

# Systemes de séquençage NovaSeq<sup>MC</sup> X et NovaSeq X Plus

Un débit extraordinaire et une économie transformationnelle, plus durables que jamais

- Bénéficiez d'une précision et d'un débit exceptionnels pour effectuer des études plus approfondies, réaliser des projets plus ambitieux et appliquer des méthodes exigeant un plus grand volume de données.
- Réduisez le coût total de possession grâce à des innovations majeures dans le domaine de la chimie et de l'informatique, à la simplicité opérationnelle et aux flux de travail rationalisés.
- Minimisez l'impact environnemental à l'aide de réactifs lyophilisés permettant de réduire de manière considérable la taille, le poids, la masse plastique et les déchets de l'emballage.

**illumina**<sup>MD</sup>

Destiné à la recherche uniquement. Ne pas utiliser à des fins de diagnostic.



## Introduction

Les visionnaires de la génomique poussent encore plus loin les limites du séquençage de nouvelle génération (SNG). Répondre aux questions biologiques les plus complexes exige une meilleure capacité statistique obtenue via des études plus importantes et un séquençage approfondi pour cerner les événements génétiques rares. Une vue d'ensemble plus complète exige également une gamme plus étendue de méthodes de séquençage et une approche multiomique. Les avancées technologiques intégrées aux systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus (la série NovaSeq X) fournissent un débit important et des gains de productivité en permettant le séquençage de dizaines de milliers de génomes par an. Cette économie de séquençage transformationnelle donnera aux chercheurs en génomique les moyens de mener à bien des projets jusque-là impossibles à réaliser (figure 1).

Avec la série NovaSeq X, Illumina continue d'établir la norme en matière de précision et de facilité d'utilisation. Les avancées révolutionnaires dans les domaines de la chimie, de l'optique et des logiciels fournissent une vitesse, une qualité de données et une durabilité exceptionnelles. Les utilisateurs peuvent bénéficier d'un débit et d'une évolutivité exceptionnels sans sacrifier la flexibilité, la rationalisation et la facilité d'utilisation des flux de travail.

## L'innovation au service de la génomique à grande échelle avec une précision exceptionnelle

Les systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus fournissent le débit et la précision nécessaires aux applications exigeant un plus grand volume de données et à la génération de renseignements précieux à grande échelle. La performance basée sur la série NovaSeq X réduit le coût par gigabase (Gb) de jusqu'à 60 % par rapport au système NovaSeq 6000<sup>1</sup>. Le système NovaSeq X Plus est notre système de séquençage le plus puissant avec un débit allant jusqu'à 16 térabases (Tb) (ou jusqu'à 52 milliards de lectures uniques) par analyse de double Flow Cell. Le système NovaSeq X dispose d'une configuration de Flow Cell unique avec une plage de débit allant de 165 Gb à 8 Tb (ou jusqu'à 26 milliards de lectures uniques) par analyse (figure 2, figure 3, tableau 1)\*.

\* Pour garantir l'évolutivité future, les clients qui achètent un système NovaSeq X peuvent effectuer une mise à niveau complète vers le système NovaSeq X Plus pour bénéficier des capacités de double Flow Cell en fonction de l'évolution de leurs besoins.



Figure 1 : Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus – Les innovations d'Illumina continuent d'élargir l'accès à une génomique à débit élevé qui permettra d'acquérir de nouvelles données scientifiques.

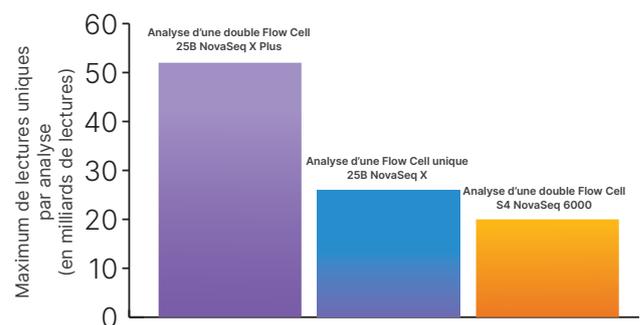


Figure 2 : Optimisez le débit de séquençage avec le système NovaSeq X Plus – Comparaison d'un débit maximal par analyse unique en milliards de lectures pour le système NovaSeq X Plus (analyse d'une double Flow Cell 25B), le système NovaSeq X (analyse d'une Flow Cell unique 25B) et le système NovaSeq 6000 (analyse d'une double Flow Cell S4)<sup>1</sup>.

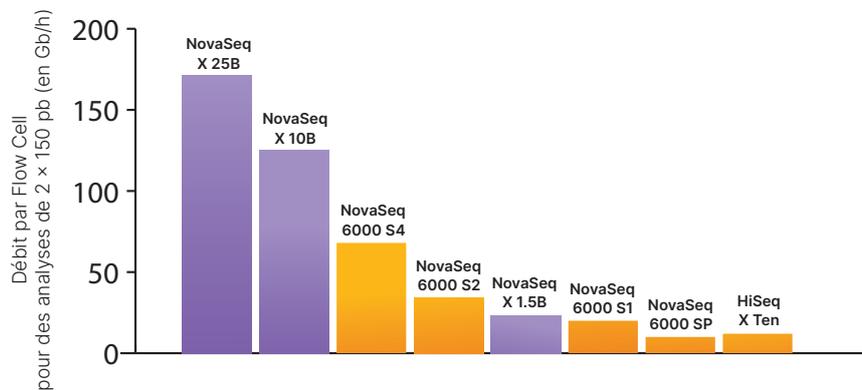


Figure 3 : La série NovaSeq X offre un débit de séquençage maximal – Comparaison du débit par Flow Cell unique et par heure pour les Flow Cell 1.5B, 10B, 25B de la série NovaSeq X, les Flow Cell SP, S1, S2, S4 du NovaSeq 6000<sup>1</sup> et du HiSeq X Ten<sup>2</sup>. Du premier génome à 1 000 \$ à aujourd’hui, Illumina continue de transformer l’économie du séquençage à débit élevé.

Trois types de Flow Cell permettent un débit évolutif de plus de 128 génomes humains à 30× la couverture, jusqu’à 1 500 exomes ou plus de 1 000 transcriptomes par analyse de double Flow Cell (tableau 2). De nombreuses innovations technologiques rendent possible ce nouveau niveau de séquençage :

- Flow Cell structurées à ultra haute densité avec des dizaines de milliards de nanopuits à des emplacements fixes pour 26 milliards de lectures uniques maximum (52 milliards de lectures appariées) par Flow Cell
- Caméra sur mesure à grande vitesse et optique bleu vert, grande ouverture numérique pour des images à ultra haute résolution et un débit et une qualité des données optimisés
- Algorithmes avancés de définition des bases et analyse secondaire DRAGEN<sup>MC</sup>, intégrés ou dans le nuage, pour une vitesse et une précision de pointe<sup>3,4</sup>

La série NovaSeq X est optimisée par la chimie XLEAP-SBS<sup>MC</sup> d’Illumina, notre chimie de séquençage par synthèse (SBS, Sequencing By Synthesis) la plus rapide, la plus robuste et de la plus haute qualité à ce jour. Conçue à partir de la base éprouvée de la chimie de SBS la plus répandue et la plus utilisée, la chimie XLEAP-SBS entraîne des améliorations significatives de la performance. Les nucléotides XLEAP-SBS utilisent de nouveaux marqueurs, lieurs et blocs qui sont plus résistants à la chaleur, 50 fois plus stables dans une solution et 500 fois plus stables lorsqu’ils sont lyophilisés. Une hydrolyse réduite par un facteur de 50 et un clivage du bloc 3 fois plus rapide améliorent considérablement la précision en réduisant la mise en phase et la mise en préphase. La nouvelle polymérase XLEAP-SBS est conçue pour incorporer plus rapidement les nucléotides et ce, beaucoup plus fidèlement qu’auparavant. Ensemble, ces innovations peuvent permettre de réduire les durées de cycle de moitié et de tripler la précision, comparativement au SBS standard<sup>5</sup>.

## Précision éprouvée

La chimie XLEAP-SBS utilise des nucléotides à terminateurs réversibles pour effectuer un véritable séquençage base par base qui réduit considérablement les erreurs et les définitions de bases manquées associées aux chaînes de nucléotides répétées (homopolymères)<sup>6</sup>. La chimie XLEAP-SBS est également compatible avec le séquençage à lecture appariée, facilitant ainsi la détection des réarrangements génomiques, des éléments de séquences répétitives, des fusions de gènes et des nouveaux transcrits. Les séquences alignées en tant que paires de lectures permettent un alignement plus précis des lectures et offrent la possibilité de détecter les variants d’insertion/suppression (indel), ce qui est plus difficile à obtenir avec des données à lecture unique<sup>7</sup>.

## Génération de renseignements précieux à grande échelle

Grâce à sa gamme d’applications et à sa performance révolutionnaire inégalées, la série NovaSeq X redéfinit les limites du séquençage à débit élevé pour propulser les recherches en génomique à un niveau supérieur. Une réduction de la durée d’analyse permet d’obtenir plus rapidement les résultats des échantillons critiques. Avec un débit plus élevé, les projets peuvent être terminés de manière plus efficace. Les scientifiques peuvent augmenter la capacité statistique via une conception d’étude plus large et des cohortes d’échantillons plus importantes. Les laboratoires peuvent analyser plus d’échantillons dans différentes conditions ou à différents moments pour révéler les propriétés dynamiques des cellules et des systèmes biologiques. Les études multiomiques, protéomiques, spatiales ou de cellules uniques peuvent élargir leur champ d’application et inclure plus de cellules, une résolution plus élevée ou plusieurs modalités. Les utilisateurs peuvent optimiser le nombre de lectures et augmenter la profondeur de séquençage à la résolution la plus élevée pour détecter les signaux et les variants basse fréquence.

Tableau 1 : Paramètres de performance de la série NovaSeq X<sup>a</sup>

Type de Flow Cell	1.5B	10B	25B
<b>Débit par analyse d'une Flow Cell unique<sup>a</sup></b>			
2 × 50 pb	Env. 165 Gb	1 Tb	2,6 Tb
2 × 100 pb	330 Gb	2 Tb	5,3 Tb
2 × 150 pb	500 Gb	3 Tb	8 Tb
<b>Débit par analyse d'une double Flow Cell<sup>a,b</sup></b>			
2 × 50 pb	Env. 330 Gb	2 Tb	5,3 Tb
2 × 100 pb	660 Gb	4 Tb	10,6 Tb
2 × 150 pb	1 Tb	6 Tb	16 Tb
<b>Lectures passant le filtre par Flow Cell<sup>a</sup></b>			
Lectures uniques	1,6 milliard	10 milliards	26 milliards
Lectures appariées	3,2 milliards	20 milliards	52 milliards
<b>Durée de l'analyse de l'instrument<sup>a,c</sup></b>			
2 × 50 pb	Env. 17 h	Env. 18 h	Env. 25 h
2 × 100 pb	Env. 20 h	Env. 22 h	Env. 38 h
2 × 150 pb	Env. 23 h	Env. 25 h	Env. 48 h
<b>Scores de qualité<sup>a,d</sup></b>			
2 × 50 pb	≥ 90 % des bases supérieures à Q30		
2 × 100 pb	≥ 85 % des bases supérieures à Q30		
2 × 150 pb	≥ 85 % des bases supérieures à Q30		

a. Les spécifications sont fondées sur la librairie de contrôle PhiX d'Illumina ou sur une librairie d'ADN TruSeq<sup>MC</sup> créée avec l'ADN humain de référence (Coriell, n° de référence NA12878) pour les densités des amplifiats pris en charge. 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. Les indicateurs de performance peuvent changer.

b. Les analyses d'une double Flow Cell ne s'appliquent qu'au système NovaSeq X Plus.

c. Les durées d'analyse incluent la génération d'amplifiats automatisée sur l'instrument, le séquençage, le lavage automatique après analyse et la définition des bases.

d. Un score de qualité (Q-score) permet de prédire la probabilité d'une erreur dans la définition des bases. Le pourcentage de bases ≥ Q30 est une moyenne calculée sur l'intégralité de l'analyse.

## Économie transformationnelle et gains de productivité

La série NovaSeq X prend en charge la meilleure équation du coût total de possession pour le séquençage à débit élevé. Au-delà de l'importante réduction du coût par Gb, la série NovaSeq X est une solution rentable tout au long du flux de travail, notamment grâce à sa simplicité opérationnelle, à son analyse de données intégrée, à ses avancées en matière de durabilité et à l'assistance de classe mondiale (figure 4).

## La meilleure expérience utilisateur

Chaque aspect du flux de travail de la série NovaSeq X est optimisé pour réduire la durée et le travail nécessaires à la réalisation de projets. Les systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus intègrent une conception ergonomique réfléchie et des innovations pour faciliter leur utilisation, notamment :

- écran tactile de résolution 4K extra-large pour voir avec précision la progression de l'analyse en un coup d'œil ou lire les indicateurs détaillés de la performance de séquençage sur l'instrument (figure 5);
- cartouches de réactifs de chargement-lancement avec « fenêtres de décongélation » pour vérifier visuellement que les réactifs sont complètement décongelés;
- lignes de Flow Cell adressables individuellement avec chargement de lignes indépendantes automatisé sur l'instrument pour diviser facilement les projets et les échantillons au sein de huit lignes maximum;
- 4× moins d'exigences d'entrée de librairie<sup>†</sup> pour permettre le séquençage à grande profondeur d'échantillons précieux et de nouvelles applications pour les types d'échantillons problématiques;
- génération automatisée d'amplifiats sur l'instrument et lavage automatique après analyse pour rationaliser le flux de travail de séquençage;
- options flexibles de planification d'analyses pour configurer sans contact une analyse secondaire pour les principales applications (figure 6);
- réactifs légers, cartouches de tampon et conteneurs à déchets faciles à manipuler;
- clavier rétractable et instructions illuminées sur les tiroirs de consommables pour un chargement guidé.

 Effectuez une visite virtuelle, [illumina.com/TourNovaSeqX](https://illumina.com/TourNovaSeqX)

<sup>†</sup> Par rapport au flux de travail intégré du NovaSeq 6000 System.

Tableau 2 : Estimation du débit d'échantillons pour les principales applications<sup>a</sup>

Type de Flow Cell	Par analyse d'une Flow Cell unique			Par analyse de double Flow Cell <sup>b</sup>		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Génomes humains	~ 4	~ 24	~ 64	~ 8	~ 48	~ 128
Exomes	~ 41	~ 250	~ 750	~ 82	~ 500	~ 1 500
Transcriptomes	~ 30	~ 200	~ 520	~ 60	~ 400	~ 1 040

a. Tous les débits d'échantillons sont des estimations. Les estimations des génomes humains supposent > 120 Gb de données par échantillon pour atteindre 30x la couverture. Les estimations des exomes supposent environ 8 Gb par échantillon pour atteindre 100x la couverture. Les estimations des transcriptomes supposent ≥ 50 millions de lectures. Le débit peut varier en fonction de la trousse de préparation de librairie utilisée. Les indicateurs de performance peuvent changer.

b. Les analyses d'une double Flow Cell ne s'appliquent qu'au système NovaSeq X Plus.

## Solution informatique complète et rationalisée

Les puces DRAGEN intégrées accélèrent la vitesse de calcul et sont dotées d'algorithmes de compression de données sans perte. La technologie d'archive des lectures d'origine DRAGEN ORA (Original Read Archive) peut automatiser la compression de fichiers FASTQ (fastq.gz) jusqu'à 5x pour permettre des transferts de données plus rapides et une gestion des données simplifiée. Une empreinte de données plus faible réduit également les coûts de stockage et de consommation énergétique.

Grâce à une structure de calcul parallèle, l'analyse secondaire DRAGEN utilise la cartographie Multigenome (Graph) et l'apprentissage machine pour accroître la précision de manière systématique<sup>3,4</sup>. Du fait de son intégration à la série NovaSeq X, la plateforme DRAGEN peut analyser plusieurs pipelines d'analyse secondaire en parallèle, sur l'instrument ou dans le nuage.

Exécutez jusqu'à quatre applications simultanées par Flow Cell lors d'une analyse unique. Les pipelines d'analyse secondaire automatisée incluent :

- DRAGEN Germline pour le séquençage du génome entier;
- DRAGEN Somatic pour le séquençage du génome entier;
- DRAGEN Enrichment pour le séquençage de l'exome entier;
- DRAGEN RNA pour le séquençage du transcriptome entier;
- DRAGEN Methylation pour le séquençage de méthylation.

Ces principales applications sont prises en charge par des flux de travail complets de la librairie à l'analyse (tableau 3).



Figure 4 : Flux de travail de séquençage à débit élevé intuitif et optimisé – Les systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus fournissent un flux de travail complet qui inclut une configuration conviviale de l'analyse, un vaste ensemble de trousse de préparation de librairies compatibles et une analyse secondaire intégrée, pris en charge par la surveillance proactive de la performance de l'instrument.



Figure 5 : Utilisation simple – De nombreuses fonctions des systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus sont conçues pour simplifier le flux de travail de séquençage, notamment l'interface de l'écran tactile haute résolution et les cartouches contenant des réactifs prêts à utiliser pour un fonctionnement de type chargement-lancement.

## Innovations révolutionnaires en matière de durabilité

Les systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus ont été spécialement conçus pour réduire l'impact environnemental. La fiabilité et la stabilité améliorées des réactifs XLEAP-SBS permettent l'expédition et le stockage sous forme lyophilisée. Cette innovation majeure offre des avantages remarquables en matière de durabilité et d'expérience utilisateur :

- trousse de réactifs expédiées à température ambiante (sans glace sèche ni blocs de glace) pour réduire les déchets et le temps requis pour le déballage;
- possibilité d'utiliser les consommables dans une analyse de séquençage immédiatement après réception (ou après décongélation, en cas d'entreposage), permettant de réduire ainsi la durée de manipulation pour un traitement rationalisé;
- réduction de plus de 50 % du volume de la cartouche<sup>‡</sup> pour optimiser l'espace dans le congélateur et de stockage;
- réduction du poids par trousse de 90 % environ<sup>‡</sup> pour une manipulation plus aisée (seulement 4,5 kg [10 lb] au total, expédiée dans une seule boîte);
- élimination simple des consommables avec des composants recyclables qui se démontent sans outils spéciaux et réduction de 90 % environ des déchets d'emballage<sup>‡</sup>;
- réduction de la masse plastique de plus de 50 %<sup>‡</sup> grâce à l'utilisation de plastique recyclable et aux cartouches de tampon fabriquées en biopolymère à base de plantes (canne à sucre à 96 %).

<sup>‡</sup> Par rapport aux trousse de réactifs du NovaSeq 6000.

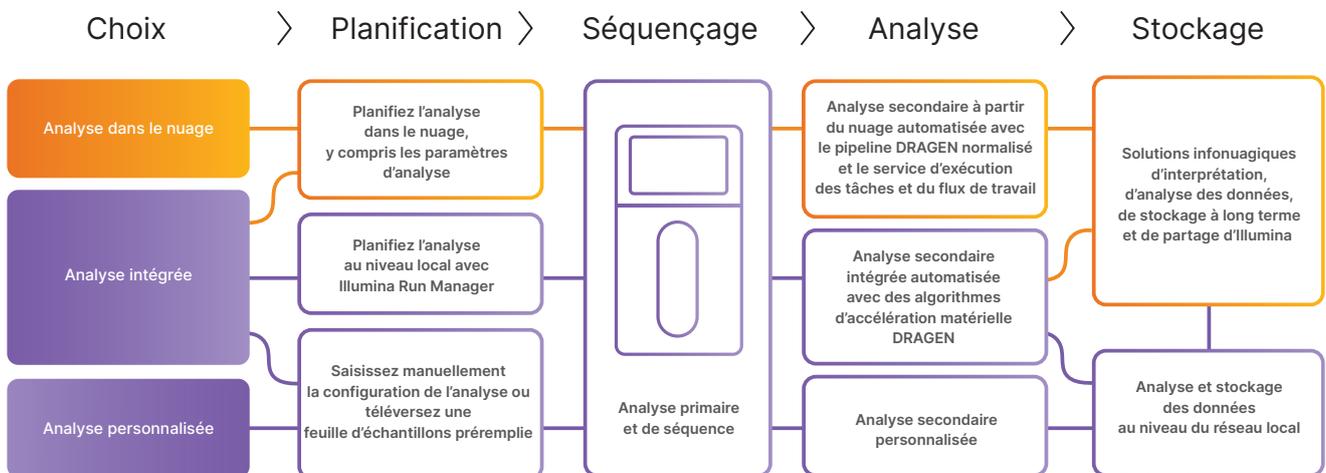


Figure 6 : Suite d'informatique flexible – Les systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus proposent des options locales (violet) et dans le nuage (orange) pour configurer, gérer et exécuter l'analyse, permettant aux utilisateurs d'exécuter leur séquençage à leur façon.

Tableau 3 : Exemple de flux de travail de la librairie à l'analyse pour les applications de séquençage à haute intensité sur la série NovaSeq X

Application	Préparation des librairies	Séquençage	Analyse des données
Séquençage du génome entier	<a href="#">Illumina DNA PCR-Free Prep</a>	NovaSeq X, Flow Cell 1.5B, 10B ou 25B, trousse 300 cycles	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
Séquençage de l'exome entier	<a href="#">Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment</a>	NovaSeq X, Flow Cell 1.5B, 10B ou 25B, trousse 200 cycles	DRAGEN Enrichment
Séquençage du transcriptome	<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, Flow Cell 1.5B, 10B ou 25B, trousse 200 cycles	ARN DRAGEN

## Technologie fiable, partenaire de confiance

En tant que fournisseur de plateforme de séquençage de nouvelle génération (SNG) privilégié, Illumina a expédié plus de 20 000 systèmes de séquençage à l'échelle mondiale. La technologie de séquençage de nouvelle génération (SNG) d'Illumina est citée dans plus de 300 000 publications évaluées par les pairs, 5 fois plus que toutes les autres technologies de séquençage de nouvelle génération (SNG) combinées<sup>8</sup>. Forte d'un savoir-faire confirmé depuis des décennies, Illumina a un engagement irrévocable envers l'innovation et le développement de futures fonctionnalités et applications de séquençage de nouvelle génération (SNG) ([figure 3](#)). La série NovaSeq X prouve que nous continuons d'être le chef de file dans le secteur des technologies génomiques.

### Engagée envers la réussite des clients

Pour vous aider à avoir confiance en vos investissements, à atteindre une performance optimale et à réduire au minimum les interruptions, Illumina met à disposition une équipe d'assistance de renommée mondiale composée de scientifiques expérimentés, d'experts en préparation de librairies, en séquençage et en analyse. L'assistance technique est disponible par téléphone cinq jours par semaine ou en ligne 24 heures sur 24 et 7 jours sur 7, partout dans le monde et en plusieurs langues, avec un délai d'intervention très court dans la plupart des principales régions métropolitaines. Illumina fournit une uniformité, un approvisionnement et une qualité des produits haut de gamme grâce à une infrastructure de fabrication mondiale évoluée.

## Résumé

Les systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus offrent une puissance de séquençage extraordinaire pour alimenter les applications à grand volume de données telles que le séquençage du génome entier, le séquençage de cellules uniques et l'analyse multiomique. De nombreuses innovations techniques, y compris la chimie XLEAP-SBS et l'analyse secondaire DRAGEN intégrée, offrent un débit et une précision maximum aux chercheurs en génomique. L'économie transformationnelle rendue possible grâce aux systèmes NovaSeq X et NovaSeq X Plus inaugurera une nouvelle ère de connaissances en génomique pour améliorer la santé humaine.

## En savoir plus

[Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus](#)  
[Analyse secondaire DRAGEN](#)

Caractéristiques de l'instrument série NovaSeq X

Paramètre	Caractéristique
Configuration de l'instrument	Ordinateur et écran tactile 4K Configuration de l'installation et accessoires Logiciel de collecte et d'analyse des données
Ordinateur de commande de l'instrument	Unité de base : carte personnalisée iEi avec processeur AMD V1605b Mémoire : 2 × 16 Go DDR4 SODIMM Disque dur : aucun Disque à circuits intégrés (SSD) : 480 Go M.2 Système d'exploitation : Oracle 8
Moteur de calcul de l'instrument	Unité de base : carte personnalisée iEi avec processeur double AMD 7552 Mémoire : 8 × 64 Go + 8 × 128 Go DDR4 RDIMM Disque dur : aucun Disque à circuits intégrés (SSD) : 480 Go M.2 + 5 × 12,8 To U.2 Système d'exploitation : Oracle 8
Environnement de fonctionnement	Température : de 15 °C à 30 °C, <2 °C de variation par heure Humidité : humidité relative de 20 % à 65 %, sans condensation Altitude : en dessous de 2 000 mètres (6 500 pieds) Ventilation : la production de chaleur maximale pour l'instrument est de 9 200 BTU/h et la production de chaleur moyenne est de 7 507 BTU/h. Réservé à un usage en intérieur
Laser	Produit laser de CLASSE 1 532 nm (puissance maximale de 4,5 watts), 457 nm (puissance maximale de 6 watts)
RFID	Fréquence de fonctionnement de 13,56 MHz, puissance de sortie de 200 mW
Dimensions	l × P × H : 86,4 cm × 93,3 cm × 158,8 cm Poids à sec (sans ASI) : 531 kg (1 171 lb) Poids à sec (avec ASI) : 568 kg (1 253 lb) Poids avec emballage : 722 kg (1 591 lb) Poids de la palette d'accessoires : 238 kg (525 lb)
Exigences d'alimentation	200 à 240 VCA, 50/60 Hz, 15 A, monophasé Illumina fournit des systèmes d'alimentation sans interruption (ASI) propres aux différentes régions. Les exigences minimales en termes d'intensité de courant peuvent dépendre de la tension de la région.
Connexion réseau	Connexion dédiée de 10 GbE ([10 GBASE-T] avec le connecteur RJ-45 de l'instrument) entre l'instrument et le système de gestion des données; connexion établie directement ou connexion réseau
Bande passante pour la connexion réseau	<i>Pour les données d'analyse primaire :</i> 800 Mb/s par instrument pour les téléversements sur le réseau local 800 Mb/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mb/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument <i>Pour les données d'analyse primaire et secondaire :</i> 3,2 Gb/s par instrument pour les téléversements sur le réseau local 3,2 Gb/s par instrument pour les téléversements dans BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mb/s par instrument pour le téléversement des données opérationnelles de l'instrument

Renseignements relatifs à la commande

Système	N° de référence
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	20084804
Trousses de réactifs de séquençage	N° de référence
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

## Références

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. [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). Publié en 2017. Mis à jour en 2022. Consulté le 1er juin 2022.
2. Illumina. HiSeq X Ten Series of Sequencing Systems specification sheet. [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). Publié en 2014. Mis à jour en 2016. Consulté le 6 novembre 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). Publié le 9 novembre 2020. Consulté le 6 novembre 2024.
4. Illumina. DRAGEN Bio-IT Platform data sheet. [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). Publié en 2018. Mis à jour en 2022. Consulté le 1er juin 2022.
5. Illumina. [Presentation at JP Morgan Healthcare Conference; January 2022; San Diego, CA.](#)
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. Calculs des données internes, Illumina, Inc., 2022.



Número sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809 4566 |  
 Téléphone : + (1) 858 202 4566  
[techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com) | [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2024 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-US-00197 FRA v5.0