

スペックシート

NovaSeqTM Xおよび NovaSeq X Plus システム

驚異的なスループット、革新的な
経済性およびこれまでにない
サステナビリティ

- 優れたスループットと精度を提供し、より大規模な研究や野心的なプロジェクト、データ集約型メソッドを実施
- ケミストリーとインフォマティクス、操作の簡便化、効率化されたワークフローにおけるブレイクスルーイノベーションにより、総所有コストを削減
- 凍結乾燥試薬により梱包サイズ、重量、プラスチック量および廃棄物を大幅に減少することで環境への影響を最小限に抑制

illumina[®]

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。



はじめに

ゲノミクスの先見者たちは、次世代シーケンサー(NGS)が実現できる限界を広げようとしています。最も複雑な生物学的課題に応えるには、より大規模な研究で可能になる統計学的検出力の向上、希少な遺伝的事象を同定するためのより詳細なシーケンス、そしてより包括的な見解を得るための幅広いシーケンスメソッドおよびマルチオミクスが必要となります。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムに搭載されたテクノロジーの進歩により、膨大な量のスループットと生産性の増加が実現し、1年あたり最大数万ゲノムのシーケンスが可能になります。シーケンスの経済性に革新がもたらされることにより、ゲノムサイエンティストがこれまで手が届かないと考えていたプロジェクトを実現させることができます(図1)。

NovaSeq Xシリーズで、イルミナは精度とユーザビリティの基準を定め続けます。ケミストリー、光学およびソフトウェアにおける革新的な進歩を組み合わせ、これまでにないスピード、データ品質およびサステナビリティをもたらします。ワークフローの柔軟性、効率性、利便性を損なうことなく、卓越したスループットとスケラビリティを手にすることができます。

非常に高精度の大規模ゲノミクスを推進するためのイノベーション

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、多くのデータを扱うアプリケーションを実行し、大きな規模で意義のある洞察を得るために必要なスループットと精度を備えています。NovaSeq Xシリーズの性能は、NovaSeq 6000システムと比較して、ギガベース(Gb)あたり最大60%コストを削減します。¹ NovaSeq X Plusシステムはイルミナの最もパワフルなシーケンスシステムであり、デュアルフローセルランあたり16テラベース(Tb)(最大520億シングルリード)を出力します。NovaSeq Xシステムは、ランあたり165 Gbから8 Tb(最大260億シングルリード)の出力範囲のあるシングルフローセル構成が特徴です(図2、図3、表1)。^{*}

^{*} 今後のスケラビリティを確保するために、NovaSeq Xシステムをご購入するお客様は、デュアルフローセル性能に対応する必要が生じた場合、NovaSeq X Plusシステムへのフルアップグレードができます。



図1: NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステム: イルミナのイノベーションは、新しい科学的洞察を推進するハイスループットゲノミクスへのアクセスを拡大し続けています。

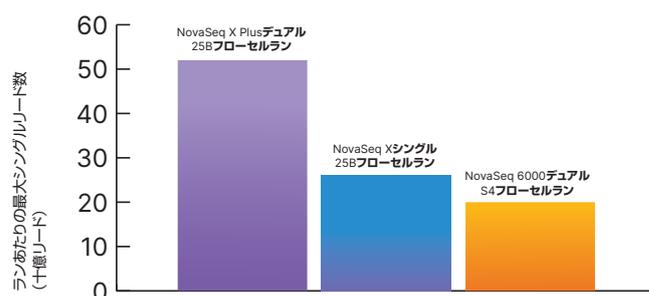


図2: NovaSeq X Plusシステムによる最大のシーケンス出力: NovaSeq X Plusシステム(デュアル25Bフローセルラン)、NovaSeq Xシステム(シングル25Bフローセルラン)およびNovaSeq 6000システム(デュアルS4フローセルラン)での数十億リードにおけるシングルランあたりの最大出力の比較。¹

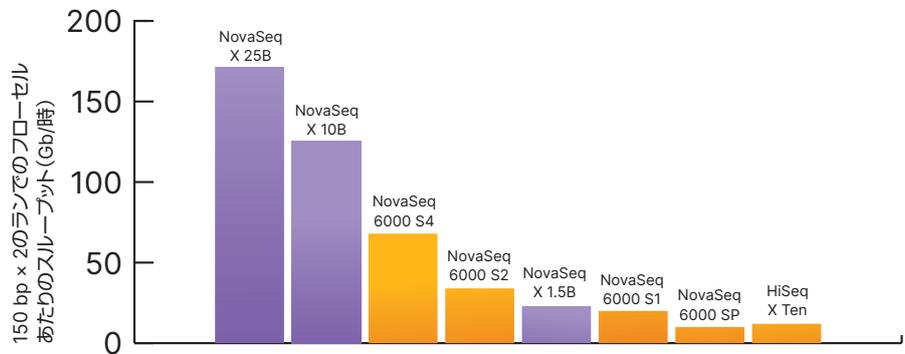


図 3: NovaSeq Xシリーズは最大のシーケンススループットを提供: NovaSeq Xシリーズ1.5B、10B、25Bフローセル、NovaSeq 6000 SP、S1、S2、S4フローセル¹、HiSeq X Tenでの1時間あたりのシングルフローセルごとの出力の比較。² 最初の1,000ドルゲノムから今日まで、イルミナはハイスループットシーケンスの経済性に革新をもたらしています。

3種類のフローセルタイプで、デュアルフローセルランあたり128以上の30×カバレッジでのヒトゲノム、最大1,500エクソームまたは1,000以上のトランスクリプトームを解析する、スケーラブルなスループットに対応します(表2)。数々の技術的なイノベーションにより、この新しいレベルでのシーケンスが可能になっています。

- 固定位置に配された数百億のナノウェルの超高密度パターン化フローセルにより、フローセルあたり最大260億のシングルリード(520億ペアエンドリード)に対応
- 超高解像度画像取得のための高開口数、カスタムハイスピードカメラおよび青緑光学により、スループットとデータ品質を最大化
- 進化したベースコールアルゴリズム、受賞歴のある精度とスピードのDRAGEN™ 二次解析(内蔵型またはクラウド)との統合^{3,4}

NovaSeq Xシリーズは、これまでで最速かつ最高品質で、最も堅牢なSequence by Synthesis(SBS)ケミストリーである、イルミナのXLEAP-SBS™ ケミストリーを採用しています。XLEAP-SBSケミストリーは、最も広く採用され、用いられているSBSケミストリーの実績ある基盤を基に、性能の点で大幅な改良がなされています。XLEAP-SBSのヌクレオチドは新規色素、リンカー、およびブロックングを使用し、耐熱性が向上し、溶液中で50倍以上の安定性があり、凍結乾燥時に500倍以上の安定性があります。加水分解が50倍低下し、ブロックング切断が3倍高速になったことで、フェーシングとプレフェーシングが低下し、精度が大幅に改善されました。新しいXLEAP-SBSポリメラーゼはより速く、これまでになく高いフィデリティでヌクレオチドを取り込むように設計されています。これらのイノベーションにより、標準的なSBSよりも最大2倍速いサイクル時間と最大3倍高い精度を実現します。⁵

実績ある精度

XLEAP-SBSケミストリーは真の塩基ごとのシーケンスを実施するために可逆的ターミネーターヌクレオチドを使用します。これにより、繰り返し配列領域(ホモポリマー)のエラーやコールミスが大幅に抑えられます。⁶ また、XLEAP-SBSケミストリーはペアエンドシーケンスにも対応しており、ゲノム再配列、繰り返し配列エレメント、融合遺伝子および新規転写産物の検出が容易になります。リードペアとしてアライメントされた配列は、より正確なリードのアライメントが可能となり、シングルリードデータでは困難である、挿入欠失(Indel)バリエーションを検出することができます。⁷

意義のある洞察を大きな規模で提供

他に類のないアプリケーションの幅広さと革新的な性能を備え、NovaSeq Xシリーズはハイスループットシーケンスの限界を塗り替え、ゲノミクス研究の前進を推し進めます。ラン時間の高速化は、重要なサンプルに対して迅速に答えが得られることを意味します。優れたスループットにより、プロジェクトはより効率的に完了します。幅広い研究デザインと大規模なサンプルコホートから、統計学的検出力を増やすことができます。さまざまな条件下やさまざまな時点でより多くの検体を研究でき、細胞と生体系の動的な特性を明らかにできます。シングルセル、空間的、プロテオミクス、またはその他のマルチオミクス研究は、より多くの細胞、より高い解像度、または複数のモダリティに対象範囲を拡大することができます。高解像度で見解を得るために、リード数を最大にし、シーケンス深度を深めることで、低頻度のシグナルやバリエーションを検出できます。

表1: NovaSeq Xシリーズの性能パラメーター^a

フローセルタイプ	1.5B	10B	25B
シングルフローセルランあたりの出力 ^a			
50 bp×2	~165 Gb	1 Tb	-
100 bp×2	330 Gb	2 Tb	-
150 bp×2	500 Gb	3 Tb	8 Tb
デュアルフローセルランあたりの出力 ^{a,b}			
50 bp×2	~330 Gb	2 Tb	-
100 bp×2	660 Gb	4 Tb	-
150 bp×2	1 Tb	6 Tb	16 Tb
フローセルあたりのパスフィルターリード数 ^a			
シングルリード	16億	100億	260億
ペアエンドリード	32億	200億	520億
装置ランタイム ^{a,c}			
50 bp×2	~15時間	~18時間	-
100 bp×2	~18時間	~22時間	-
150 bp×2	~21時間	~25時間	~48時間
クオリティスコア ^{a,d}			
50 bp×2	Q30以上の塩基が90%以上		
100 bp×2	Q30以上の塩基が85%以上		
150 bp×2	Q30以上の塩基が85%以上		

a. 仕様は最適クラスター密度でのイルミナPhiXコントロールライブラリーまたはNA12878を用いて生成したTruSeq DNAライブラリーに基づいています。性能はライブラリーの種類、クオリティ、インサートサイズ、ローディング濃度、およびその他の実験要因に応じて変わることがあります。

b. デュアルフローセルランはNovaSeq X Plusシステムでのみ利用可能です。

c. ランタイムは自動オンボードクラスター形成、シーケンス、自動ポストランウォッシュおよびベースコーリングを含みます。

d. クオリティスコア(Qスコア)は、ベースコーリングにおけるエラー確度の予測指標です。Q30以上の割合はラン全体の平均値を示します。

変革をもたらす経済性と生産性の向上

NovaSeq Xシリーズはハイスループットシーケンスのための最良の総所有コストをサポートします。Gbあたりのコストの大幅な削減だけでなく、操作の簡便性、統合型データ解析、サステナビリティの面での進歩および世界クラスのサポートを含む、ワークフロー全体を通して、NovaSeq Xシリーズはコストの効率化を追求します(図4)。

最高のユーザーエクスペリエンス

NovaSeq Xシリーズワークフローは、プロジェクトの完了に必要な時間と労力を最小に抑えるためにあらゆる点が最適化されています。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、次のような人間工学設計とユーザビリティイノベーションを豊富に取り込んでいます。

- 一目で分かるラン進行状況の明示や装置の詳細なシーケンス性能メトリクスの確認のための特大サイズの4K解像度のタッチスクリーン(図5)
- 試薬の融解を視覚的に確認する「融解確認窓」を備えたロード&ランの試薬カートリッジ
- フローセルレーンは個別に対処可能で、独立したレーンに自動でローディング。最大8レーンにわたってプロジェクトとサンプルを簡単に分割することが可能
- 必要なライブラリーインプット量[†]が4倍少なく、貴重なサンプルのウルトラディープシーケンスや、困難なサンプルタイプに対する新しいアプリケーションに対応可能
- 自動オンボードクラスター形成とポストランウォッシュの自動化によりシーケンスワークフローを効率化
- 主要なアプリケーションに対してタッチレスの二次解析を設定する柔軟なランプランニングオプション(図6)
- 取り扱いが容易な軽量試薬、緩衝液カートリッジおよび廃液容器
- 格納式キーボード、ローディングをガイドするための消耗品用引き出しの点灯サインなどその他細部

illumina.com/TourNovaSeqXでバーチャルツアーを体験できます

[†] NovaSeq 6000システムの搭載ワークフローとの比較

表2: 主要アプリケーションの概算サンプルスループット^a

フローセルタイプ	シングルフローセルあたり			デュアルフローセルあたり		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
ヒトゲノム	~4	~24	~64	~8	~48	~128
エクソーム	~41	~250	~750	~82	~500	~1,500
トランスクリプトーム	~30	~200	~520	~60	~400	~1,040

a. すべてのサンプルスループットは概算値です。30×以上のカバレッジを得るためにはヒトゲノムサンプルあたり120 Gb超のデータの概算値を想定しています。100×以上のカバレッジを得るためにはエクソームサンプルあたり約8 Gbの概算値を想定しています。トランスクリプトームは50 Mリード以上の概算値を想定しています。使用するライブラリー調製キットによってスループットが変わることがあります。性能メトリクスは変わることがあります。
 b. デュアルフローセルランはNovaSeq X Plusシステムでのみ利用可能です。

効率化された包括的なインフォマティクス

内蔵されたDRAGENチップは演算を高速化し、ロスレスデータ圧縮アルゴリズム性能を搭載しています。DRAGENオリジナルリードアーカイブ(ORA)はFASTQファイルを最大5倍まで自動で圧縮し、データ転送の高速化とデータ管理の簡便化を実現します。小さなデータフットプリントでもストレージとエネルギー消費のコストを削減します。

並列計算構造を持つDRAGENマルチゲノム(グラフ)は、スケーラブルな機械学習を使用して系統的に精度を高めます。^{3,4} NovaSeq Xシリーズに統合されているため、DRAGENプラットフォームは、内蔵型またはクラウド上のどちらでも、並行して複数の二次解析パイプラインを実行できます。1回のランでフローセルあたり同時に最大4つのアプリ

ケーションを実施します。自動二次解析パイプラインは次のようなものがあります。

- 全ゲノムシーケンス用DRAGEN Germline
- 全ゲノムシーケンス用DRAGEN Somatic
- 全エクソームシーケンス用DRAGEN Enrichment
- 全トランスクリプトームシーケンス用DRAGEN RNA
- メチル化シーケンス用DRAGEN Methylation

これら主要なアプリケーションは、ライブラリーから解析まで包括的なワークフローに対応します(表3)。



図 4: 直感的で最適化されたハイスループットシーケンスワークフロー: NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは使い勝手の良いランセットアップ、互換性のあるライブラリー調製キットの豊富なラインナップ、統合型の二次解析を含む包括的なワークフローを提供し、装置性能の事前モニタリングによってサポートされています。



図 5: 簡単な操作 : NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムの多くの機能は、シーケンスワークフローを簡便にするようにデザインされており、これには高解像度のタッチスクリーン式インターフェースやロード&ラン操作用の調製済み試薬が含まれます。

革新的なサステナビリティへのイノベーション

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは環境への影響を低減するように設計されました。XLEAP-SBS試薬の堅牢性と安定性の改善により、凍結乾燥形態での輸送と保管が可能となりました。この重要なイノベーションにより、サステナビリティとユーザーエクスペリエンスの観点において著しい利点がもたらされます。

- 試薬キットを常温(ドライアイスやアイスバックなし)で出荷することで、廃棄物の削減と開梱時間を短縮
- 受け取り直後(保存していた場合は融解後)にシーケンスランに消耗品を使用できるため、ハンズオンタイムを最小化し効率的な操作が可能
- 冷凍庫および保管スペースを最適化するためにカートリッジ体積を50%以上削減[‡]
- キット重量を約90%削減[‡](総重量たった10 lb(4.5 kg)、1箱で輸送)で、より簡単な取り扱い
- 特別なツールなしで分解できるリサイクル可能な部品で、簡単に廃棄できる消耗品、梱包材廃棄を約90%削減[‡]
- 植物ベースの生体高分子(サトウキビ96%)のできたリサイクル可能なプラスチックとバッファカートリッジを使用し、プラスチック量を50%以上削減[†]

[‡] NovaSeq 6000試薬キットとの比較

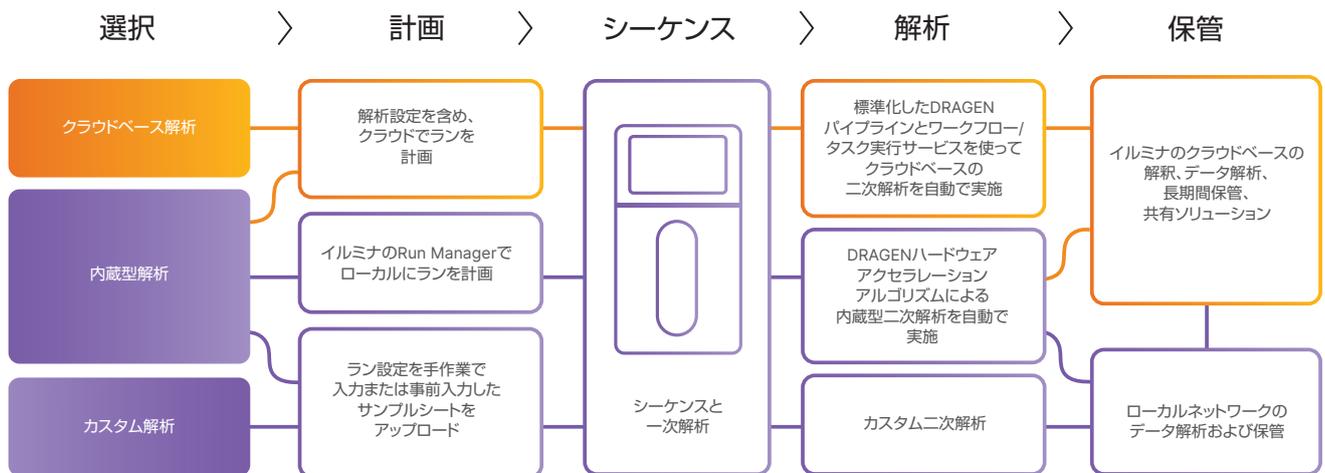


図 6: 柔軟なインフォーマティクス : NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは、ランセットアップ、ラン管理、データ解析に対してローカル(紫色)およびクラウドベース(オレンジ色)の両方のオプションがあり、お客様の好みでシーケンス方法を実行できます。

表3: NovaSeq Xシリーズの高密度シーケンスアプリケーションのライブラリー調製から解析までのワークフローの例

アプリケーション	ライブラリー調製	シーケンス	データ解析
全ゲノムシーケンス	Illumina DNA PCR-Free Prep	NovaSeq X 1.5B、10Bまたは25B フローセル、300サイクルキット	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
全エクソームシーケンス	Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment	NovaSeq X 1.5Bまたは10Bフローセル 200サイクルキット	DRAGEN Enrichment
トランスクリプトームシーケンス	Illumina Stranded Total RNA Prep Illumina Stranded mRNA Prep Illumina RNA Prep with Enrichment	NovaSeq X 1.5Bまたは10Bフローセル 200サイクルキット	DRAGEN RNA

信頼されるテクノロジー、信頼されるパートナー

選ばれるNGSプラットフォームプロバイダーとして、イルミナは世界中に20,000台以上のシーケンスシステムを送り出してきました。イルミナのNGSテクノロジーは、その他すべてのNGSテクノロジーを合わせた数の5倍以上である30万以上の査読付き論文で引用されています。⁸ 数十年もの専門知識を基に、イルミナはイノベーションと、未来のNGS性能とアプリケーションの構築に絶え間なく貢献しています(図3)。NovaSeq Xシリーズはゲノムテクノロジーにおけるイルミナの継続的なリーダーシップを立証しています。

お客様の成功に対する責任

お客様の投資に自信を持ち、最大の性能を達成し、中断を最小限に減らすために、イルミナでは、ライブラリー調製、シーケンス、解析に精通した経験豊富なサイエンティストで構成された世界トップレベルのサポートチームを用意しています。テクニカルサポートは、お電話でのお問い合わせについては週5日、オンラインサポートについては24時間365日(夜間・土日祝日は英語のみでの対応)、世界中どこからでも複数の言語でご利用いただけます。近くの大都市圏から迅速な応答時間で対応します。イルミナは、成熟した世界的製造インフラによって実現できる優れた製品一貫性、供給および品質を提供します。

まとめ

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムは優れたシーケンスパワーを提供し、全ゲノムシーケンス、シングルセルシーケンス、マルチオミクスなど、データを集約して取得するアプリケーションに力を与えます。XLEAP-SBSケミストリーや内蔵型のDRAGEN解析を含む、数多くの技術的イノベーションにより、ゲノムサイエンティストにとって最大のスループットと精度が実現します。NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステムによって経済性に革新がもたらされ、ゲノムに関する知識の新しい時代を推進し、人々の健康の向上につながります。

詳細はこちら

NovaSeq XおよびNovaSeq X Plusシステム: jp.illumina.com/NovaSeqX

DRAGEN二次解析: jp.illumina.com/DRAGEN

NovaSeq Xシリーズシステム仕様

パラメーター	仕様
装置の構成	コンピューターおよび4Kタッチスクリーンディスプレイ 設置、設定および付属品 データ収集および解析ソフトウェア
内蔵制御コンピューター	ベースユニット: AMD V1605b CPU搭載iEiカスタムボード メモリー: 2×16 GB DDR4 SODIMM ハードドライブ: なし ソリッドステートドライブ: 480GB M.2 オペレーティングシステム: Oracle 8
装置コンピューターエンジン	ベースユニット: デュアルAMD 7552 CPU搭載iEiカスタムボード メモリー: 8×64 GB + 8×128 GB DDR4 RDIMM ハードドライブ: なし ソリッドステートドライブ: 480GB M.2 + 5×12.8TB U.2 オペレーティングシステム: Oracle 8
動作環境	温度: 15°C~30°C、1時間の変化は2°C未満 湿度: 20~65%の相対湿度、結露なきこと 高度: 2,000 m(6,500フィート)未満 換気: 装置の最大熱出力9,200 BTU/時および平均熱出力7,507 BTU/時 屋内で使用のこと
レーザー光	クラス1レーザー製品 532 nm(最大電力4.5 W)、457 nm(最大電力6 W)
RFID	動作周波数: 13.56MHz、出力200 mW
寸法	幅×奥行×高さ: 86.4 cm×93.3 cm×158.8 cm 乾燥重量(UPSを除く): 1,171 lb 乾燥重量(UPSを含む): 1,253 lb 梱包重量: 1,591 lb(722 kg) 付属荷台重量: 525 lb(238 kg)
電源要件	200-240 VAC 50/60 Hz、15 A単相 使用地域に対応した無停電電源装置(UPS)を提供 最小アンペア数要件は地域の電圧によって異なる場合がある
ネットワーク接続	装置とデータ管理システム間はRJ-45(装置から)を用いる専用の10 GbE接続(10GBASE-T) 直接またはネットワーク経由で接続
ネットワーク接続の帯域幅	一次解析データ: ローカルネットワークのアップロードには800 メガビット/秒/装置 BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analyticsのアップロードには800 メガビット/秒/装置 システムの運用データアップロードには15 メガビット/秒/装置 二次および三次解析データ: ローカルネットワークのアップロードには3.2 ギガビット/秒/装置 BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analyticsのアップロードには3.2 ギガビット/秒/装置 システムの運用データアップロードには15 メガビット/秒/装置

製品情報

システム	カタログ番号
NovaSeq Xシステム	20084803
NovaSeq X Plusシステム	20084804
シーケンス試薬キット	カタログ番号
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 (300 cycles)	20104706

参考文献

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. jp.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. Published 2017. Updated 2022. Accessed June 1, 2022.
2. Illumina. HiSeq X Ten Series of Sequencing Systems specification sheet. jp.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf. Published 2014. Updated 2016. Accessed June 13, 2022.
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. jp.illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. Accessed June 1, 2022.
4. Illumina. DRAGEN Bio-IT Platform data sheet. jp.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assemblyd-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf. Published 2018. Updated 2022. Accessed June 1, 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. 社内資料 Illumina, Inc. 2022.

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階
 Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illuminakk

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件 : jp.illumina.com/tc

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。
 商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
 予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。