

Sistema de secuenciación NovaSeq™ 6000

Rendimiento y flexibilidad adaptables para prácticamente cualquier genoma, método de secuenciación y magnitud de proyecto

Puntos destacados

- **Plataforma adaptable**
Adapte la generación de datos, el tiempo hasta la obtención de resultados y el precio por muestra a las necesidades del estudio.
- **Rendimiento flexible**
Configure el método de secuenciación, el tipo de celda de flujo y la longitud de lectura para abarcar un rango de aplicaciones más amplio.
- **Funcionamiento optimizado**
Aumente la eficacia del laboratorio con un flujo de trabajo simplificado y un menor tiempo de participación activa.

Introducción

El sistema NovaSeq 6000 (Figura 1) establece una nueva era de secuenciación con sus revolucionarias innovaciones, que ofrece a los usuarios el rendimiento, la velocidad y la flexibilidad que necesitan para finalizar los proyectos con más rapidez y de forma más económica que nunca. Gracias a la tecnología probada de secuenciación de próxima generación (NGS, next generation sequencing) de Illumina, sus distintos tipos de celda de flujo, los dos flujos de trabajo de carga de bibliotecas y su variedad de combinaciones de longitudes de lectura, el sistema NovaSeq 6000 permite una adaptación eficaz de la productividad que permite satisfacer prácticamente cualquier necesidad de estudio.

Las aplicaciones que necesitan un gran volumen de datos, como la secuenciación del genoma humano completo (WGS), la secuenciación ultraprofunda de exomas y el establecimiento de perfiles tumorales y normales, ahora pueden llevarse a cabo con una mayor rentabilidad. El mismo instrumento puede utilizarse para métodos con menor volumen de datos, como la resecuenciación selectiva. La carga de carriles individual junto con el flujo de trabajo de NovaSeq Xp permite la secuenciación de distintas bibliotecas en cada carril de celda de flujo para una mayor flexibilidad. Cada proyecto, independientemente del tamaño u objetivo, se beneficiará de un funcionamiento e integración sencillos y de una integración perfecta con las herramientas de análisis y almacenamiento de datos, que ayudarán a optimizar todo el flujo de trabajo del experimento. Ya se realice este último en un único sistema NGS o en multitud de equipos, el sistema NovaSeq 6000 le brindará nuevas posibilidades para todo un abanico de aplicaciones, tipos de muestras y métodos de secuenciación.

*Los kits de reactivos S1 de NovaSeq no se encuentran disponibles actualmente.

†Lecturas de comparación del sistema HiSeq 2500 según las especificaciones de la celda de flujo v. 4 (rendimiento elevado)

Plataforma adaptable

El sistema NovaSeq 6000 le ofrece acceso a una solución de genómica potente y de alta productividad que capacita a los usuarios para que puedan realizar estudios con un rendimiento y precio por muestra que cumplen con los objetivos de su investigación.



Figura 1: Sistema NovaSeq 6000. Transforma la secuenciación al aunar rendimiento, flexibilidad y facilidad de uso con prácticamente cualquier método, genoma y magnitud.

Adecuación de la generación de datos a las necesidades del proyecto

El sistema NovaSeq 6000 ofrece un rendimiento de hasta 6 Tb y 20 000 millones de lecturas en menos de dos días (tabla 1, figura 2). Su variedad de combinaciones de longitud de lectura y tipos de celda de flujo ofrece configuraciones de rendimiento y duración del experimento flexibles según las necesidades del proyecto.

Las celdas de flujo NovaSeq S1* y S2 le ofrecen una secuenciación rápida y potente en la mayoría de aplicaciones que exigen un rendimiento elevado. Con un menor número de lecturas que con la celda de flujo de HiSeq™ 2500† o HiSeq 4000 y la flexibilidad que ofrece el flujo de trabajo de carga de carriles individual, la celda de flujo NovaSeq S1 permite que los usuarios con sistemas HiSeq puedan realizar la transición fácilmente sin necesidad de añadir muestras a cada experimento.

La celda de flujo NovaSeq S4 ofrece una WGS rentable para muchas especies y profundidades de cobertura distintas, y hace que cada vez resulte más interesante y asequible para los laboratorios hacer internamente los experimentos de WGS.

Rendimiento flexible

El sistema NovaSeq 6000 ofrece una gran flexibilidad en cuanto a las opciones de secuenciación, lo que le permitirá realizar sus estudios en una amplia variedad de aplicaciones. Los usuarios pueden combinar y emparejar los tres tipos de celdas de flujo (S1, S2 o S4), procesar una o dos celdas de flujo a la vez y elegir entre varias longitudes de lectura para ajustar cómodamente el rendimiento y la productividad de muestras a cada experimento de secuenciación.

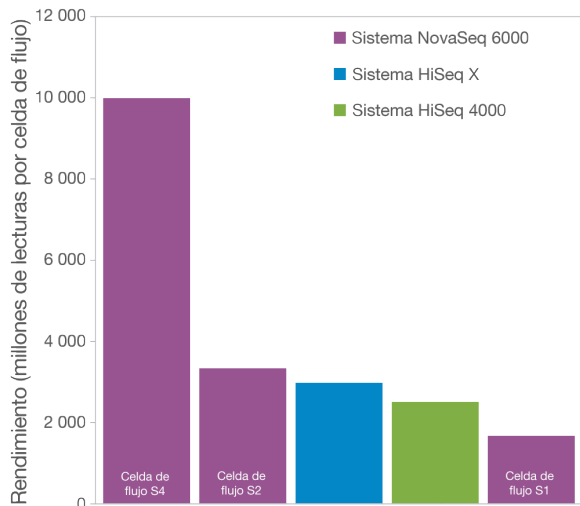


Figura 2: El sistema NovaSeq 6000 ofrece la gama de rendimiento más amplia. El sistema NovaSeq 6000 genera desde 134 Gb y 1300 millones de lecturas hasta 3 Tb y 10 000 millones de lecturas de datos en el modo de una sola celda de flujo. Con una doble celda de flujo, el rendimiento puede llegar a los 6 Tb y los 20 000 millones de lecturas. El rendimiento personalizable hace que el sistema NovaSeq 6000 sea apto para una amplia variedad de aplicaciones.

Maximización de la capacidad de configuración de la carga de bibliotecas

El sistema NovaSeq 6000 ofrece dos métodos para la carga de celda de flujo: el flujo de trabajo NovaSeq Xp o el flujo de trabajo estándar.

Flujo de trabajo de NovaSeq Xp

Con el flujo de trabajo opcional NovaSeq Xp, los usuarios pueden cargar cada carril de celda de flujo de forma individual para separar distintos proyectos o métodos entre carriles. Este flujo de trabajo también permite a los usuarios multiplexar muestras en un carril, con el objetivo de maximizar el número total de muestras por celda de flujo (p.ej., 96 duplicaciones por carril en cada uno de los cuatro carriles, en una celda de flujo S4 de NovaSeq para un total de 384 muestras).

Tabla 1: Especificaciones de la celda de flujo del sistema NovaSeq 6000

Tipo de celda de flujo	S1	S2	S4
Carriles por celda de flujo	2	2	4
Productividad por celda de flujo^a			
2 × 50 pb	De 134 a 167 Gb	De 280 a 333 Gb	ND ^b
2 × 100 pb	De 266 a 333 Gb	De 560 a 667 Gb	ND ^b
2 × 150 pb	De 400 a 500 Gb	De 850 a 1000 Gb	De 2400 a 3000 Gb
Lecturas únicas (grupos que superan el filtro)	De 1300 millones a 1600 millones	De 2800 millones a 3300 millones	De 8000 millones a 10 000 millones
Lecturas "paired-end" (grupos que superan el filtro)	De 2600 a 3200 millones	De 5600 a 6600 millones	De 16 000 a 20 000 millones
Puntuaciones de calidad^c			
2 × 50 pb		≥85 %	
2 × 100 pb		≥80 %	
2 × 150 pb		≥75 %	
Duración del experimento^d			
2 × 50 pb	pendiente de determinar	~16 h	ND ^b
2 × 100 pb	pendiente de determinar	~25 h	ND ^b
2 × 150 pb	pendiente de determinar	~36 h	~44 h

- Las especificaciones de número de lecturas y rendimiento se basan en un modo de funcionamiento con una sola celda de flujo gracias a la biblioteca de control PhiX de Illumina con densidades de grupos compatibles. El sistema NovaSeq 6000 puede procesar una o dos muestras de forma simultánea.
- ND: no disponible.
- Las puntuaciones de calidad se basan en un experimento con los kits de reactivos S2 de NovaSeq en el sistema NovaSeq 6000 con una biblioteca de control PhiX de Illumina. El rendimiento puede variar en función del tipo de biblioteca y su calidad, el tamaño del fragmento, la concentración de la carga y otros factores del experimento.
- Los tiempos de análisis se basan en el procesamiento de dos celdas de flujo del mismo tipo. Iniciar dos tipos distintos de celda de flujo influirá en la duración del experimento. TBD = pendiente de determinar. Los tiempos de análisis para la celda de flujo S1 finalizarán en la publicación.

Otra ventaja que ofrece este multiplexado es que reduce la cantidad de entrada de ADN necesaria, en comparación con el flujo de trabajo estándar.

El flujo de trabajo NovaSeq Xp (disponible por separado) es una alternativa a la generación de grupos integrada en el instrumento estándar. Se compone de un kit NovaSeq Xp que contiene reactivos y un distribuidor desechable para cargar las muestras, y la plataforma de la celda de flujo NovaSeq Xp que contiene las celdas de flujo que se van a cargar. Este flujo de trabajo es compatible con la automatización.

Flujo de trabajo estándar

Para cargar las muestras con más rapidez, el sistema NovaSeq 6000 ofrece el flujo de trabajo estándar con generación de grupos integrada en el instrumento totalmente automatizada, para reducir el tiempo de participación activa. Las bibliotecas preparadas se cargan directamente en un tubo de muestra que se acopla al cartucho de reactivos preconfigurado, el cual se carga directamente en el sistema para la generación de grupos totalmente automatizada.

Amplia gama de métodos de secuenciación

El sistema NovaSeq 6000 es compatible con distintos kits de preparación de bibliotecas de Illumina y admite una amplia variedad de métodos, desde el establecimiento de perfiles de expresiones hasta la WGS, y muchas aplicaciones más (Tabla 2).

Funcionamiento optimizado

El sistema NovaSeq 6000 cuenta con varias funciones avanzadas que permiten aumentar la eficiencia del laboratorio (Figura 3):

- Los cartuchos de reactivos listos para cargar y procesar representan una reducción del 80 % en consumibles, en comparación con la serie de sistemas HiSeq.
- Los reactivos no precisan preparación, excepto la descongelación, con la consiguiente eliminación de la necesidad de que intervenga el usuario, la minimización de las probabilidades de error y la considerable reducción del tiempo de configuración del experimento a minutos.
- Los consumibles codificados mediante identificación de radiofrecuencia (RFID) permiten una trazabilidad de reactivos automatizada y garantizan la compatibilidad con todos los reactivos de secuenciación y celdas de flujo.
- La carga de celdas de flujo automatizada y la generación de grupos integrada en el instrumento minimizan el tiempo de participación activa.

Tecnología innovadora

El sistema NovaSeq 6000 representa la plataforma de secuenciación de alto rendimiento más potentes, sencillas, flexibles y fiables de Illumina hasta la fecha, con una excelente calidad de datos. El instrumento se basa en un proceso químico probado de Illumina de secuenciación por síntesis (SBS, sequencing by synthesis). Este método patentado basado en terminadores reversibles permite secuenciar en paralelo a gran escala miles de millones de fragmentos de ADN y detectar bases individuales a medida que se incorporan a las cadenas de ADN en crecimiento. Este método reduce de forma significativa los errores y las llamadas omitidas asociadas a las cadenas con nucleótidos repetidos (homopolímeros).

Tabla 2: Ejemplos de métodos de secuenciación habituales

Secuenciación del genoma completo
ADN sin PCR TruSeq™ ^a
Kit flexible de ADN Nextera™ ^b
Resecuenciación selectiva
Flujo de trabajo TruSeq con proceso de enriquecimiento IDT y de Exome ^{cd}
Flujo de trabajo Nextera con proceso de enriquecimiento IDT y de Exome ^{cd}
TruSeq para secuenciación de ARN con enriquecimiento de Exome ^{ef}
Secuenciación de ARN
ARN total monocatenario TruSeq ^g
ARNm monocatenario TruSeq ^g
Secuenciación de metilación
TruSeq Methyl Capture EPIC ^c
Los métodos de preparación de bibliotecas indicados son solo algunos ejemplos de los métodos que están disponibles con el sistema NovaSeq 6000. Para consultar la lista completa, visite www.illumina.com .
a. Método acreditado por Illumina compatible con sistemas de manipulación de líquidos Beckman, Eppendorf, Perkin Elmer y Tecan
b. Método acreditado por Illumina compatible con los sistemas de manipulación de líquidos Eppendorf y Hamilton
c. No hay métodos acreditados por Illumina disponibles
d. IDT = tecnologías de ADN integradas
e. Método acreditado por Illumina compatible con sistemas de manipulación de líquidos Beckman, Eppendorf, Hamilton, Perkin Elmer y Tecan
f. Antes conocido como TruSeq RNA Access

Diseño ingenioso

El sistema NovaSeq 6000 aúna la tecnología de adquisición de imágenes de alto rendimiento con la última generación de la tecnología de celda de flujo de tramas para ofrecer un aumento colosal de la productividad. El sistema óptico superior ofrece un escaneado de alta resolución y a alta velocidad, que contribuye a que el sistema NovaSeq 6000 sea la plataforma de secuenciación de Illumina con el máximo rendimiento hasta la fecha.

Las celdas de flujo NovaSeq rediseñadas suponen una considerable mejora en relación a las celdas de flujo de tramas, que se integraron por primera vez en el sistema HiSeq X. Cada celda de flujo contiene miles de millones de nanopocillos en ubicaciones fijas para una separación regular de grupos y un tamaño uniforme del dispositivo. Las celdas de flujo NovaSeq reducen la distancia entre los nanopocillos, lo que aumenta de manera significativa la densidad de grupos. La combinación de este aumento en la densidad de grupos con el método patentado de generación de grupos de amplificación por exclusión maximiza el número de nanopocillos ocupados por los grupos de ADN que provienen de una sola plantilla de ADN, lo que aumenta significativamente la obtención de datos.

Ecosistema de secuenciación integral

El sistema NovaSeq 6000 constituye la piedra angular de un ecosistema de secuenciación que compagina la gestión de los flujos de trabajo, la preparación manual o automatizada de bibliotecas, la secuenciación, la interpretación y el análisis de datos, y la asistencia y el servicio técnico (Figura 4).

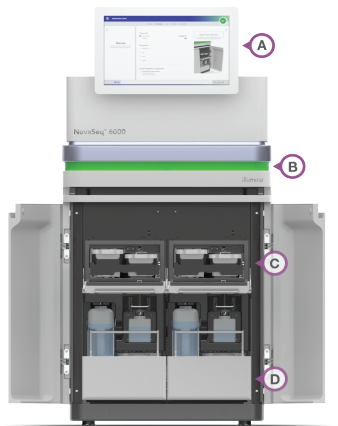


Figura 3: El sistema NovaSeq 6000 permite un manejo más sencillo. Muchas características de la serie NovaSeq se han diseñado para simplificar los estudios genómicos; algunas de ellas son: A) una interfaz de pantalla táctil intuitiva; B) una pantalla LED iluminada que indica el estado de la celda de flujo; C) unos cartuchos encajables que contienen reactivos listos para usar, y D) un contenedor de residuos que se retira fácilmente para deshecharlo.

Sistema de gestión de información de laboratorios (LIMS)

El sistema NovaSeq 6000 es totalmente compatible, desde el primer momento, con BaseSpace™ Clarity LIMS. Al utilizar un LIMS, los laboratorios pueden mejorar la eficiencia operativa con un seguimiento integral de las muestras y los reactivos, con flujos de trabajo automatizados y con el uso de un instrumento integrado. BaseSpace Clarity LIMS ofrece una interfaz de usuario intuitiva y unos flujos de trabajo preconfigurados que permiten una adopción rápida para adaptar y supervisar los procesos de inmediato. El sistema NovaSeq 6000 también se puede integrar con LIMS de terceros y desarrollados por el usuario.

Preparación automatizada de bibliotecas

Ilumina ha colaborado con proveedores de sistemas automatizados de manipulación de líquidos líderes del sector para desarrollar varios métodos “acreditados por Illumina” (Tabla 2). La designación “acreditados por Illumina” significa que las bibliotecas preparadas con estos métodos ofrecen un rendimiento similar al de aquellas preparadas manualmente. Los métodos acreditados por Illumina pueden instalarse rápidamente para usarlos de inmediato en cualquier laboratorio, lo que reduce al máximo los costosos y tediosos trabajos de desarrollo. La automatización de la preparación de bibliotecas aumenta la uniformidad en los experimentos, minimiza el número de errores, reduce el tiempo de participación activa y permite una mayor productividad. Así los usuarios sacan el máximo partido a la inigualable productividad del sistema NovaSeq 6000.

Análisis de datos

Los datos generados a partir del sistema NovaSeq 6000 pueden optimizarse directamente en BaseSpace Sequence Hub, una plataforma informática de genómica en la nube fácil de usar, optimizada para procesar grandes volúmenes de datos. BaseSpace Sequence Hub ofrece una gestión de los datos simplificada, análisis y soluciones de almacenamiento. Las herramientas de análisis de datos incluyen la alineación y la detección, la anotación, la visualización, la interpretación y la llamada de variantes somáticas.

Para otras opciones de análisis, entre las que se incluyen los procesos internos, el software del sistema NovaSeq genera llamadas de bases y puntuaciones de calidad en tiempo real y las guarda como archivos de llamadas de bases por ciclo (*.cbcl). El software bcl2fastq2 incluido convierte los archivos *.cbcl en archivos FASTQ para análisis sucesivos.

Resumen

El sistema NovaSeq 6000 amplía las posibilidades de la NGS para todos los investigadores. Con un rendimiento adaptable sin parangón, una gran flexibilidad para abarcar una amplia gama de aplicaciones y un funcionamiento optimizado, el sistema NovaSeq 6000 es el sistema de secuenciación de alto rendimiento de Illumina más potente hasta la fecha y está perfectamente orientado a ayudar a los usuarios a descubrir más sobre el genoma que nunca.

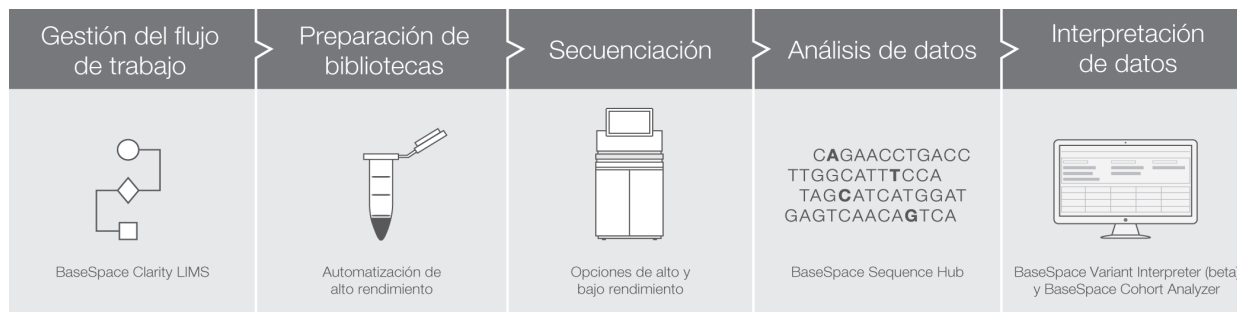


Figura 4: El sistema NovaSeq 6000 forma parte de un ecosistema de secuenciación integral. El sistema NovaSeq 6000 es compatible con BaseSpace Clarity LIMS, la gama de kits de preparación de bibliotecas de Illumina, los métodos acreditados por Illumina y BaseSpace Sequence Hub. Gracias a ello, se simplifican las operaciones de secuenciación con un flujo de trabajo único y unificado.

Información adicional

Para obtener más información sobre el sistema NovaSeq 6000, visite www.illumina.com/novaseq

Datos para realizar pedidos

Sistema	N.º de catálogo
Sistema NovaSeq 6000	20012850
Kits de reactivos de secuenciación ^a	N.º de catálogo
Kit de reactivos S1 de NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012863
Kit de reactivos S1 de NovaSeq 6000 (200 ciclos)	20012864
Kit de reactivos S1 de NovaSeq 6000 (100 ciclos)	20012865
Kit de reactivos S2 de NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012860
Kit de reactivos S2 de NovaSeq 6000 (200 ciclos)	20012861
Kit de reactivos S2 de NovaSeq 6000 (100 ciclos)	20012862
Kit de reactivos S4 de NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012866
Flujo de trabajo de NovaSeq Xp	
Plataforma de la celda de flujo de NovaSeq Xp	20021663
Kit de 2 carriles de NovaSeq Xp	20021664
Kit de 4 carriles de NovaSeq Xp	20021665

a. Los kits de reactivos S1 de NovaSeq no se encuentran comercialmente disponibles.

Especificaciones del sistema NovaSeq 6000

Especificaciones

Configuración del instrumento

Ordenador y pantalla táctil
Configuración de la instalación y accesorios
Software de análisis y recopilación de datos

Ordenador de control del instrumento

Unidad base: Portwell WADE-8022 con CPU Intel i7 4700EQ
Memoria: dos unidades DDR3L SODIMM de 8 GB
Disco duro: ninguno
Unidad de estado sólido: mSATA de 256 GB
Sistema operativo: Windows
Nota: Las configuraciones del ordenador se actualizarán periódicamente.
Póngase en contacto con el comercial regional para conocer su configuración actual.

Entorno operativo

Temperatura: de 19 a 25 °C (22 ± 3 °C), cambio < 2 °C por hora
Humedad: humedad relativa sin condensación del 20 al 80 %
Altitud: inferior a 2000 metros (6500 pies)
Ventilación: máxima de 8530 BTU/h y media de 6000 BTU/h
Para uso exclusivo en interiores.

Láser

532 nm, 660 nm, 780 nm y 790 nm

Dimensiones

Altura x anchura x profundidad: 80,0 cm x 94,5 cm x 165,6 cm (31,5 in x 37,2 in x 65,2 in) con monitor
Peso: 481 kg (1059 lb), incluye 3,5 kg (7,8 lb) de la bandeja de pérdidas y 0,9 kg (2 lb) del teclado y el ratón
Peso con el embalaje: 628 kg (1385 lb)

Requisitos de alimentación

200-240 V CA a 50/60 Hz, 16 A, monofase, 2500 W
Illumina incorpora un sistema de alimentación ininterrumpida específico de cada zona

Conexión de red

Conexión de 1 Gb entre el instrumento y su sistema de gestión de datos.
Realice la conexión directamente o a través de un interruptor de red.

Ancho de banda para la conexión de red

200 Mb/s/instrumento para cargas de red interna
200 Mb/s/instrumento para cargas de red de BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s/instrumento para cargas de datos operativos del instrumento