

Sistema de Sequenciamento NovaSeq™ 6000

Produtividade e flexibilidade escalonáveis para praticamente qualquer genoma, método de sequenciamento e escala de projeto.

Destaques

- **Plataforma escalonável**
Combine saída de dados, tempo para os resultados e preço por amostra com as necessidades do estudo
- **Desempenho flexível**
Configure o método de sequenciamento, o tipo de lâmina de fluxo e a duração da leitura para obter compatibilidade com uma ampla variedade de aplicações
- **Operação simplificada**
Aumente a eficiência no laboratório com um fluxo de trabalho simplificado e menos tempo de trabalho efetivo

Introdução

O sistema NovaSeq 6000 (Figura 1) inicia uma nova era no sequenciamento com inovações revolucionárias, oferecendo aos usuários produtividade, velocidade e flexibilidade para concluir projetos com maior rapidez e economia que nunca. Aproveitando a tecnologia comprovada de sequenciamento da Illumina, de última geração (NGS, next-generation sequencing), vários tipos de lâmina de fluxo, dois fluxos de trabalho de carregamento de bibliotecas e várias combinações de duração da leitura, o sistema NovaSeq 6000 possibilita o escalonamento da produtividade para suprir praticamente qualquer necessidade do estudo.

As aplicações que exigem grandes volumes de dados, como o sequenciamento completo do genoma humano (WGS, whole-genome sequencing), o sequenciamento ultraprofundo do exoma e o perfilamento de tumores e células normais, agora podem ser concluídas de modo muito mais econômico. O mesmo instrumento pode ser usado em métodos que requerem menos dados, como o ressequenciamento direcionado. O carregamento de cavidades individuais com o fluxo de trabalho NovaSeq Xp possibilita o sequenciamento de várias bibliotecas em cada cavidade da lâmina de fluxo para proporcionar mais flexibilidade. Cada projeto, independentemente do tamanho ou da meta, aproveitará a facilidade de operação e integração com as ferramentas de armazenamento de dados e de análise que ajudam a simplificar o fluxo de trabalho experimental em geral. Executando um único sistema NGS ou um conjunto de sistemas, o NovaSeq 6000 abre novas possibilidades em uma ampla variedade de tipos de amostras, métodos de sequenciamento e aplicações.

Plataforma escalonável

O sistema NovaSeq 6000 oferece acesso a uma poderosa solução de genômica de alta produtividade que capacita os usuários a realizar estudos com a produtividade e o preço por amostra que atendem a seus objetivos de pesquisa.



Figura 1: O sistema NovaSeq 6000 – Transformando o sequenciamento e combinando produtividade, flexibilidade e facilidade de uso para praticamente qualquer método, genoma e escala.

Combine a saída de dados com as necessidades do projeto

O sistema NovaSeq 6000 oferece saídas com leituras de até 6 Tb e 20 B em < 2 dias (Tabela 1, Figura 2). As várias combinações de tipos de lâmina de fluxo e duração da leitura oferecem configurações flexíveis de saída e tempo de execução com base nas necessidades do projeto.

As lâminas de fluxo NovaSeq S1* e S2 oferecem um sequenciamento rápido e potente para a maioria das aplicações de alta produtividade. Com menos leituras que uma lâmina de fluxo HiSeq™ 2500† ou HiSeq 4000 e a flexibilidade do carregamento individual de cavidades, a lâmina de fluxo NovaSeq S1 proporciona uma fácil transição para os usuários do sistema HiSeq, sem a necessidade de criar lotes de amostras adicionais por execução.

A lâmina de fluxo NovaSeq S4 possibilita um WGS econômico em uma variedade de espécies e profundidades de cobertura, tornando os estudos internos de WGS uma opção atrativa e econômica para mais laboratórios.

*Os kits de reagentes NovaSeq S1 não estão disponíveis no momento.

†Comparações de leitura para o sistema HiSeq 2500 com base nas especificações da lâmina de fluxo v4 (alto fluxo).

Desempenho flexível

O sistema NovaSeq 6000 oferece uma enorme flexibilidade nas opções de sequenciamento, sendo compatível com uma ampla variedade de aplicações. Os usuários podem combinar e adaptar três tipos de lâminas de fluxo (S1, S2 ou S4), executar uma ou mais lâminas de fluxo de uma só vez e escolher entre várias durações de leitura para ajustar facilmente a saída e a produtividade das amostras para cada execução de sequenciamento.

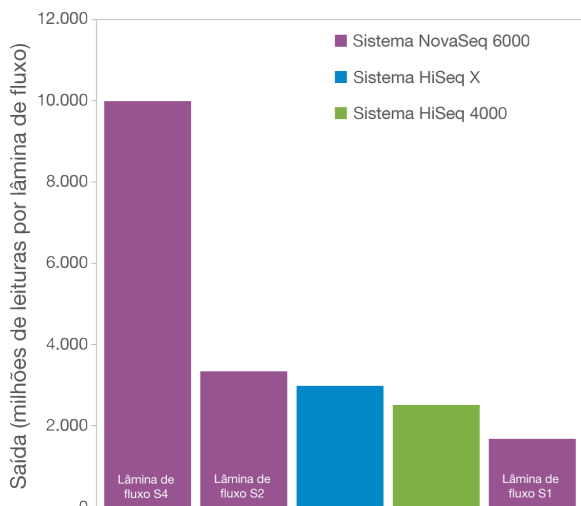


Figura 2: O sistema NovaSeq 6000 oferece a mais ampla variedade de saídas – O sistema NovaSeq 6000 gera leituras de 134 Gb e 1,3 B a 3 Tb e 10 B de dados no modo de lâmina de fluxo única. No modo de lâmina de fluxo dupla, a saída pode ser de leituras de até 6 Tb e 20 B. A saída ajustável torna o sistema NovaSeq 6000 acessível para uma ampla variedade de aplicações.

Maximize a configuração do carregamento de bibliotecas

O sistema NovaSeq 6000 oferece dois métodos de carregamento da lâmina de fluxo: o NovaSeq Xp ou o fluxo de trabalho padrão.

Fluxo de trabalho NovaSeq Xp

Com o fluxo de trabalho opcional NovaSeq Xp, os usuários podem carregar cada cavidade da lâmina de fluxo individualmente para separar projetos ou métodos diferentes entre as cavidades. O fluxo de trabalho NovaSeq Xp possibilita que os usuários analisem ao mesmo tempo várias amostras dentro de uma cavidade para maximizar o número total de amostras por lâmina de fluxo (por exemplo, 96 amostras por cavidade em cada uma das quatro cavidades em uma lâmina de fluxo NovaSeq S4 para um total de 384 amostras). Como uma vantagem adicional, esta capacidade de análise múltipla reduz a quantidade de entrada de DNA necessária, em comparação com o fluxo de trabalho padrão.

O fluxo de trabalho NovaSeq Xp, disponível separadamente, é uma alternativa à geração padrão de clusters dentro do aparelho. Ele consiste no kit NovaSeq Xp, que contém reagentes e um coletor descartável para o carregamento de amostras, e na plataforma de lâminas de fluxo NovaSeq Xp, que sustenta as lâminas de fluxo para o carregamento. O fluxo de trabalho do NovaSeq Xp é compatível com automação.

Tabela 1: Especificações da lâmina de fluxo do sistema NovaSeq 6000

Tipo de lâmina de fluxo	S1	S2	S4
Cavidades por lâmina de fluxo	2	2	4
Saída por lâmina de fluxo^a			
2 × 50 pb	De 134 a 167 Gb	De 280 a 333 Gb	N/A ^b
2 × 100 pb	De 266 a 333 Gb	De 560 a 667 Gb	N/A ^b
2 × 150 pb	De 400 a 500 Gb	De 850 a 1.000 Gb	De 2.400 a 3.000 Gb
Leituras simples (clusters que passam pelo filtro)	De 1,3 a 1,6 B	De 2,8 a 3,3 B	De 8 a 10 B
Leituras tipo paired-end (clusters que passam pelo filtro)	De 2,6 a 3,2 B	De 5,6 a 6,6 B	De 16 a 20 B
Marcações de qualidade^c			
2 × 50 pb	≥ 85%		
2 × 100 pb	≥ 80%		
2 × 150 pb	≥ 75%		
Tempo de análise^d			
2 × 50 pb	TBD	Aprox. 16 h	N/A ^b
2 × 100 pb	TBD	Aprox. 25 h	N/A ^b
2 × 150 pb	TBD	Aprox. 36 h	Aprox. 44 h

a. Especificações do número de saídas e leituras com base em uma lâmina de fluxo única utilizando uma biblioteca de controle Illumina PhiX com densidade de clusters compatível. O sistema NovaSeq 6000 pode executar uma ou duas lâminas de fluxo simultaneamente.

b. N/A: não aplicável.

c. As marcações de qualidade são baseadas nos kits de reagentes NovaSeq S2, executados no sistema NovaSeq 6000 com uma biblioteca de controle Illumina PhiX. O desempenho pode variar conforme o tipo e a qualidade da biblioteca, o tamanho do inserto, a concentração do carregamento e outros fatores experimentais.

d. Os tempos de execução baseiam-se na análise de duas lâminas de fluxo do mesmo tipo. O início de duas lâminas de fluxo diferentes afetará o tempo de execução. TBD = a determinar. Os tempos de execução da lâmina de fluxo S1 serão finalizados na liberação.

Fluxo de trabalho padrão

Para agilizar o carregamento da amostra, o sistema NovaSeq 6000 oferece o fluxo de trabalho padrão que conta com geração de clusters totalmente automatizada dentro do aparelho para diminuir o tempo de trabalho efetivo. As bibliotecas preparadas são carregadas diretamente em um tubo de amostras que se encaixa em um cartucho de reagente pré-configurado, carregado diretamente no sistema para a geração de clusters totalmente automatizada.

Ampla variedade de métodos de sequenciamento

O sistema NovaSeq 6000 é compatível com vários kits de preparação de bibliotecas da Illumina, sendo compatível também com uma ampla variedade de métodos, desde a definição do perfil de expressão até o WGS e muito mais (Tabela 2).

Operação simplificada

O sistema NovaSeq 6000 aumenta a eficiência no laboratório por meio de vários recursos avançados (Figura 3):

- Os cartuchos de reagentes do tipo “carregar e usar” representam uma redução de 80% nos consumíveis, em comparação com a série de sistemas HiSeq
- Os reagentes prontos para o uso não exigem nenhuma preparação além do descongelamento, eliminando a necessidade de intervenção do usuário, minimizando oportunidades de erros e reduzindo drasticamente o tempo de configuração da execução para minutos
- Os consumíveis codificados com identificação por radiofrequência (RFID) possibilitam a rastreabilidade automática de reagentes e garantem a compatibilidade de todos os reagentes e lâminas de fluxo do sequenciamento
- O carregamento automatizado da lâmina de fluxo e a geração de clusters dentro do aparelho minimizam o tempo de trabalho efetivo

Tecnologia de ponta

O sistema NovaSeq 6000 é a plataforma de sequenciamento de alto desempenho da Illumina mais potente, simples, escalonável e confiável até o momento, produzindo uma qualidade de dados extraordinária. O instrumento conta com a química de sequenciamento por síntese (SBS) comprovada da Illumina.

Tabela 2: Exemplos de métodos comuns de sequenciamento

Sequenciamento de genoma completo
TruSeq™ DNA PCR-Free ^a
Nextera™ DNA Flex ^b
Ressequenciamento direcionado
Fluxo de trabalho TruSeq com enriquecimento e exoma da IDT ^{cd}
Fluxo de trabalho Nextera com enriquecimento e exoma da IDT ^{cd}
Enriquecimento de exoma de RNA TruSeq ^{ef}
Sequenciamento de RNA
RNA total de fita TruSeq ^e
mRNA de fita TruSeq ^e
Sequenciamento de metilação
Captura de metila TruSeq EPIC ^c

Os métodos de preparação de bibliotecas relacionados são apenas exemplos dos disponíveis para uso com o sistema NovaSeq 6000. Para obter uma lista completa, acesse www.illumina.com.

- Método qualificado Illumina compatível com sistemas de manuseio de líquidos Beckman, Eppendorf, Perkin Elmer e Tecan
- Método qualificado Illumina compatível com sistemas de manuseio de líquidos Eppendorf e Hamilton
- Nenhum método qualificado Illumina disponível
- IDT = Integrated DNA Technologies
- Método qualificado Illumina compatível com sistemas de manuseio de líquidos Beckman, Eppendorf, Hamilton, Perkin Elmer e Tecan
- Antigamente conhecido como acesso ao RNA TruSeq

Este método patenteado e baseado em terminador reversível permite o sequenciamento paralelo em massa de bilhões de fragmentos de DNA, detectando bases únicas à medida que são incorporadas a fitas de DNA cada vez maiores.

O método reduz significativamente erros e identificações perdidas associados às cadeias de nucleotídeos repetidas (homopolímeros).

Projeto engenhoso

O sistema NovaSeq 6000 reúne a geração de imagem de alto desempenho com a mais recente tecnologia padronizada de lâminas de fluxo para oferecer um enorme aumento de produtividade. A ótica excepcional oferece uma varredura de alta resolução e velocidade, contribuindo para tornar o sistema NovaSeq 6000 a plataforma de sequenciamento da Illumina com a maior produtividade até o momento.

As lâminas de fluxo NovaSeq replanejadas constituem uma melhoria em relação às lâminas de fluxo padronizadas, utilizadas anteriormente no sistema HiSeq X. Cada lâmina de fluxo contém bilhões de nanopços em locais fixos para proporcionar um espaçamento homogêneo de clusters e tamanho uniforme do recurso. As lâminas de fluxo NovaSeq reduzem o espaçamento entre os nanopços, aumentando significativamente a densidade de clusters. A combinação da maior densidade de clusters com a geração patenteada de clusters de amplificação de exclusão maximiza o número de nanopços ocupado pelos clusters de DNA originários de um único modelo de DNA para um aumento considerável na saída de dados.

Ecossistema abrangente de sequenciamento

O sistema NovaSeq 6000 é a pedra fundamental de um ecossistema de sequenciamento que abrange gerenciamento de fluxo de trabalho, preparação manual ou automatizada de bibliotecas, sequenciamento, análise e interpretação de dados, e serviço e suporte (Figura 4).

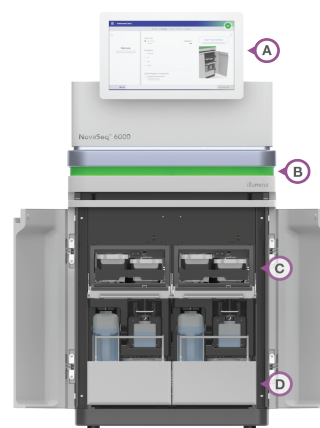


Figura 3: O sistema NovaSeq 6000 oferece operação simplificada – Vários recursos do sistema NovaSeq 6000 são projetados para simplificar estudos genômicos, inclusive (A) interface com tela de toque intuitiva, (B) visor de LED iluminado que indica o status da lâmina de fluxo, (C) cartuchos de encaixe que contêm reagentes prontos para o uso e (D) recipientes para resíduos que podem ser facilmente removidos para descarte.



Figura 4: O sistema NovaSeq 6000 faz parte de um ecossistema de sequenciamento abrangente – O sistema NovaSeq 6000 é compatível com LIMS BaseSpace Clarity, com o portfólio de kits de preparação de bibliotecas Illumina, com o suporte a métodos qualificados Illumina e com o BaseSpace Sequence Hub, simplificando as operações de sequenciamento com um só fluxo de trabalho unificado.

Sistema de gerenciamento de informações de laboratório (LIMS)

O sistema NovaSeq 6000 é totalmente compatível, pronto para o uso, com o LIMS BaseSpace™ Clarity. Com o uso de um LIMS, os laboratórios podem melhorar a eficiência operacional com controle abrangente de amostras e reagentes, fluxos de trabalho automatizados e operação integrada do instrumento. O LIMS BaseSpace Clarity oferece uma interface de usuário intuitiva e fluxos de trabalho pré-configurados, possibilitando a adoção rápida para controle imediato e escalabilidade do processo. O sistema NovaSeq 6000 também pode ser integrado com um LIMS desenvolvido pelo usuário e outros terceiros.

Preparação automatizada de bibliotecas

A Illumina fez parceria com os principais fornecedores de manuseio automatizado de líquidos para desenvolver vários métodos “qualificados pela Illumina” (Tabela 2). A designação “qualificado pela Illumina” significa que o desempenho das bibliotecas preparadas com estes métodos é comparável ao das preparadas manualmente. Os métodos “qualificados pela Illumina” podem ser instalados rapidamente para uso imediato em qualquer laboratório, minimizando atividades de desenvolvimento demoradas e caras. A preparação automatizada de bibliotecas aumenta a uniformidade entre experimentos, minimiza erros, reduz o tempo de trabalho efetivo e proporciona maior produtividade, para que os usuários possam aproveitar a produtividade incomparável do sistema NovaSeq 6000.

Análise de dados

Os dados do sistema NovaSeq 6000 podem ser transmitidos para a BaseSpace Sequence Hub, uma plataforma computacional em nuvem compatível com genômica, otimizada para processar grandes volumes de dados. A BaseSpace Sequence Hub oferece gerenciamento, análise e armazenamento de dados simplificados. As ferramentas de análise de dados abrangem alinhamento e detecção de variantes, anotação, visualização, interpretação e análise de variantes somáticas.

Para outras opções de análise, inclusive tubulações internas, o software do sistema NovaSeq gera identificação de bases e marcações em tempo real de acordo com os arquivos de identificação de bases do ciclo (*.cbcl). O software bcl2fastq2 incluído converte os arquivos *.cbcl em arquivos FASTQ para fazer a análise posterior.

Resumo

O sistema NovaSeq 6000 amplia as possibilidades do NGS para todos os pesquisadores. Com insuperável produtividade escalável, enorme flexibilidade para uma variedade de aplicações e operação simplificada, o sistema NovaSeq 6000 é o sistema de sequenciamento de alta produtividade mais potente da Illumina até o momento, perfeitamente em condições de ajudar os usuários a descobrir mais do que nunca sobre o genoma.

Saiba mais

Para saber mais sobre o sistema NovaSeq 6000, acesse www.illumina.com/novaseq

Informações sobre o pedido

Sistema	N.º do catálogo
Sistema NovaSeq 6000	20012850
Kits de reagentes para sequenciamento ^a	N.º do catálogo
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012863
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 (200 ciclos)	20012864
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 (100 ciclos)	20012865
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012860
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 (200 ciclos)	20012861
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 (100 ciclos)	20012862
Kit de reagentes S4 NovaSeq 6000 (300 ciclos)	20012866
Fluxo de trabalho NovaSeq Xp	
Plataforma para lâminas de fluxo NovaSeq Xp	20021663
Kit NovaSeq Xp com 2 cavidades	20021664
Kit NovaSeq Xp com 4 cavidades	20021665

a. Os kits de reagentes NovaSeq S1 não estão disponíveis para pedidos no momento.

Especificações do sistema NovaSeq 6000

Especificações

Configuração do instrumento

Computador e visor com tela de toque
Configuração da instalação e acessórios
Coleta de dados e software de análise

Computador de controle do instrumento

Unidade básica: Portwell WADE-8022 com CPU Intel i7 4700EQ
Memória: 2 x 8 GB DDR3L SODIMM
Disco rígido: ausente
Unidade de estado sólido: 256 GB mSATA
Sistema operacional: Windows

Observação: as configurações do computador serão atualizadas regularmente.
Entre em contato com seu gerente de contas local para obter a configuração atual.

Ambiente de operação

Temperatura: de 19 °C a 25 °C (22 °C ± 3 °C), < 2 °C de alteração por hora
Umidade: de 20% a 80% de umidade relativa sem condensação
Altitude: abaixo de 2.000 metros (6.500 pés)
Ventilação: máximo de 8.530 BTU/h e média de 6.000 BTU/h
Somente para uso em ambientes fechados.

Laser

532 nm, 660 nm, 780 nm, 790 nm

Dimensões

L x P x A: 80 cm (31,5 pol.) x 94,5 cm (37,2 pol.) x 165,6 cm (65,2 pol.) com monitor
Peso: 481 kg (1.059 lb), incluídos 3,5 kg (7,8 lb) da bandeja de vazamento e 0,9 kg (2 lb) do teclado e mouse
Peso com embalagem: 628 kg (1.385 lb)

Requisitos de energia

De 200 a 240 V CA 50/60 Hz, 16 A, monofásico, 2.500 W
A Illumina fornece uma fonte de alimentação ininterrupta (UPS) (no-break) específica para a região

Conexão de rede

Conexão de 1 Gb dedicada entre o instrumento e o sistema de gestão de dados.
Conecte diretamente ou por meio de um interruptor de rede.

Largura de banda para a conexão de rede

200 Mb/s/instrumento para uploads da rede interna
200 Mb/s/instrumento para uploads da rede do BaseSpace Sequence Hub
5 Mb/s/instrumento para uploads de dados operacionais do instrumento