

NovaSeq™ 6000-Sequenzierungssystem

Skalierbarer Durchsatz und Flexibilität für praktisch jedes Genom, jede Sequenzierungsmethode und jeden Projektumfang.

Vorteile

- **Skalierbare Plattform**
Anpassen der Datenausgabe, der Zeit bis zum Ergebnis und des Preises je Probe für jede Studie
- **Flexible Leistung**
Konfigurieren der Sequenzierungsmethode, des Fließzellentyps und der Read-Länge für eine breite Palette von Anwendungen
- **Optimierter Betrieb**
Höhere Laboreffizienz durch einen vereinfachten Workflow und geringeren manuellen Aufwand

Einleitung

Das NovaSeq 6000-System ([Abbildung 1](#)) läutet mit bahnbrechenden Innovationen eine neue Ära der Sequenzierung ein. Es bietet einen Durchsatz, eine Geschwindigkeit und eine Flexibilität, die es ermöglichen, Projekte erheblich schneller und wirtschaftlicher durchzuführen als jemals zuvor. Durch die Nutzung der bewährten NGS-Technologie (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) von Illumina sowie von mehreren Fließzellentypen, zwei Workflows für das Laden von Bibliotheken und verschiedenen Kombinationen von Read-Längen ermöglicht das NovaSeq 6000-System eine effektive Skalierung des Durchsatzes, um praktisch allen Studienanforderungen gerecht zu werden.

Anwendungen, die große Datenmengen erfordern, etwa die Gesamtgenom-Sequenzierung (Whole-Genome Sequencing – WGS), die ultratiefe Exom-Sequenzierung und das Tumor-/Normalproben-Profilieren, lassen sich nun kostengünstiger realisieren. Dasselbe Gerät kann auch für weniger datenintensive Methoden, wie die gezielte Resequenzierung, verwendet werden. Das individuelle Beladen von Lanes mit dem NovaSeq Xp-Workflow bietet zusätzliche Flexibilität, da in jeder Fließzellen-Lane unterschiedliche Bibliotheken sequenziert werden können. Der einfache Betrieb und die Integration mit Tools für die Datenspeicherung und -analyse, die zur Optimierung des Versuchsworkflows insgesamt beitragen, sind für jedes Projekt von Vorteil, unabhängig von dessen Umfang oder Zielsetzung. Ganz gleich, ob Sie nur ein einzelnes oder viele NGS-Systeme betreiben: Das NovaSeq 6000-System eröffnet ganz neue Möglichkeiten für eine breite Palette von Probenotypen, Sequenzierungsmethoden und Anwendungen.

Skalierbare Plattform

Das NovaSeq 6000-System bietet Zugang zu einer leistungsfähigen Hochdurchsatz-Genomiklösung und ermöglicht es Benutzern, den Durchsatz und den Preis je Probe für ihre Studien genau auf ihre Forschungsziele abzustimmen.



Abbildung 1: Das NovaSeq 6000-System – neue Maßstäbe in der Sequenzierung durch die Kombination von Durchsatz, Flexibilität und Benutzerfreundlichkeit für praktisch jede Methode, jedes Genom und jeden Umfang.

Abstimmung der Datenausgabe auf die Projektanforderungen

Das NovaSeq 6000-System bietet eine Ausgabeleistung von bis zu 6 Tb und 20 Mrd. Reads in weniger als 2 Tagen ([Tabelle 1](#), [Abbildung 2](#)). Verschiedene Kombinationen aus Fließzellentypen und Read-Längen ermöglichen flexible Ausgabe- und Laufzeitkonfigurationen basierend auf den Projektanforderungen.

Die Fließzellen NovaSeq S1* und S2 ermöglichen eine schnelle und leistungsfähige Sequenzierung für die meisten Anwendungen mit hohem Durchsatz. Mit weniger Reads als bei einer HiSeq™ 2500†- oder HiSeq 4000-Fließzelle und der Option, Lanes einzeln zu beladen, erleichtert die NovaSeq S1-Fließzelle Benutzern, die bereits mit dem HiSeq-System arbeiten, die Umstellung, ohne dass zusätzliche Proben pro Lauf erforderlich wären.

*NovaSeq S1-Reagenzien-Kits sind derzeit nicht erhältlich.

†Vergleichs-Reads für das HiSeq 2500-System basierend auf den Spezifikationen für die v4- (Hochleistungs-) Fließzelle.

Die NovaSeq S4-Fließzelle ermöglicht eine kostengünstige Gesamtgenom-Sequenzierung (Whole-Genome Sequencing, WGS) für unterschiedlichste Spezies und Abdeckungstiefen. Dadurch wird die interne Durchführung der WGS für mehr Labore attraktiv und erschwinglich.

Flexible Leistung

Das NovaSeq 6000-System bietet eine enorme Flexibilität bei den Sequenzierungsoptionen und unterstützt damit eine breite Palette von Anwendungen. Drei Fließzellentypen (S1, S2 und S4) können nach Belieben miteinander kombiniert und es können eine oder zwei Fließzellen gleichzeitig verwendet werden. Außerdem stehen mehrere Read-Längen zur Auswahl. So lassen sich die Ausgabe und der Probendurchsatz problemlos für jeden Sequenzierungslauf anpassen.

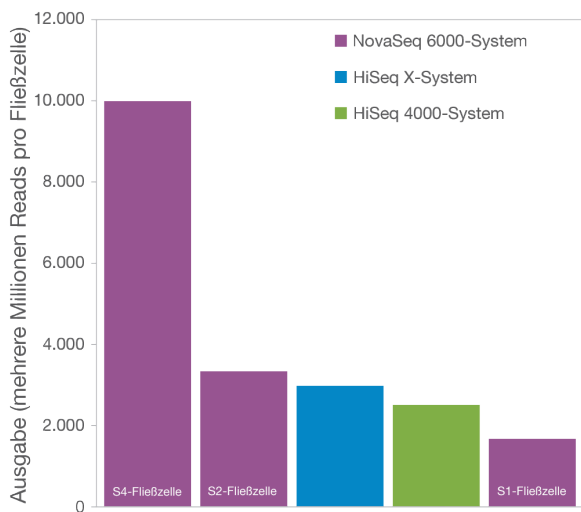


Abbildung 2: Das NovaSeq 6000-System bietet den größten Ausgabebereich – Das NovaSeq 6000-System generiert im Modus mit einer Fließzelle Daten von 134 Gb und 1,3 Mrd. Reads bis zu 3 Tb und 10 Mrd. Reads. Im Modus mit zwei Fließzellen ist eine Ausgabe von bis zu 6 Tb und 20 Mrd. Reads möglich. Durch die konfigurierbare Ausgabe eignet sich das NovaSeq 6000-System für eine breite Palette von Anwendungen.

Maximale Konfigurierbarkeit beim Laden der Bibliothek

Das NovaSeq 6000-System bietet zwei Methoden für das Laden der Fließzelle: den NovaSeq Xp- oder den Standard-Workflow.

NovaSeq Xp-Workflow

Der optionale NovaSeq Xp-Workflow ermöglicht es, jede Fließzellen-Lane einzeln zu beladen und unterschiedliche Projekte oder Methoden zwischen Lanes zu trennen. Der NovaSeq Xp-Workflow erlaubt zudem das Multiplexing der Proben innerhalb einer Lane, wodurch die Gesamtzahl der Proben pro Fließzelle maximiert werden kann (z. B. 96-Plex pro Lane in jeder der vier Lanes auf der NovaSeq S4-Fließzelle für insgesamt 384 Proben). Darüber hinaus erfordert dieses Multiplexing eine geringere DNA-Zugabe im Vergleich zum Standard-Workflow.

Tabelle 1: Spezifikationen der Fließzellen für das NovaSeq 6000-System

Fließzellentyp	S1	S2	S4
Lanes pro Fließzelle	2	2	4
Ausgabe pro Fließzelle^a			
2 × 50 bp	134–167 Gb	280–333 Gb	n. z. ^b
2 × 100 bp	266–333 Gb	560–667 Gb	n. z. ^b
2 × 150 bp	400–500 Gb	850–1.000 Gb	2.400–3.000 Gb
Single-Reads (Cluster nach Filterung)	1,3–1,6 Mrd.	2,8–3,3 Mrd.	8–10 Mrd.
Paired-End-Reads (Cluster nach Filterung)	2,6–3,2 Mrd.	5,6–6,6 Mrd.	16–20 Mrd.
Qualitäts-Scores^c			
2 × 50 bp		≥ 85 %	
2 × 100 bp		≥ 80 %	
2 × 150 bp		≥ 75 %	
Laufzeit^d			
2 × 50 bp	TBD	ca. 16 h	n. z. ^b
2 × 100 bp	TBD	ca. 25 h	n. z. ^b
2 × 150 bp	TBD	ca. 36 h	ca. 44 h

- a. Die Spezifikationen zu Ausgabe und Read-Anzahl basieren auf einer einzelnen Fließzelle unter Verwendung der Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek bei unterstützten Clusterdichten. Mit dem NovaSeq 6000-System können eine oder zwei Fließzellen gleichzeitig betrieben werden.
- b. n. z.: nicht zutreffend
- c. Die Qualitäts-Scores basieren auf einem Lauf mit den NovaSeq S2-Reagenzien-Kits auf dem NovaSeq 6000-System unter Verwendung einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren.
- d. Die Laufzeiten basieren auf der Durchführung mit zwei Fließzellen desselben Typs. Die Verwendung von zwei unterschiedlichen Fließzellen wirkt sich auf die Laufdauer aus. TBD = to be determined (noch festzulegen). Die Laufzeiten der S1-Fließzelle werden bei der Freigabe endgültig festgelegt.

Der NovaSeq Xp-Workflow ist separat erhältlich und kann alternativ zur im Gerät integrierten Standard-Clusterbildung verwendet werden. Er besteht aus dem NovaSeq Xp-Kit mit Reagenzien und einem Einweg-Manifold für das Laden der Proben sowie aus dem NovaSeq Xp Flow Cell Dock (der NovaSeq Xp-Fließzellenstation) mit den Fließzellen zum Laden. Der NovaSeq Xp-Workflow ist mit den Automatisierungsfunktionen kompatibel.

Standard-Workflow

Zum schnelleren Laden der Proben bietet das NovaSeq 6000-System den Standard-Workflow mit einer vollständig automatisierten und im Gerät integrierten Clusterbildung, womit der manuelle Aufwand geringer ist. Vorbereitete Bibliotheken werden direkt in ein Probenröhrchen geladen, das sich in einer vorkonfigurierten Reagenzienkartusche befindet. Diese wird zur vollständigen automatisierten Clusterbildung direkt in das System geladen.

Große Bandbreite an Sequenzierungsmethoden

Das NovaSeq 6000-System ist mit zahlreichen Bibliotheksvorbereitungs-Kits von Illumina kompatibel und unterstützt ein breites Spektrum von Methoden wie Expressions-Profiling, WGS und mehr (Tabelle 2).

Optimierter Betrieb

Das NovaSeq 6000-System verfügt über mehrere hochmoderne Funktionen für eine höhere Laboreffizienz (Abbildung 3):

- Load-and-go-Reagenzienkartuschen erfordern gegenüber den Systemen der HiSeq-Serie 80 % weniger Verbrauchsmaterialien
- Gebrauchsfertige Reagenzien erfordern keine andere Vorbereitung als das Auftauen, wodurch Eingriffe des Benutzers entfallen. Dadurch werden das Fehlerpotenzial reduziert und der Zeitaufwand für die Laufkonfiguration erheblich auf nur wenige Minuten verringert
- RFID-codierte Verbrauchsmaterialien ermöglichen eine automatisierte Verfolgung von Reagenzien und stellen die Kompatibilität aller Sequenzierungsreagenzien und Fließzellen sicher
- Das automatische Laden der Fließzellen und die im Gerät integrierte Clusterbildung minimieren den manuellen Aufwand

Hochmoderne Technologie

Das NovaSeq 6000-System stellt die bisher leistungsfähigste, einfachste, am besten skalierbare und zuverlässigste Hochdurchsatz-Sequenzierungsplattform von Illumina dar, die Daten höchster Qualität liefert. Der Gerät nutzt die bewährte Chemie zur Sequenzierung durch Synthese (Sequencing by Synthesis – SBS) von Illumina. Diese proprietäre Methode auf der Basis reversibler Terminatoren ermöglicht die massiv-parallele Sequenzierung von Milliarden von DNA-Fragmenten. Dabei werden einzelne Basen erkannt, während sie in wachsende DNA-Stränge eingebaut werden. Diese Methode reduziert deutlich Fehler und verpasste Calls in Verbindung mit Abfolgen wiederholter Nukleotide (Homopolymere).

Geniales Design

Das NovaSeq 6000-System verbindet Hochleistungsbildgebung mit der modernsten Technologie für strukturierte Fließzellen, wodurch der Durchsatz massiv erhöht wird. Das hochwertige Optikmodul sorgt für schnelles Scannen mit hoher Auflösung und trägt dazu bei, dass das NovaSeq 6000-System die Sequenzierungsplattform von Illumina mit dem bislang höchsten Durchsatz ist.

Tabelle 2: Beispiele häufig verwendeter Sequenzierungsmethoden

Gesamtgenom-Sequenzierung
TruSeq™ DNA PCR-Free (TruSeq DNA ohne PCR) ^a
Nextera™ DNA Flex ^b
Gezielte Resequenzierung
TruSeq Workflow with IDT Enrichment and Exome (TruSeq-Workflow mit IDT-Anreicherung und Exom) ^{cd}
Nextera Workflow with IDT Enrichment and Exome (Nextera-Workflow mit IDT-Anreicherung und Exom) ^{cd}
TruSeq RNA Exome Enrichment (TruSeq RNA-Exomanreicherung) ^{ef}
RNA-Sequenzierung
TruSeq Stranded Total RNA (TruSeq Stranded Gesamt-RNA) ^e
TruSeq Stranded mRNA ^e
Methylierungssequenzierung
TruSeq Methyl Capture EPIC ^c
Die aufgeführten Bibliotheksvorbereitungsmethoden sind nur einige, die für das NovaSeq 6000-System verfügbar sind. Eine vollständige Liste finden Sie unter www.illumina.com .
a. „Illumina Qualified“-Methode, die von Liquid-Handling-Systemen von Beckman, Eppendorf, Perkin Elmer und Tecan unterstützt wird
b. „Illumina Qualified“-Methode, die von Liquid-Handling-Systemen von Eppendorf und Hamilton unterstützt wird
c. Keine „Illumina Qualified“-Methoden verfügbar
d. IDT = Integrierte DNA-Technologien
e. „Illumina Qualified“-Methode, die von Liquid-Handling-Systemen von Beckman, Eppendorf, Hamilton, Perkin Elmer und Tecan unterstützt wird
f. Ehemalige Bezeichnung war „TruSeq RNA Access“

Die neu gestalteten NovaSeq-Fließzellen verbessern deutlich die strukturierten Fließzellen, die zum ersten Mal im HiSeq X-System Anwendung fanden. Jede Fließzelle enthält Milliarden von Nanowells an festen Positionen, was gleichmäßige Clusterabstände und eine einheitliche Funktionsgröße ermöglicht. NovaSeq-Fließzellen verringern den Abstand zwischen den Nanowells, sodass eine deutlich höhere Clusterdichte erreicht wird. Durch die höhere Clusterdichte in Kombination mit der proprietären Clusterbildung der Ausschlussamplifikation wird die Anzahl der Nanowells, die mit DNA-Clustern aus einer einzelnen DNA-Matrize belegt sind, maximiert, wodurch sich eine deutlich höhere Datenausgabe erzielen lässt.

Umfassendes Ökosystem für die Sequenzierung

Das NovaSeq 6000-System ist der Eckpfeiler eines Ökosystems für die Sequenzierung, das Workflow-Management, manuelle oder automatische Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung, Datenanalyse und -interpretation sowie Service und Support umfasst (Abbildung 4).

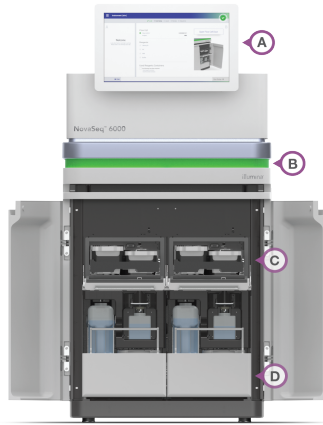


Abbildung 3: Einfacher Betrieb des NovaSeq 6000-Systems – Zahlreiche Merkmale des NovaSeq 6000-Systems sind speziell darauf ausgerichtet, genomische Studien zu vereinfachen. Hierzu zählen: a) eine intuitive Touchscreen-Benutzeroberfläche, b) ein beleuchtetes LED-Display, das den Fließzellenstatus angibt, c) einrastende Kartuschen mit gebrauchsfertigen Reagenzien und d) für die Entsorgung einfach zu entnehmende Abfallbehälter.

Laborinformations- und Managementsystem (LIMS)

Das NovaSeq 6000-System ist von Anfang an vollständig mit BaseSpace™ Clarity LIMS kompatibel. Mit einem LIMS können Labore dank einer umfassenden Verfolgung von Proben und Reagenzien, automatisierten Workflows sowie einem integrierten Gerätebetrieb die Betriebseffizienz steigern. BaseSpace Clarity LIMS bietet eine intuitive Benutzeroberfläche sowie vorkonfigurierte Workflows, die eine schnelle Implementierung für eine sofortige Prozessverfolgung und Skalierung ermöglichen. Das NovaSeq 6000-System kann auch mit eigenentwickelten und von Drittanbietern bereitgestellten LIMS integriert werden.

Automatische Bibliotheksvorbereitung

Illumina hat zusammen mit führenden Anbietern automatischer Liquid-Handling-Systeme verschiedene „Illumina Qualified“-Methoden entwickelt (Tabelle 2). Die Bezeichnung „Illumina Qualified“ bedeutet, dass mit diesen Methoden vorbereitete Bibliotheken hinsichtlich der Leistung mit manuell vorbereiteten Bibliotheken vergleichbar sind. „Illumina Qualified“-Methoden können in kürzester Zeit installiert und sofort in jedem Labor eingesetzt werden. Damit werden zeit- und kostenintensive Entwicklungsarbeiten vermieden. Durch die Automatisierung der Bibliotheksvorbereitung wird versuchsübergreifend eine höhere Einheitlichkeit erreicht, Fehler werden vermieden, der manuelle Aufwand wird verringert und ein höherer Durchsatz wird erzielt. Die Benutzer profitieren somit von der beispiellosen Produktivität des NovaSeq 6000-Systems.

Datenanalyse

Auf dem NovaSeq 6000-System generierte Daten können in BaseSpace Sequence Hub übertragen werden, eine benutzerfreundliche Plattform für Genomik-Cloud-Computing, die für die Verarbeitung großer Datenmengen ausgelegt ist. BaseSpace Sequence Hub vereinfacht die Datenverwaltung, -analyse und -speicherung. Die Datenanalyse-Tools umfassen das Alignment sowie die Erkennung, Annotation, Visualisierung und Interpretation von Varianten und das Calling somatischer Varianten.

Für weitere Analyseoptionen einschließlich interner Pipelines generiert die NovaSeq-Systemsoftware Base-Calls und Qualitäts-Scores in Echtzeit und speichert diese als *.cbcl-Dateien (per cycle base call, Base-Call pro Zyklus). Die im Lieferumfang enthaltene Software „bcl2fastq2“ wandelt die *.cbcl-Dateien in FASTQ-Dateien für die nachgeschaltete Analyse um.



Abbildung 4: Das NovaSeq 6000-System ist Teil eines umfassenden Ökosystems für die Sequenzierung – Das NovaSeq 6000-System ist mit BaseSpace Clarity LIMS, dem Portfolio der Bibliotheksvorbereitungs-Kits von Illumina, dem Illumina Qualified Methods-Support sowie mit BaseSpace Sequence Hub kompatibel. Dadurch steht ein einfacher, einheitlicher Workflow zur Verfügung, der die Sequenzierungsvorgänge vereinfacht.

Zusammenfassung

Das NovaSeq 6000-System erschließt allen Forschern umfangreichere Möglichkeiten der NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation). Mit einem beispiellos skalierbaren Durchsatz, enormer Flexibilität für eine breite Palette von Anwendungen sowie einem optimierten Betrieb ist das NovaSeq 6000-System das bisher leistungsfähigste Hochdurchsatz-Sequenzierungssystem von Illumina. Mit ihm sind die Benutzer bestens dafür aufgestellt, das Genom besser als je zuvor zu erforschen.

Weitere Informationen

Weitere Informationen über das NovaSeq 6000-System finden Sie unter www.illumina.com/novaseq

Bestellinformationen

System	Katalog-Nr.
NovaSeq 6000-System	20012850
Sequenzierungsreagenzien-Kits ^a	Katalog-Nr.
NovaSeq 6000 S1-Reagenzien-Kit (300 Zyklen)	20012863
NovaSeq 6000 S1-Reagenzien-Kit (200 Zyklen)	20012864
NovaSeq 6000 S1-Reagenzien-Kit (100 Zyklen)	20012865
NovaSeq 6000 S2-Reagenzien-Kit (300 Zyklen)	20012860
NovaSeq 6000 S2-Reagenzien-Kit (200 Zyklen)	20012861
NovaSeq 6000 S2-Reagenzien-Kit (100 Zyklen)	20012862
NovaSeq 6000 S4-Reagenzien-Kit (300 Zyklen)	20012866
NovaSeq Xp-Workflow	
NovaSeq Xp Flow Cell Dock (NovaSeq Xp-Fließzellenstation)	20021663
NovaSeq Xp 2-Lane-Kit	20021664
NovaSeq Xp 4-Lane-Kit	20021665

a. NovaSeq S1-Reagenzien-Kits sind derzeit nicht erhältlich.

Spezifikationen für das NovaSeq 6000-System

Spezifikationen

Gerätekonfiguration

Computer und Touchscreen-Anzeige
Installationseinrichtung und Zubehör
Datenerfassungs- und Analysesoftware

Gerätesteuerungscomputer

Basiseinheit: Portwell WADE-8022 mit Intel i7 4700EQ-CPU
Speicher: 2 x 8 GB DDR3L SODIMM
Festplatte: Keine
SSD: 256 GB mSATA
Betriebssystem: Windows

Hinweis: Die Computerkonfigurationen werden regelmäßig aktualisiert.
Die aktuelle Konfiguration erhalten Sie von Ihrem zuständigen Kundenbetreuer.

Betriebsbedingungen

Temperatur: 19 °C bis 25 °C (22 °C ± 3 °C), < Änderung von 2 °C pro Stunde
Luftfeuchtigkeit: 20–80 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend)
Höhe: unter 2.000 m
Belüftung: Maximal 8.530 BTU/h, durchschnittlich 6.000 BTU/h
Nur für den Innengebrauch.

Laser

532 nm, 660 nm, 780 nm, 790 nm

Abmessungen

B x T x H: 80,0 cm x 94,5 cm x 165,6 cm mit Monitor
Gewicht: 481 kg, einschließlich 3,5 kg für die Leckschale und 0,9 kg für Tastatur und Maus
Bruttogewicht: 628 kg

Leistungsbedarf

200–240 V Wechselstrom, 50/60Hz, 16 A, einphasig, 2.500 W
Eine landesspezifische unterbrechungsfreie Stromversorgung ist im Lieferumfang des Geräts enthalten.

Netzwerkverbindung

Verwenden Sie eine dedizierte 1-GB-Verbindung zwischen dem Gerät und dem Datenverwaltungssystem. Stellen Sie diese Verbindung direkt oder über einen Netzwerk-Switch her.

Bandbreite für Netzwerkverbindung

200 Mb/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads
200 Mb/s je Gerät für Netzwerk-Uploads im BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s je Gerät für Uploads von Betriebsdaten des Geräts