

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

usuários a realizar estudos com a produtividade e o preço por amostra que atendem a seus objetivos de pesquisa.

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. 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 (Tabela 1). As lâminas de fluxo NovaSeq Prime (SP), 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

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 mais rapidez e economia do 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 do genoma completo 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. Para proporcionar mais flexibilidade, o fluxo de trabalho NovaSeq Xp oferece suporte ao carregamento individual de cavidades para o sequenciamento de várias bibliotecas em cada cavidade da lâmina de fluxo.

Quando combinado com lâminas de fluxo de saída mais baixa, o mesmo instrumento pode ser usado para métodos com menor intensidade de dados. 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. Seja ao executar 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



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

e a flexibilidade do carregamento individual de cavidades, as lâminas de fluxo NovaSeq SP e S1 proporcionam uma fácil transição para os usuários do sistema HiSeq, sem a necessidade de criar lotes de amostras adicionais por execução. (Comparações de leitura para o sistema HiSeq 2500 com base nas especificações da lâmina de fluxo v4 de alto fluxo.) A lâmina de fluxo NovaSeq S4 possibilita um sequenciamento econômico com alto rendimento em uma ampla variedade de aplicações, tomando os estudos internos de WGS ou WES uma opção atrativa e econômica para mais laboratórios.

Desempenho flexível

O sistema NovaSeq 6000 oferece uma enorme flexibilidade nas opções de sequenciamento, sendo compatível com uma ampla variedade de aplicações (Figura 2). Os usuários podem combinar e adaptar quatro tipos de lâminas de fluxo (SP, 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 (Tabela 1).

Maximize as configurações 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, disponível separadamente, 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 também 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, essa 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 oferece uma alternativa à clusterização padrão 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.

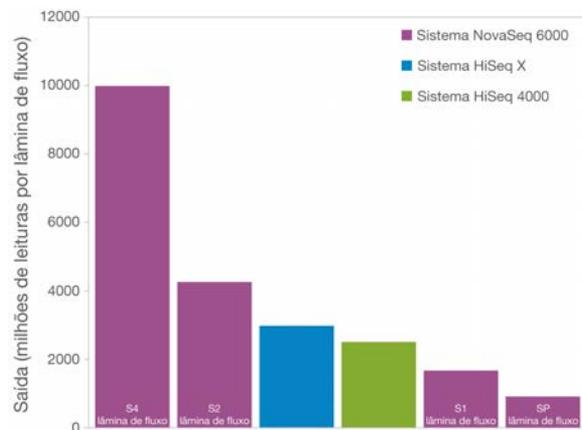


Figura 2: O sistema NovaSeq 6000 oferece a mais ampla variedade de saídas

– O sistema NovaSeq 6000 gera leituras de 80 Gb e 800 M 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.

Fluxo de trabalho padrão

Para agilizar o carregamento da amostra, o sistema NovaSeq 6000 oferece o fluxo de trabalho padrão que conta com

clusterização 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 clusterização 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 materiais de consumo, em comparação com a série de sistemas HiSeq.
- Os reagentes prontos para o uso não exigem qualquer preparação além do descongelamento, eliminando a necessidade de intervenção do usuário, minimizando o erro humano e reduzindo drasticamente o tempo de configuração da execução.
- Os materiais de consumo 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 clusterização dentro do aparelho minimizam o tempo de trabalho efetivo.
- O longo prazo de validade dos reagentes ajuda o planejamento eficiente dos projetos futuros.
- Um kit de 35 ciclos aumenta as opções de fluxo de trabalho, incluindo CovidSeq e aplicações de contagem, ao mesmo tempo que diminui o custo por leitura.
- A química aprimorada dos reagentes simplifica o fluxo de trabalho, aumenta o número de identificadores moleculares exclusivos (UMIs) para acomodar estratégias de indexação mais complexas e oferece suporte à ampla variedade de soluções de preparação de bibliotecas da Illumina (Tabela 2).

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

Tipo de lâmina de fluxo	SP	S1	S2	S4
Cavidades por lâmina de fluxo	2	2	2	4
Saída por lâmina de fluxo^{a, b}				
1 x 35 bp	N/A	N/A	N/A	280-350 Gb
2 x 50 bp	De 65 a 80 Gb	De 134 a 167 Gb	De 333 a 417 Gb	N/A
2 x 100 bp	De 134 a 167 Gb	De 266 a 333 Gb	De 667 a 833 Gb	De 1600 a 2000 Gb
2 x 150 bp	De 200 a 250 Gb	De 400 a 500 Gb	De 1.000 a 1250 Gb	De 2.400 a 3.000 Gb
2 x 250 bp	De 325 a 400 Gb	N/A	N/A	N/A
Leituras únicas CPF	0,65-0,8 B	1,3-1,6 B	3,3-4,1 B	8-10 B
Leituras tipo paired-end CPF	1,3-1,6 B	2,6-3,2 B	6,6-8,2 B	16-20 B
Marcações de qualidade^c				
1 x 35 bp	Q30 ≥90%			
2 x 50 bp	Q30 ≥90%			
2 x 100 bp	Q30 ≥85%			
2 x 150 bp	Q30 ≥85%			
2 x 250 bp	Q30 ≥75%			
Tempo de execução^d				
1 x 35 bp	N/A	N/A	N/A	Aprox. 14 h
2 x 50 bp	Aprox. 13 h	Aprox. 13 h	Aprox. 16 h	N/A
2 x 100 bp	Aprox. 19 h	Aprox. 19 h	Aprox. 25 h	Aprox. 36 h
2 x 150 bp	Aprox. 25 h	Aprox. 25 h	Aprox. 36 h	Aprox. 44 h
2 x 250 bp	Aprox. 38 h	N/A	N/A	N/A

a. Especificações do número de saídas e leituras com base em uma lâmina de fluxo única utilizando a 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, CPF = passagem de clusters pelo filtro.

c. As pontuações de qualidade são baseadas nos kits de reagentes NovaSeq 6000 SP, S2 e S4 v1.5, 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 se baseiam na análise de duas lâminas de fluxo do mesmo tipo. O início de duas lâminas de fluxo diferentes afetará o tempo de execução.

Tecnologia de ponta

O sistema NovaSeq 6000 oferece sequenciamento de alto desempenho potente, simples, escalonável e confiável, produzindo uma qualidade de dados extraordinária. O instrumento conta com a química de sequenciamento por síntese (SBS) comprovada da Illumina. Esse método patenteado baseado em terminador reversível permite o sequenciamento paralelo em massa de bilhões de fragmentos de DNA, detectando bases únicas à medida que elas são incorporadas a fitas de DNA cada

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

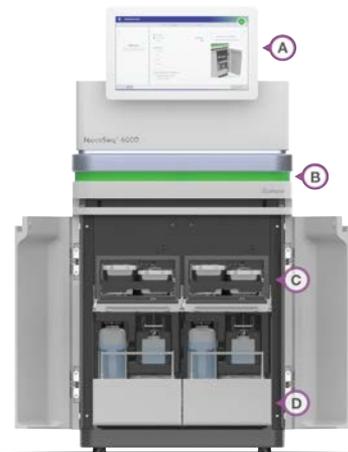


Figura 3: O sistema NovaSeq 6000 oferece operação simplificada – vários recursos do sistema NovaSeq 6000 são projetados para simplificar estudos genômicos, inclusive (A) interface com tela sensível ao toque intuitiva, (B) visor de LED iluminado que indica o status da lâmina de fluxo, (C) cartuchos de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

Projeto engenhoso

O sistema NovaSeq 6000 reúne a geração de imagem de alto desempenho com uma tecnologia padronizada de lâminas de fluxo para oferecer um enorme aumento de produtividade. A óptica de qualidade superior 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. Cada lâmina de fluxo NovaSeq contém bilhões de nanoporos em locais fixos para proporcionar um espaçamento homogêneo de clusters e tamanho uniforme. As lâminas de fluxo NovaSeq reduzem o espaçamento entre os nanoporos, 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 nanoporos ocupados pelos clusters de DNA originários de um único modelo de DNA para um aumento considerável na saída de dados.

Fluxo de trabalho abrangente de sequenciamento

O sistema NovaSeq 6000 é a base 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, serviço e suporte (Figura 4).

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 “qualificados pela Illumina” significa que o desempenho das bibliotecas preparadas com esses 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.

Tabela 2: Exemplos de métodos comuns de sequenciamento

Sequenciamento de genoma completo
Preparação de DNA PCR-Free da Illumina
Preparação de DNA da Illumina
Ressequenciamento direcionado
Preparação de DNA da Illumina com enriquecimento + Painel de exoma da Illumina
Preparação de RNA da Illumina com enriquecimento + Painel de exoma da Illumina
Sequenciamento de RNA
Preparação de RNA total de fita da Illumina com Ribo-Zero Plus
Preparação de bibliotecas de mRNA de fita da Illumina
Sequenciamento epigenético
Captura de metila TruSeq EPIC
Indexação dupla exclusiva
IDT para índices Illumina DNA/RNA UD, Tagmentação (384 índices nos conjuntos A-D)

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

Análise e interpretação de dados

Os dados do sistema NovaSeq 6000 podem ser transmitidos para o BaseSpace Sequence Hub, uma plataforma computacional em

nuvem compatível com genômica, otimizada para processar grandes volumes de dados. O BaseSpace Sequence Hub oferece gerenciamento, análise e armazenamento de dados simplificados. Lá, os usuários podem acessar a plataforma DRAGEN™ (Dynamic Read Analysis for GENomics) Bio-IT para uma análise secundária precisa e ultrarrápida de dados de NGS ou vários aplicativos do BaseSpace para o alinhamento de ferramentas e detecção, anotação e visualização de variantes e muito mais. Para outras opções de análise, inclusive pipelines internos, o software do sistema NovaSeq gera identificações de bases e pontuações de qualidade que são convertidas em arquivos FASTQ para análise posterior.

Para ajudar na interpretação dos dados, a Illumina oferece o pacote de software TruSight™ e o BaseSpace Correlation Engine. O pacote de software TruSight fornece ferramentas intuitivas e abrangentes para a visualização, triagem e interpretação de variantes associadas a doença genética. O BaseSpace Correlation Engine integra dados com a base de conhecimento genômica mundial para comparação em um amplo repositório curado de conjuntos de dados públicos.

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.



Figura 4: O sistema NovaSeq 6000 faz parte de um fluxo de trabalho de sequenciamento abrangente – O sistema NovaSeq 6000 é compatível com o BaseSpace Clarity LIMS, com o portfólio de kits de preparação de bibliotecas Illumina, com o suporte a métodos qualificados da Illumina, com soluções de análise de dados, como a plataforma o DRAGEN Bio-IT e o BaseSpace Sequence Hub, e com ferramentas de interpretação posterior de dados, como o pacote de software TruSight e o BaseSpace Correlation Engine.

Informações sobre o pedido

Solicite kits de reagentes NovaSeq em www.illumina.com

Sistema	N.º do catálogo
Sistema NovaSeq 6000	20012850
Kits de reagentes para sequenciamento	N.º do catálogo
Kit de reagentes SP NovaSeq 6000 v1.5 (100 ciclos)	20028401
Kit de reagentes SP NovaSeq 6000 v1.5 (200 ciclos)	20040719
Kit de reagentes SP NovaSeq 6000 v1.5 (300 ciclos)	20028400
Kit de reagentes SP NovaSeq 6000 v1.5 (500 ciclos)	20028402
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 v1.5 (100 ciclos)	20028319
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 v1.5 (200 ciclos)	20028318
Kit de reagentes S1 NovaSeq 6000 v1.5 (300 ciclos)	20028317
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 v1.5 (100 ciclos)	20028316
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 v1.5 (200 ciclos)	20028315
Kit de reagentes S2 NovaSeq 6000 v1.5 (300 ciclos)	20028314
Kit de reagentes S4 NovaSeq 6000 v1.5 (35 ciclos)	20044417
Kit de reagentes S4 NovaSeq 6000 v1.5 (200 ciclos)	20028313
Kit de reagentes S4 NovaSeq 6000 v1.5 (300 ciclos)	20028312
Fluxo de trabalho NovaSeq Xp	N.º do catálogo
Plataforma para lâminas de fluxo NovaSeq Xp	20021663
Kit NovaSeq Xp com 2 cavidades v1.5	20043130
Kit NovaSeq Xp com 4 cavidades v1.5	20043131

Especificações do sistema NovaSeq 6000

Especificações
Configuração do instrumento Computador e visor com tela sensível ao 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 10 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 variação 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: 80,0 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 bruto: 628 kg (1.385 lb)
Requisitos de alimentação 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. Faça a conexão diretamente ou por meio da rede.
Largura de banda para conexão de rede 200 Mb/s/instrumento para uploads da rede interna 200 Mb/s/instrumento para uploads do BaseSpace Sequence Hub 5 Mb/s/instrumento para uploads de dados operacionais do instrumento

Saiba mais

www.illumina.com/novaseq

Illumina, Inc. • 1.800.809.4566, ligação gratuita (EUA) • +1.858.202.4566 tel. • techsupport@illumina.com • www.illumina.com

© 2020 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte www.illumina.com/company/legal.html. Publicação n.º 770-2016-025-NPTB QB6046

Somente para pesquisa. Não deve ser usado para procedimentos de diagnóstico.

illumina®

770-2016-025-N PTB | 5