP, S2 et S4 v1.5 analysés sur le système NovaSeq 6000 avec une librairie de contrôle PhiX d'Illumina. La performance peut varier selon le type et la qualité de la librairie, la taille de l'insert, la concentration de chargement et autres facteurs expérimentaux.

d. La durée de l'analyse est basée sur l'activation de deux Flow Cell du même type. L'activation de deux Flow Cell différentes aura un effet sur la durée de l'analyse.

Technologie de pointe

Le système NovaSeq 6000 offre un séquençage à débit élevé puissant, simple, ajustable et fiable qui produit des données d'une qualité exceptionnelle. L'instrument s'appuie sur la chimie éprouvée de séquençage par synthèse (SBS) d'Illumina.

Cette méthode brevetée fondée sur un terminateur réversible permet le séquençage massivement parallèle de milliards de fragments d'ADN, détectant des bases uniques à mesure que celles-ci sont incorporées dans des brins d'ADN en formation. La méthode réduit considérablement les erreurs et les omissions relatives aux chaînes de nucléotides répétées (homopolymères).

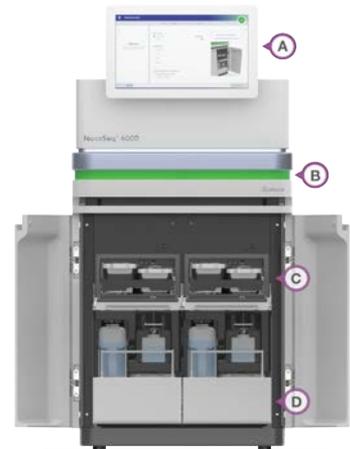


Figure 3 : Le fonctionnement du système NovaSeq 6000 est simple. De nombreuses fonctions du système NovaSeq 6000 sont conçues pour simplifier les études génomiques : (A) interface intuitive sur écran tactile, (B) affichage à DEL pour indiquer l'état des Flow Cell, (C) cartouches à chargement instantané dotées de réactifs prêts à l'utilisation, (D) conteneurs faciles à retirer pour éliminer les déchets.

Conception ingénieuse

Le système NovaSeq 6000 allie l'imagerie de haute performance à la technologie structurée de Flow Cell pour offrir de bien meilleurs débits. Les fonctions optiques supérieures permettent un balayage à résolution et à vitesse élevées, ce qui contribue à faire du système NovaSeq 6000 la plateforme de séquençage au débit le plus élevé d'Illumina à ce jour. Chaque Flow Cell NovaSeq contient des milliards de nanopuits à des emplacements fixes pour assurer l'espacement régulier et la taille uniforme des amplifiats. Les Flow Cell NovaSeq diminuent l'espacement entre les nanopuits, ce qui augmente considérablement la densité des amplifiats. La combinaison de la densité élevée des amplifiats et de la méthode brevetée d'amplification par exclusion maximise le nombre de nanopuits qui contiennent des amplifiats d'ADN issus d'un seul modèle d'ADN, pour une augmentation marquée des données de sortie.

Flux de travail exhaustif de séquençage

Le système NovaSeq 6000 constitue la pierre angulaire d'un écosystème de séquençage qui englobe la gestion du flux de travail, la préparation automatisée ou manuelle des librairies, le séquençage, l'analyse et l'interprétation des données ainsi que le service et le soutien (figure 4).

Système de gestion des informations de laboratoire (LIMS)

Le système NovaSeq 6000 est entièrement compatible avec BaseSpace^{MC} Clarity LIMS, et ce, dès le départ. Les laboratoires qui utilisent un LIMS peuvent améliorer leur efficacité opérationnelle grâce au suivi exhaustif des échantillons et des réactifs, aux flux de travail automatisés et à l'exploitation intégrée à l'instrument. BaseSpace Clarity LIMS offre une interface utilisateur intuitive et des flux de travail préconfigurés qui seront rapidement maîtrisés afin de suivre immédiatement le procédé et d'apporter des ajustements. Le système NovaSeq 6000 peut également s'intégrer à des LIMS conçus par des utilisateurs et par d'autres tiers parties.

Préparation automatisée des librairies

Illumina s'est associée à des fournisseurs de systèmes de manipulation automatisée des liquides de premier plan afin de concevoir plusieurs méthodes qualifiées par Illumina ([tableau 2](#)). La mention Illumina Qualified signifie que les librairies préparées avec ces méthodes affichent une performance comparable à celles des librairies qui ont été préparées manuellement. Les méthodes Illumina Qualified peuvent être rapidement installées et employées immédiatement dans tous les laboratoires, ce qui permet de diminuer les efforts de développement longs et coûteux. La préparation automatisée des librairies accentue l'uniformité dans l'ensemble des expériences, diminue les erreurs et les durées de manipulation et offre un débit élevé, ce qui permet aux utilisateurs de profiter de la productivité inégalée du système NovaSeq 6000.

Tableau 2 : Exemples de méthodes de séquençage courantes

Séquençage du génome entier
Trousse Illumina DNA PCR-Free Prep
Trousse Illumina DNA Prep
Reséquençage ciblé
Trousse Illumina DNA Prep with Enrichment + Panel Illumina Exome
Trousse Illumina RNA Prep with Enrichment + Panel Illumina Exome
Séquençage d'ARN
Trousse Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus
Trousse Illumina Stranded mRNA Library Prep
Séquençage épigénétique
Trousse TruSeq Methyl Capture EPIC
Indexage double unique
IDT for Illumina DNA/RNA UD Indexes, Tagmentation (384 index, ensembles A à D tout compris)

Les méthodes de préparation de librairies énumérées sont des exemples des produits offerts pour le système NovaSeq 6000. Pour voir la liste complète, consultez le site www.illumina.com.

Analyse et interprétation des données

Les données tirées du système NovaSeq 6000 peuvent être transmises dans BaseSpace Sequence Hub, une plateforme infonuagique conviviale de génomique optimisée pour le traitement de grands volumes de données.

BaseSpace Sequence Hub simplifie la gestion, l'analyse et le stockage des données. À partir de là, les utilisateurs peuvent accéder à la plateforme Bio-IT DRAGEN^{MC} (pour Dynamic Read Analysis for GENomics) pour une analyse secondaire hautement précise et ultrarapide des données de séquençage nouvelle génération ou pour un accès à un éventail d'applications BaseSpace pour l'alignement et la détection des variants, l'annotation, la visualisation et plus. Pour les autres options d'analyse, y compris les pipelines internes, les logiciels du système NovaSeq génèrent les définitions des bases et les scores de qualité en fichiers FASTQ pour l'analyse en aval.

Pour aider avec l'interprétation des données, Illumina offre la suite logicielle TruSight^{MC} et l'engin de corrélation BaseSpace. La suite logicielle TruSight offre des outils intuitifs et complets pour visualiser, trier et interpréter les variants associés aux maladies génétiques. L'engin de corrélation BaseSpace intègre les données à la base de connaissances génomique mondiale à des fins de comparaison dans un vaste référentiel organisé d'ensembles de données publiques.

Résumé

Le système NovaSeq 6000 étend les possibilités de séquençage nouvelle génération pour tous les chercheurs. Grâce au débit ajustable inégalé, à une grande souplesse pour une vaste gamme d'applications et à l'uniformisation des opérations, le système NovaSeq 6000 est le système de séquençage à débit élevé le plus puissant d'Illumina à ce jour et il est parfaitement positionné pour aider les utilisateurs à révéler plus de choses que jamais sur le génome.

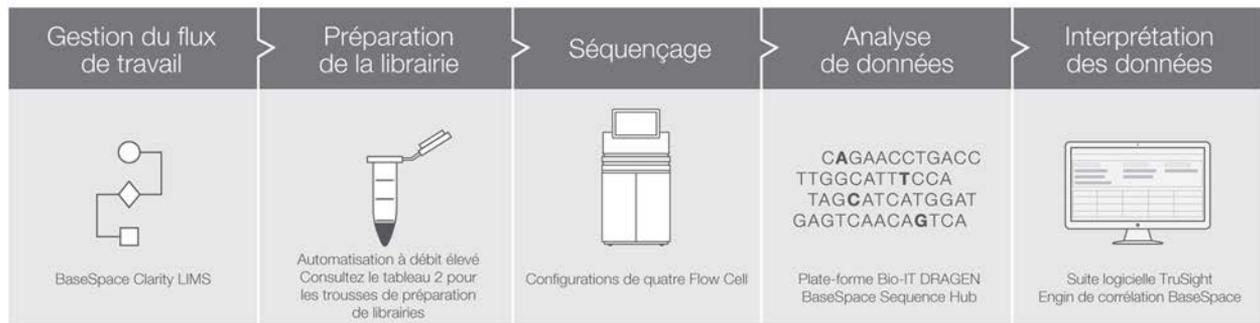


Figure 4 : Le système NovaSeq 6000 fait partie d'un flux de travail complet de séquençage : le système NovaSeq 6000 est compatible avec BaseSpace Clarity LIMS, l'ensemble des trousseaux de préparation de librairies d'Illumina, les méthodes qualifiées de soutien d'Illumina comme la plateforme Bio-IT DRAGEN et BaseSpace Sequence Hub ainsi que des outils d'interprétation de données comme la suite logiciel TruSight et l'engin de corrélation BaseSpace.

Spécifications du système NovaSeq 6000

Spécifications

Configuration de l'instrument

Affichage sur l'ordinateur et l'écran tactile
Configuration de l'installation et accessoires
Logiciel de collecte et d'analyse des données

Ordinateur de commande de l'instrument

Unité de base : Portwell WADE-8022 avec un CPU Intel i7 4700EQ
Mémoire : 2 x 8 Go DDR3L SODIMM. Disque dur : aucun
Disque à circuits intégrés : 256 Go mSATA. Système d'exploitation : Windows 10
Remarque : les configurations de l'ordinateur seront mises à jour régulièrement. Veuillez communiquer avec le gestionnaire de comptes local pour connaître la configuration en vigueur.

Environnement de fonctionnement

Température : de 19 °C à 25 °C (22 °C ±3 °C), < 2 °C de variation par heure
Humidité : humidité relative de 20 à 80 % sans condensation
Altitude : sous la barre des 2 000 mètres (6 500 pieds)
Aération : maximum de 8 530 BTU/h et moyenne de 6 000 BTU/h
Réservé à un usage en intérieur.

Laser

532 nm, 660 nm, 780 nm, 790 nm

Dimensions

L x P x H : 80,0 cm (31,5 po) x 94,5 cm (37,2 po) x 165,6 cm (65,2 po) avec l'écran. Poids : 481 kg (1 059 lb), comprend le plateau pour recueillir les fuites, de 3,5 kg (7,8 lb), et le clavier et la souris, de 0,9 kg (2 lb), poids avec emballage : 628 kg (1 385 lb)

Exigences d'alimentation

200 à 240 VCA, 50/60 Hz, 16 A, monophasé, 2 500 W
Illumina fournit des systèmes d'alimentation sans interruption propres aux différents régions.

Connexion réseau

Connexion dédiée de 1 Gb entre l'instrument et le système de gestion des données. Connexion établie directement ou connexion réseau.

Bande passante pour la connexion réseau

200 Mb/s par instrument pour les téléversements à l'intérieur du réseau
200 Mb/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument

Renseignements relatifs à la commande

Commandez les trousseaux de réactifs NovaSeq sur le site www.illumina.com

Système	N° de référence
Système NovaSeq 6000	20012850
Trousseaux de réactifs de séquençage	N° de référence
Trousse NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028401
Trousse NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20040719
Trousse NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028400
Trousse NovaSeq 6000 SP Reagent Kit v1.5 (500 cycles)	20028402
Trousse NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028319
Trousse NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028318
Trousse NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028317
Trousse NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (100 cycles)	20028316
Trousse NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028315
Trousse NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028314
Trousse NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (35 cycles)	20044417
Trousse NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (200 cycles)	20028313
Trousse NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit v1.5 (300 cycles)	20028312
Flux de travail NovaSeq Xp	N° de référence
Dock de Flow Cell NovaSeq Xp	20021663
Trousse à 2 lignes NovaSeq Xp 2-Lane Kit v1.5	20043130
Trousse à 4 lignes NovaSeq Xp 4-Lane Kit v1.5	20043131

En savoir plus

www.illumina.com/novaseq