

Systeme de séquençage NovaSeq 6000^{MC}

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

Points forts

- **Plateforme ajustable**

Ajustez le rendement des données, le délai d'obtention des résultats et le prix par échantillon aux besoins de l'étude.

- **Exécution souple**

Configurez la méthode de séquençage, le type de Flow Cell et 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. Il est possible d'employer le même instrument pour appliquer des méthodes qui prennent moins de données, notamment le reséquençage ciblé. Le chargement de lignes individuelles et le flux de travail NovaSeq Xp permettent le séquençage de librairies différentes dans chacune des lignes de Flow Cell, pour une plus grande polyvalence. 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. Il 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 G de lectures en moins de deux jours (tableau 1, figure 2). 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.

Les Flow Cell NovaSeq 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, la Flow Cell NovaSeq S1 permet aux utilisateurs du système HiSeq de passer facilement à ce nouvel outil sans avoir à regrouper un lot d'échantillons additionnels par analyse.

Étant donné que la Flow Cell NovaSeq S4 permet le séquençage économique du génome entier pour un éventail d'espèces et de

*Les trousseaux de réactifs NovaSeq S1 ne sont pas disponibles actuellement.

†Lectures de comparaison pour le système HiSeq 2500 fondées sur les spécifications de la Flow Cell v4 (débit élevé).

profondeurs de lecture, les laboratoires seront nombreux à trouver attrayant et abordable le séquençage du génome entier dans leurs propres locaux.

Exécution souple

Le système NovaSeq 6000 offre des options de séquençage extrêmement souples pour une vaste gamme d'applications. Les utilisateurs peuvent choisir parmi les trois types de Flow Cell (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.

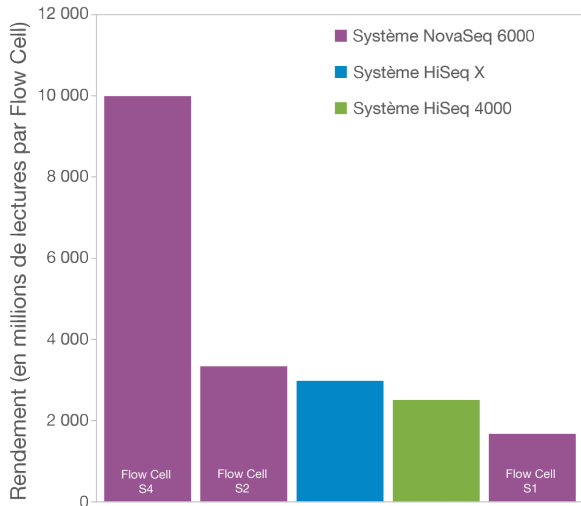


Figure 2 : Le système NovaSeq 6000 offre la gamme de rendements la plus vaste. Le système NovaSeq 6000 produit de 134 Gb et 1,3 G de lectures à 3 Tb et 10 G de lectures de données en mode Flow Cell simple. Le mode double Flow Cell permet un rendement pouvant atteindre 6 Tb et 20 G de lectures. Le rendement ajustable permet d'employer le système NovaSeq 6000 dans une vaste gamme d'applications.

Optimisation de la configurabilité 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 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.

Tableau 1 : Spécifications des Flow Cell du système NovaSeq 6000

Type de Flow Cell	S1	S2	S4
Lignes par Flow Cell	2	2	4
Rendement par Flow Cell^a			
2 × 50 pb	134 à 167 Gb	280 à 333 Gb	s. o. ^b
2 × 100 pb	266 à 333 Gb	560 à 667 Gb	s. o. ^b
2 × 150 pb	400 à 500 Gb	850 à 1 000 Gb	2 400 à 3 000 Gb
Lectures uniques (amplifiats passant le filtre)			
	1,3 à 1,6 G	2,8 à 3,3 G	8 à 10 G
Lectures appariées (amplifiats passant le filtre)			
	2,6 à 3,2 G	5,6 à 6,6 G	16 à 20 G
Scores de qualité^c			
2 × 50 pb	≥ 85 %		
2 × 100 pb	≥ 80 %		
2 × 150 pb	≥ 75 %		
Durée de l'analyse^d			
2 × 50 pb	À déterminer	~ 16 heures	s. o. ^b
2 × 100 pb	À déterminer	~ 25 heures	s. o. ^b
2 × 150 pb	À déterminer	~ 36 heures	~ 44 heures

- 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.
- s. o. : sans objet.
- Les scores de qualité sont fondés sur les trousse de réactifs NovaSeq S2 analysées 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.
- 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. La durée de l'analyse de la Flow Cell S1 sera confirmée lors du lancement.

Le flux de travail NovaSeq Xp, accessible séparément, est 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.

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 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 possibilités d'erreurs et diminuent considérablement la durée de configuration des analyses, qui ne prennent plus que quelques minutes.
- 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.

Technologie de pointe

Le système NovaSeq 6000 est la plateforme de séquençage à débit élevé d'Illumina la plus puissante, la plus simple, la plus ajustable et la plus fiable sur le marché; elle 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).

Conception ingénieuse

Le système NovaSeq 6000 allie l'imagerie de haute performance à la toute dernière technologie structurée de Flow Cell nouvelle génération 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.

Tableau 2 : Exemples de méthodes de séquençage courantes

Séquençage du génome entier
TruSeq ^{MC} DNA PCR-Free ^a
Nextera ^{MC} DNA Flex ^b
Reséquençage ciblé
Flux de travail TruSeq avec enrichissement et exome d'IDT ^{cd}
Flux de travail Nextera avec enrichissement et exome d'IDT ^{cd}
Exome et enrichissement d'ARN TruSeq ^{ef}
Séquençage d'ARN
ARN total à brins TruSeq ^e
ARNm à brins TruSeq ^e
Séquençage de méthylation
Trousse TruSeq Methyl Capture EPIC ^c

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.

- Méthode d'Illumina qualifiée, prise en charge par les systèmes de manipulation de liquides Beckman, Eppendorf, Perkin Elmer et Tecan
- Méthode d'Illumina qualifiée, prise en charge par les systèmes de manipulation de liquides Eppendorf et Hamilton
- Aucune méthode d'Illumina qualifiée n'est offerte
- IDT = Integrated DNA Technologies
- Méthode d'Illumina qualifiée, prise en charge par les systèmes de manipulation de liquides Beckman, Eppendorf, Hamilton, Perkin Elmer et Tecan
- Anciennement connu sous le nom de TruSeq RNA Access

La conception revue des Flow Cell NovaSeq s'appuie sur les Flow Cell structurées déployées d'abord sur le système HiSeq X. Chaque Flow Cell 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.

Écosystème 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).

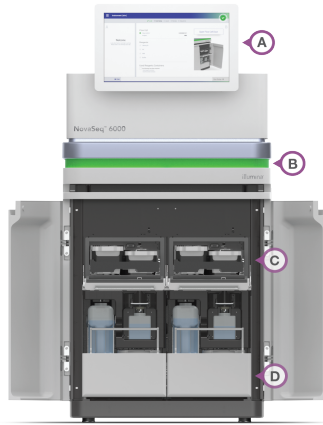


Figure 3 : Le fonctionnement du système NovaSeq 6000 est simple. De nombreuses fonctions du système NovaSeq 6000 sont conçues pour simplifier les études génomiques : (A) interface intuitive sur écran tactile, (B) affichage à DEL pour indiquer l'état des Flow Cell, (C) cartouches à chargement instantané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

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 tierces 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.

Analyse des données

Les données tirées du système NovaSeq 6000 peuvent être transmises dans le BaseSpace Sequence Hub, une plateforme infonuagique conviviale de génomique optimisée pour le traitement de grands volumes de données. Le BaseSpace Sequence Hub simplifie la gestion, l'analyse et le stockage des données. Les outils d'analyse des données comprennent l'alignement et la détection, l'annotation, la visualisation et l'interprétation des variants et la définition des variants somatiques.

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 temps réel sous forme de fichiers de définitions des bases par cycle (*.cbcl). Le logiciel bcl2fastq2, inclus dans l'appareil, traduit les fichiers *.cbcl en fichiers FASTQ aux fins des analyses en aval.

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.

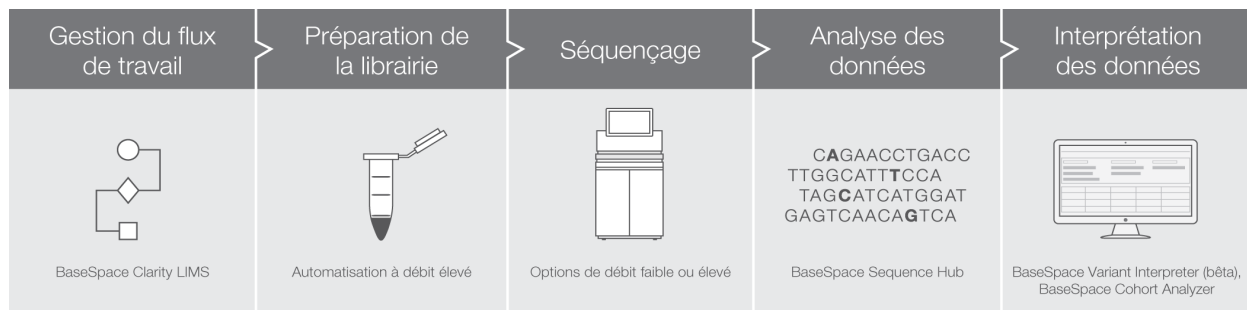


Figure 4 : Le système NovaSeq 6000 fait partie d'un écosystème exhaustif de séquençage. Le système NovaSeq 6000 est compatible avec BaseSpace Clarity LIMS, l'ensemble des trousseaux de préparation de librairies d'Illumina, les méthodes qualifiées de soutien d'Illumina et le BaseSpace Sequence Hub, ce qui simplifie les fonctions de séquençage grâce à un flux de travail simple et cohérent.

En savoir plus

Pour obtenir de plus amples renseignements sur le système NovaSeq 6000, veuillez consulter le site www.illumina.com/novaseq.

Renseignements relatifs à la commande

Système	N° de référence
Système NovaSeq 6000	20012850
Trousses de réactifs de séquençage ^a	N° de référence
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S1 (300 cycles)	20012863
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S1 (200 cycles)	20012864
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S1 (100 cycles)	20012865
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S2 (300 cycles)	20012860
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S2 (200 cycles)	20012861
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S2 (100 cycles)	20012862
Trousse de réactifs NovaSeq 6000 S4 (300 cycles)	20012866
Flux de travail NovaSeq Xp	
Dock de Flow Cell NovaSeq Xp	20021663
Trousse à 2 lignes NovaSeq Xp	20021664
Trousse à 4 lignes NovaSeq Xp	20021665

a. Les trousse de réactifs NovaSeq S1 ne peuvent pas être commandées à l'heure actuelle.

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

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 emballé : 628 kg (1 385 lb)

Exigences d'alimentation

200 à 240 V CA, 50/60 Hz, 16 A, monophasé, 2 500 W

Illumina fournit des systèmes d'alimentation sans interruption propres aux différentes régions.

Connexion réseau

Connexion dédiée de 1 Gb entre l'instrument et le système de gestion des données. Connexion établie directement ou à l'aide d'un commutateur 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