

# Sequenzier- systeme NovaSeq™ X und NovaSeq X Plus

Extrem hoher Durchsatz  
und unübertroffene  
Wirtschaftlichkeit,  
nachhaltiger als je zuvor

- Nutzung von extrem hohem Durchsatz und außergewöhnlicher Genauigkeit für umfangreichere Studien, ambitioniertere Projekte und Verfahren mit höherem Datenaufkommen
- Geringere Gesamtbetriebskosten dank bahnbrechender Innovationen bei Chemie und Informatik, einfacher Bedienung und optimierter Workflows
- Geringere Umweltbelastung dank lyophilisierter Reagenzien und der damit verbundenen Reduzierung von Verpackungsgröße, Gewicht, Kunststoffverbrauch und Abfallmenge

**illumina**®



## Einleitung

Genomikvisionäre versetzen die Grenzen dessen, was NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) leisten kann. Zur Beantwortung der komplexesten biologischen Fragen bedarf es einer höheren statistischen Aussagekraft. Ein umfassenderes Bild erfordert größere Studien und eine tiefere Sequenzierung zur Bestimmung seltener genetischer Ereignisse. Voraussetzung für eine umfassendere Sicht sind ein breiteres Spektrum an Sequenzierungsmethoden und Multiomik. Die fortschrittlichen Technologien der Sequenziersysteme NovaSeq X und NovaSeq X Plus (die NovaSeq X Series) ermöglichen eine erhebliche Steigerung von Durchsatz und Produktivität, sodass sich pro Jahr Zehntausende Genome sequenzieren lassen. Diese unerreichte Wirtschaftlichkeit der Sequenzierung ermöglicht Genomforschern die Verwirklichung von Projekten, die bisher als unrealistisch galten (Abbildung 1).

Mit der NovaSeq X Series setzt Illumina weiterhin den Standard für Genauigkeit und Anwenderfreundlichkeit. Bahnbrechende Fortschritte bei Chemie, Optik und Software sorgen für herausragende Geschwindigkeit, Datenqualität und Nachhaltigkeit. Anwender erzielen einen herausragenden Durchsatz und eine hervorragende Skalierbarkeit, ohne auf flexible, optimierte und einfache Workflows verzichten zu müssen.

## Innovationen für umfangreiche Genomikanwendungen mit extrem hoher Genauigkeit

Das NovaSeq X System und das NovaSeq X Plus System bieten das Niveau an Durchsatz und Genauigkeit, das für datenintensivere Anwendungen und die Ermittlung aussagekräftiger Erkenntnisse in großem Maßstab erforderlich ist. Die Leistung der NovaSeq X Series reduziert im Vergleich zum NovaSeq 6000 System die Kosten pro Gigabase (Gb) um bis zu 60 %.<sup>1</sup> Das NovaSeq X Plus System ist unser bisher leistungsstärkstes Sequenziersystem, das pro Lauf mit zwei Fließzellen bis zu 16 Terabasen (Tb) ausgibt (oder bis zu 52 Milliarden Single-Reads). Das NovaSeq X System verwendet eine einzelne Fließzelle und zeichnet sich durch eine Ausgabe von 165 Gb bis 8 Tb pro Lauf (oder bis zu 26 Milliarden Single-Reads) aus (Abbildung 2, Abbildung 3, Tabelle 1).\*

\* Kunden, die ein NovaSeq X System erwerben und in Zukunft höhere Kapazitäten benötigen, können ihr System problemlos auf das NovaSeq X Plus System aufrüsten und damit zwei Fließzellen verarbeiten.



Abbildung 1: Sequenziersysteme NovaSeq X und NovaSeq X Plus: Die Innovationen von Illumina erweitern den Zugang zur Hochdurchsatz-Genomik, die neue wissenschaftliche Erkenntnisse ermöglicht.

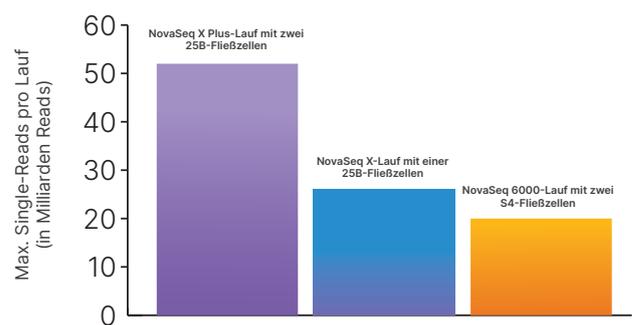


Abbildung 2: Maximierung der Sequenzierungsleistung mit dem NovaSeq X Plus System: Vergleich der maximalen Leistung pro Einzelauf in Milliarden Reads für das NovaSeq X Plus System (Lauf mit zwei 25B-Fließzellen), das NovaSeq X System (Lauf mit einer 25B-Fließzelle) und das NovaSeq 6000 System (Lauf mit zwei S4-Fließzellen).<sup>1</sup>

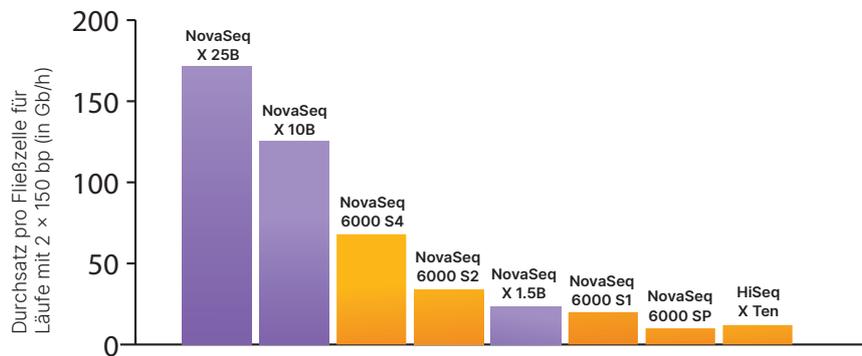


Abbildung 3: Die NovaSeq X Series zeichnet sich durch maximalen Sequenzierungsdurchsatz aus: Vergleich der Leistung je einzelne Fließzelle und Stunde für die Fließzellen 1.5B, 10B, 25B der NovaSeq X Series; SP, S1, S2, S4 des NovaSeq 6000<sup>1</sup> und HiSeq X Ten<sup>2</sup>. Vom ersten 1000-Dollar-Genom bis heute: Illumina erhöht mit seinen Innovationen die Wirtschaftlichkeit der Hochdurchsatzsequenzierung.

Drei Fließzellentypen ermöglichen einen skalierbaren Durchsatz von über 128 Humangenomen bei 30-facher Coverage, bis zu 1.500 Exomen oder über 1.000 Transkriptomen pro Lauf mit zwei Fließzellen (Tabelle 2). Diese bislang unerreichte Sequenzierungsleistung wird durch zahlreiche technologische Innovationen ermöglicht:

- Fließzellen mit ultradichter Struktur und einer Anzahl von Nanowells im zweistelligen Milliardenbereich an festen Positionen für bis zu 26 Milliarden Single-Reads (52 Milliarden Paired-End-Reads) pro Fließzelle
- Spezielle Hochgeschwindigkeitskamera mit hoher numerischer Apertur und Blau-Grün-Optik für ultrahochoflösende Bildgebung zur Maximierung von Durchsatz und Datenqualität
- Fortschrittliche Base-Calling-Algorithmen und integrierte DRAGEN™-Sekundäranalyse im Gerät oder in der Cloud für preisgekrönte Genauigkeit und Geschwindigkeit<sup>3,4</sup>

Bei der NovaSeq X Series kommt Illumina XLEAP-SBS™-Chemie zum Einsatz, unsere bislang schnellste, hochwertigste und robusteste SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese). XLEAP-SBS-Chemie basiert auf der am weitesten verbreiteten sowie am häufigsten verwendeten SBS-Chemie und ermöglicht erhebliche Leistungssteigerungen. Die neuen Farbstoffe, Linker und Blöcke der XLEAP-SBS-Nukleotide sind hitzebeständiger, 50-mal stabiler in Lösung und 500-mal stabiler bei Lyophilisierung. Die um das 50-Fache verringerte Hydrolyse und die 3-mal schnellere Blockaufspaltung sorgen durch die Reduzierung von Phasierung und Vorphasierung für deutlich höhere Genauigkeit. Die neue XLEAP-SBS-Polymerase baut Nukleotide schneller und mit höherer Genauigkeit ein als je zuvor. Gemeinsam sorgen diese Innovationen für um den Faktor 2 verkürzte Zykluszeiten und eine 3-mal höhere Genauigkeit als mit Standard-SBS.<sup>5</sup>

## Bewährte Genauigkeit

XLEAP-SBS-Chemie verwendet reversible Terminator-Nukleotide und ermöglicht damit eine echte Sequenzierung Base für Base. Dies reduziert Fehler und verpasste Calls in Zusammenhang mit Abfolgen wiederholter Nukleotide (Homopolymere) erheblich.<sup>6</sup> Zudem ist XLEAP-SBS-Chemie auch für die Paired-End-Sequenzierung geeignet und erleichtert den Nachweis von genomischen Rearrangements, repetitiven Sequenzelementen, Genfusionen und neuen Transkripten. Das Alignment von Sequenzen in Form von Read-Paaren ermöglicht ein genaueres Read-Alignment und vereinfacht im Vergleich zur Verwendung von Single-Read-Daten die Bestimmung von Indel-Varianten (Insertion-Deletion).<sup>7</sup>

## Aussagekräftige Erkenntnisse in großem Maßstab

Die NovaSeq X Series eröffnet mit ihrem unübertroffenen Anwendungsspektrum und ihrer revolutionären Leistung bei der Hochdurchsatzsequenzierung neue Möglichkeiten und bringt die Genomforschung voran. Kürzere Laufzeiten bedeuten schnellere Ergebnisse zu wichtigen Proben. Dank des höheren Durchsatzes lassen sich Projekte effizienter durchführen. Wissenschaftler haben die Möglichkeit, die statistische Aussagekraft durch breiter angelegte Studien und größere Stichprobenkohorten zu erhöhen. Labore können mehr Proben unter verschiedenen Bedingungen oder zu unterschiedlichen Zeitpunkten untersuchen, um die veränderlichen Eigenschaften von Zellen und biologischen Systemen zu ermitteln. Der Umfang von Einzelzell-, räumlichen, proteomischen oder anderen multiomischen Studien lässt sich erweitern, indem mehr Zellen, eine höhere Auflösung oder mehrere Modalitäten einbezogen werden. Anwender können die Anzahl der Reads und die Sequenzierungstiefe erhöhen, sodass sie von einer maximalen Auflösung profitieren sowie seltene Signale und Varianten erfassen können.

Tabelle 1: Performanceparameter der NovaSeq X Series<sup>a</sup>

Fließzellentyp	1.5B	10B	25B
<b>Ausgabe pro Lauf mit einer Fließzelle<sup>a</sup></b>			
2 × 50 bp	ca. 165 Gb	1 Tb	2,6 Tb
2 × 100 bp	330 Gb	2 Tb	5,3 Tb
2 × 150 bp	500 Gb	3 Tb	8 Tb
<b>Ausgabe pro Lauf mit zwei Fließzellen<sup>a, b</sup></b>			
2 × 50 bp	ca. 330 Gb	2 Tb	5,3 Tb
2 × 100 bp	660 Gb	4 Tb	10,6 Tb
2 × 150 bp	1 Tb	6 Tb	16 Tb
<b>Reads nach Filterung pro Fließzelle<sup>a</sup></b>			
Single-Reads	1,6 Milliarden	10 Milliarden	26 Milliarden
Paired-End-Reads	3,2 Milliarden	20 Milliarden	52 Milliarden
<b>Gerätelaufzeit<sup>a, c</sup></b>			
2 × 50 bp	ca. 17 h	ca. 18 h	ca. 25 h
2 × 100 bp	ca. 20 h	ca. 22 h	ca. 38 h
2 × 150 bp	ca. 23 h	ca. 25 h	ca. 48 h
<b>Qualitäts-Scores<sup>a, d</sup></b>			
2 × 50 bp	≥ 90 % der Basen über Q30		
2 × 100 bp	≥ 85 % der Basen über Q30		
2 × 150 bp	≥ 85 % der Basen über Q30		

a. Die Spezifikationen basieren auf einer Illumina-PhiX-Kontrollbibliothek oder einer TruSeq™-DNA-Bibliothek, die mit Humanreferenz-DNA (Coriell, Katalog-Nr. NA12878) bei unterstützten Clusterdichten erstellt wurde. Die Leistung kann je nach Bibliothekstyp und -qualität, Insertgröße, Ladekonzentration und anderen Versuchsfaktoren variieren. Änderungen der Performancemetriken vorbehalten.

b. Läufe mit zwei Fließzellen können nur auf dem NovaSeq X Plus System durchgeführt werden.

c. Die Laufzeiten umfassen die automatische Clusterbildung im Gerät, die Sequenzierung, die automatische Nachwaschung und das Base-Calling.

d. Ein Qualitäts-Score (Q-Score) ist eine Prognose über die Wahrscheinlichkeit eines Fehlers beim Base-Calling. Der Prozentsatz der Basen ≥ Q30 wird über den gesamten Lauf gemittelt.

## Unübertroffene Wirtschaftlichkeit und Produktivitätssteigerung

Die NovaSeq X Series zeichnet sich durch die niedrigsten Gesamtbetriebskosten im Bereich der Hochdurchsatzsequenzierung aus. Die NovaSeq X Series senkt nicht nur die Kosten pro Gb, sondern auch die des gesamten Workflows, unter anderem durch einfache Bedienung, integrierte Datenanalyse, mehr Nachhaltigkeit und erstklassigen Support (**Abbildung 4**).

## Die ultimative Anwendererfahrung

Der komplette Workflow der NovaSeq X Series ist hinsichtlich der Minimierung von Zeit- und Arbeitsaufwand bei der Durchführung von Projekten optimiert. Das NovaSeq X System und das NovaSeq X Plus System zeichnen sich durch ein durchdachtes ergonomisches Design und ein innovatives Bedienkonzept aus. Hierzu zählen:

- Extra großer Touchscreen mit 4K-Auflösung, auf dem sich der Lauffortschritt auf einen Blick klar am Gerät ablesen lässt oder sich ausführliche Metriken zur Sequenzierungsleistung anzeigen lassen (**Abbildung 5**)
- Unmittelbar einsatzbereite Reagenzienkartuschen mit „Auftau-Fenstern“, in denen sich visuell prüfen lässt, ob die Reagenzien vollständig aufgetaut sind
- Einzelansteuerbare Fließzellen-Lanes, die automatisch und unabhängig voneinander im Gerät geladen werden, zur einfachen Aufteilung von Projekten und Proben in bis zu acht Lanes
- 4-mal geringere Anforderungen an die Bibliothekszugabe<sup>†</sup> für die ultratiefe Sequenzierung wertvoller Proben und den Einsatz neuer Anwendungen bei schwierigen Probentypen
- Automatisierte Clusterbildung im Gerät und automatische Nachwaschung zur Optimierung des Sequenzierungsworkflows
- Flexible Laufplanungsoptionen für die Sekundäranalyse bei wichtigen Anwendungen ohne Eingriff des Anwenders (**Abbildung 6**)
- Leichte sowie einfach zu handhabende Reagenzien, Pufferkartuschen und Abfallbehälter
- Ausziehbare Tastatur und Leuchthinweise zum korrekten Laden an den Verbrauchsmaterialschubladen

 Virtuelle Tour: [illumina.com/TourNovaSeqX](https://illumina.com/TourNovaSeqX)

<sup>†</sup> Im Vergleich zum geräteinternen Workflow des NovaSeq 6000 System.

Tabelle 2: Geschätzter Probendurchsatz bei wichtigen Anwendungen<sup>a</sup>

Fließzellentyp	Pro Lauf mit einer Fließzelle			Pro Lauf mit zwei Fließzellen <sup>b</sup>		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Humangenome	ca. 4	ca. 24	ca. 64	ca. 8	ca. 48	ca. 128
Exome	ca. 41	ca. 250	ca. 750	ca. 82	ca. 500	ca. 1.500
Transkriptome	ca. 30	ca. 200	ca. 520	ca. 60	ca. 400	ca. 1.040

a. Alle Probendurchsätze sind Schätzungen. Bei den Schätzungen für das Humangenom wird von > 120 Gb Daten pro Probe für eine 30-fache Coverage ausgegangen. Bei den Schätzungen für Exome wird von ca. 8 Gb Daten pro Probe für eine 100-fache Coverage ausgegangen. Transkriptom-Schätzungen basieren auf ≥ 50 Mio. Reads. Der Durchsatz hängt vom jeweiligen Bibliotheksvorbereitungskit ab. Änderungen der Performancemetriken vorbehalten.  
 b. Läufe mit zwei Fließzellen können nur auf dem NovaSeq X Plus System durchgeführt werden.

### Optimierte, umfassende Informatik

Die DRAGEN-Chips im Gerät beschleunigen die Datenverarbeitung und bieten integrierte Algorithmen zur verlustfreien Datenkomprimierung. DRAGEN ORA (Original Read Archive) führt die bis zu 5-fache Komprimierung von FASTQ-Dateien (fastq.gz) automatisch durch, was eine schnellere Datenübertragung ermöglicht und das Datenmanagement vereinfacht. Das geringere Datenvolumen senkt zudem die Kosten für Speicherung und Strom.

Die Sekundäranalyse mit DRAGEN auf Basis einer parallelen Rechenstruktur erhöht mit einem Multigenom-(graph)-Mapper und maschinellem Lernen systematisch die Genauigkeit der Analyse.<sup>3,4</sup> Die in die NovaSeq X Series integrierte DRAGEN-Plattform kann mehrere Sekundäranalyse-Pipelines parallel ausführen, entweder im Gerät oder in der Cloud.

In einem Einzellauf können bis zu vier Anwendungen pro Fließzelle gleichzeitig erfolgen. Automatisierte Pipelines für die Sekundäranalyse:

- DRAGEN Germline für die Genomsequenzierung
- DRAGEN Somatic für die Genomsequenzierung
- DRAGEN Enrichment für die Exomsequenzierung
- DRAGEN RNA für die Transkriptom-Sequenzierung
- DRAGEN Methylation für die Methylierungssequenzierung

Für diese wichtigen Anwendungen steht eine umfassende Auswahl an Workflows zur Verfügung, die den gesamten Prozess von der Bibliothek bis zur Analyse umfassen (Tabelle 3).



Abbildung 4: Intuitiver und optimierter Workflow für die Hochdurchsatzsequenzierung: Die Sequenziersysteme NovaSeq X und NovaSeq X Plus bieten einen umfassenden Workflow mit anwenderfreundlicher Laufkonfiguration, einem breiten Spektrum an kompatiblen Bibliotheksvorbereitungskits und integrierter Sekundäranalyse. Zudem wird die Geräte-Performance proaktiv überwacht.



Abbildung 5: Einfache Bedienung: Viele Funktionen des NovaSeq X System und des NovaSeq X Plus System sind darauf ausgelegt, den Sequenzierungsworkflow zu vereinfachen. Hierzu zählen der hochauflösende Touchscreen und Kartuschen mit gebrauchsfertigen Reagenzien für den Load-and-Go-Betrieb.

### Bahnbrechende Innovationen bei der Nachhaltigkeit

Das NovaSeq X System und das NovaSeq X Plus System wurden im Hinblick auf die Reduzierung der Umweltbelastung entwickelt. Die höhere Widerstandsfähigkeit und Stabilität der XLEAP-SBS-Reagenzien ermöglichen den Versand und die Lagerung in lyophilisierter Form. Diese bahnbrechende Innovation bietet bemerkenswerte Vorteile in Bezug auf Nachhaltigkeit und Anwenderfreundlichkeit:

- Die Reagenzien-Kits werden bei Raumtemperatur versandt (ohne Trockeneis und Kühlakkus). Das reduziert die Abfallmenge und den Zeitaufwand beim Auspacken.
- Verbrauchsmaterialien können unmittelbar nach Erhalt (oder nach dem Auftauen, wenn sie gelagert wurden) in einem Sequenzierungslauf verwendet werden, was den manuellen Aufwand verringert und den Betrieb optimiert.
- Das Kartuschenvolumen wurde um über 50 % verringert<sup>‡</sup>, sodass Kartuschen bei der Kühlung und Lagerung weniger Platz benötigen.
- Das Gewicht der Kits wurde um etwa 90 % verringert<sup>‡</sup>, was die Handhabung vereinfacht (weniger als 5 kg, Versand in einem Karton).
- Die Verbrauchsmaterialien sind einfach zu entsorgen. Die Komponenten sind recycelbar und können ohne Spezialwerkzeug zerlegt werden. Es fällt ca. 90 % weniger Verpackungsmüll an.<sup>‡</sup>
- Der Kunststoffverbrauch wurde um über 50 %<sup>‡</sup> reduziert. Außerdem kommen recycelbare Kunststoffe und Pufferkartuschen aus pflanzenbasierten Biopolymeren (96 % Zuckerrohr) zum Einsatz.

<sup>‡</sup> Im Vergleich zu NovaSeq 6000-Reagenzien-Kits.

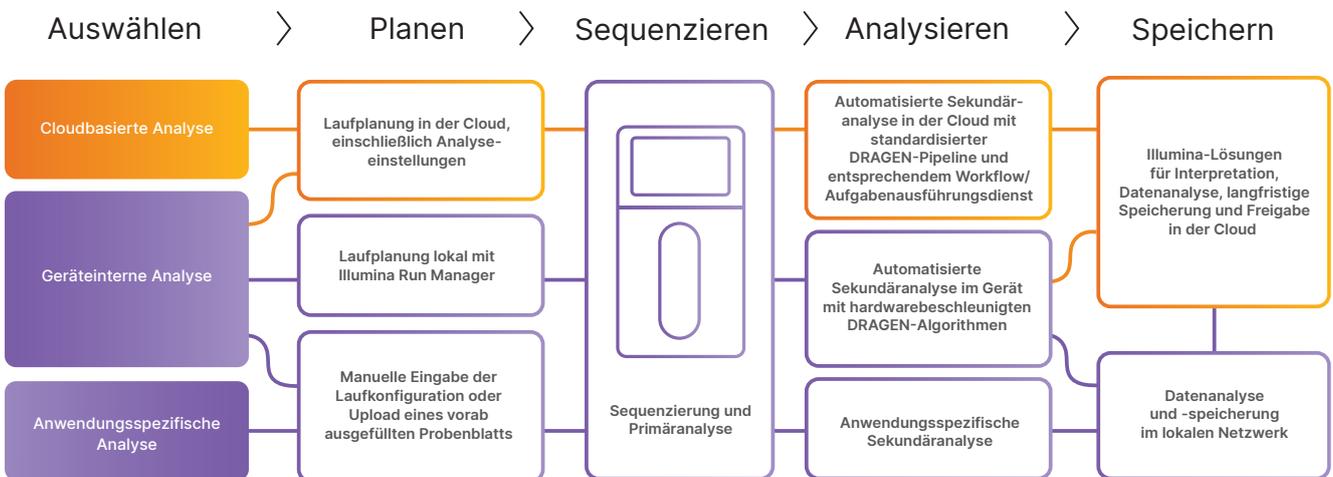


Abbildung 6: Flexible Informatiksuite: Mit dem NovaSeq X System und dem NovaSeq X Plus System haben Anwender bei der Sequenzierung die Wahl. Die Laufkonfiguration, das Laufmanagement und die Datenanalyse können sowohl lokal (lila) als auch cloudbasiert (orange) erfolgen.

Tabelle 3: Beispiel-Workflows von der Bibliothek bis zur Analyse für hochgradig datenintensive Sequenzierungsanwendungen auf der NovaSeq X Series

Anwendung	Bibliotheken vorbereiten	Sequenzieren	Daten analysieren
Genomsequenzierung	<a href="#">Illumina DNA PCR-Free Prep</a>	NovaSeq X-Fließzelle 1.5B, 10B oder 25B, Kit für 300 Zyklen	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
Exomsequenzierung	<a href="#">Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment</a>	NovaSeq X-Fließzelle 1.5B, 10B oder 25B, Kit für 200 Zyklen	DRAGEN Enrichment
Transkriptom-Sequenzierung	<a href="#">Illumina Stranded Total RNA Prep</a> <a href="#">Illumina Stranded mRNA Prep</a> <a href="#">Illumina RNA Prep with Enrichment</a>	NovaSeq X-Fließzelle 1.5B, 10B oder 25B, Kit für 200 Zyklen	DRAGEN RNA

## Zuverlässige Technologie, zuverlässiger Partner

Als führender Anbieter von NGS-Plattformen hat Illumina weltweit über 20.000 Sequenziersysteme ausgeliefert. Die NGS-Technologie von Illumina wird in über 300.000 Publikationen mit Peer-Review genannt – 5-mal häufiger als alle anderen NGS-Technologien zusammen.<sup>8</sup> Aufbauend auf jahrzehntelanger Erfahrung treibt Illumina Innovationen und die Entwicklung der NGS-Funktionen und -Anwendungen der Zukunft voran ([Abbildung 3](#)). Die NovaSeq X Series unterstreicht unsere führende Stellung im Bereich Genomiktechnologien.

## Einsatz für den Erfolg unserer Kunden

Mit dem weltweit unerreichten Support, für den bei Illumina ein Team aus Experten für Bibliotheksvorbereitung, Sequenzierung und Analyse zuständig ist, profitieren Sie jederzeit optimal von Ihrem Kauf und halten Betriebsunterbrechungen auf minimalem Niveau. Den technischen Support erreichen Sie telefonisch an fünf Tagen in der Woche. Der Onlinesupport steht weltweit rund um die Uhr in zahlreichen Sprachen zur Verfügung. In den meisten großen Metropolregionen können wir zudem kurzfristig Techniker zu Ihnen vor Ort entsenden. Dank einer ausgereiften globalen Fertigungsinfrastruktur zeichnen sich die Produkte von Illumina durch herausragende Konsistenz, Verfügbarkeit und Qualität aus.

## Zusammenfassung

Die Sequenziersysteme NovaSeq X und NovaSeq X Plus bieten eine extrem hohe Sequenzierungsleistung für datenintensive Anwendungen wie Genomsequenzierung, Einzelzellsequenzierung und Multiomik. Zahlreiche technische Innovationen wie XLEAP-SBS-Chemie und die geräteinterne DRAGEN-Sekundäranalyse ermöglichen Genomikern maximalen Durchsatz und höchste Genauigkeit. Die unerreichte Wirtschaftlichkeit des NovaSeq X System und des NovaSeq X Plus System läutet eine neue Ära der genomikbasierten Medizin zum Vorteil der menschlichen Gesundheit ein.

## Weitere Informationen

[NovaSeq X Sequencing System und NovaSeq X Plus Sequencing System](#)

[Sekundäranalyse mit DRAGEN](#)

Geräte der NovaSeq X Series – Spezifikationen

Parameter	Spezifikation
Gerätekonfiguration	Computer und 4K-Touchscreen-Bildschirm Für die Installation erforderliche Ausstattung und Zubehör Datenerfassungs- und Analysesoftware
Gerätesteuerscomputer	Basiseinheit: spezielles iEi-Motherboard mit AMD V1605b-CPU Arbeitsspeicher: 2 × 16 GB DDR4 SODIMM Festplatte: keine SSD: 480 GB M.2 Betriebssystem: Oracle 8
Geräterecheneinheit	Basiseinheit: spezielles iEi-Motherboard mit zwei AMD 7552-CPU Arbeitsspeicher: 8 × 64 GB + 8 × 128 GB DDR4 RDIMM Festplatte: keine SSD: 480 GB M.2 + 5 × 12,8 TB U.2 Betriebssystem: Oracle 8
Betriebsbedingungen	Temperatur: 15 °C bis 30 °C, Änderung von < 2 °C pro Stunde Luftfeuchtigkeit: 20 % bis 65 % relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend) Höhe: unter 2.000 m Belüftung: die maximale Wärmeabgabe des Geräts beträgt 9.200 BTU/h und die durchschnittliche Wärmeabgabe beträgt 7.507 BTU/h Nur für den Innengebrauch
Laser	Laserprodukt der KLASSE 1 532 nm (max. Leistung 4,5 W), 457 nm (max. Leistung 6 W)
RFID	Betriebsfrequenz 13,56 MHz, Ausgangsleistung 200 mW
Abmessungen	B × T × H: 86,4 cm × 93,3 cm × 158,8 cm Nettogewicht (ohne USV): 531 kg Nettogewicht (mit USV): 568 kg Bruttogewicht: 722 kg Gewicht der Zubehöropalette: 238 kg
Leistungsbedarf	200–240 VAC, 50/60 Hz, 15A, einphasig Eine landesspezifische unterbrechungsfreie Stromversorgung (USV) ist im Lieferumfang des Geräts enthalten. Je nach Region gelten Mindestanforderungen an die Stromstärke.
Netzwerkverbindung	Dedizierte 10-GBE-Verbindung ((10GBASE-T) über RJ-45 vom Gerät) zwischen dem Gerät und dem Datenmanagementsystem; direkte Verbindung oder Verbindung über das Netzwerk
Bandbreite für Netzwerkverbindung	<i>Für Primär analysedaten:</i> 800 Mbit/s je Gerät für Uploads ins lokale Netzwerk 800 Mbit/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-/Illumina Connected Analytics-Uploads 15 Mbit/s je Gerät für Uploads von Betriebsdaten des Geräts <i>Für Primär- und Sekundär analysedaten:</i> 3,2 Gbit/s je Gerät für interne Netzwerk-Uploads 3,2 Gbit/s je Gerät für BaseSpace Sequence Hub-/Illumina Connected Analytics-Uploads 15 Mbit/s je Gerät für Uploads von Betriebsdaten des Geräts

Bestellinformationen

System	Katalog-Nr.
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	20084804
Sequenzierungsreagenzien-Kits	Katalog-Nr.
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (100 cycles)	20104703
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (200 cycles)	20104704
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (300 cycles)	20104705
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (100 cycles)	20085596
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (200 cycles)	20085595
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles)	20085594
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (100 cycles)	20125967
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (200 cycles)	20125968
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

Quellen

1. Illumina. Datenblatt zum NovaSeq 6000 System. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf). Veröffentlicht 2017. Aktualisiert 2022. Aufgerufen am 1. Juni 2022.
2. Illumina. Datenblatt zu Sequenziersystemen der HiSeq X Ten Series. [illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf). Veröffentlicht 2014. Aktualisiert 2016. Aufgerufen am 6. November 2024.
3. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN Wins at PrecisionFDA Truth Challenge V2 Showcase Accuracy Gains from Alt-aware Mapping and Graph Reference Genomes. [illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html). Veröffentlicht am 9. November 2020. Aufgerufen am 6. November 2024.
4. Illumina. Datenblatt zur DRAGEN Bio-IT Plattform. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf). Veröffentlicht 2018. Aktualisiert 2022. Aufgerufen am 1. Juni 2022.
5. Illumina. [Präsentation im Rahmen der JP Morgan Healthcare Conference](#); Januar 2022; San Diego, CA, USA.
6. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. [Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry](#). *Nature*. 2008;456(7218):53–59. doi:10.1038/nature07517
7. Nakazato T, Ohta T, Bono H. [Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive](#). *PLoS One*. 2013;8(10):e77910. doi:10.1371/journal.pone.0077910
8. Archivierte Datenberechnungen, Illumina, Inc. 2022.



+1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)  
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-US-00197 DEU v5.0