

NovaSeq™ 6000 シーケンサーシステム

すべてのゲノム、シーケンス手法、プロジェクト規模に対応できるスループットとフレキシビリティ

特長

- **スケーラブルなプラットフォーム**
研究ニーズに合ったデータ出力、結果取得までの時間、および研究費に合ったサンプルあたりのコストを実現
- **フレキシブルなパフォーマンス**
シーケンス手法、フローセルタイプ、およびリード長の組み合わせで、幅広いアプリケーションをサポート
- **効率的な操作**
ワークフローの単純化と操作時間の削減により効率性を向上

はじめに

NovaSeq 6000 システム (図 1) は画期的なイノベーションによりシーケンスの新時代を解き放ち、そのスループット、スピード、フレキシビリティにより、かつてない速さと経済性でユーザーのプロジェクトを完了させることができます。実績のあるイルミナ次世代シーケンス (NGS) テクノロジー、複数のフローセルタイプ、2 種類のライブラリーローディングワークフロー、多様なリード長の組み合わせによって、NovaSeq 6000 システムは、あらゆる研究ニーズに応えられる効果的なスループット調節を可能にします。

大量のデータを必要とするヒト全ゲノムシーケンス (WGS)、超ディープエクソームシーケンス、腫瘍 / 正常プロファイリングなどのアプリケーションを、高いコスト効率で行うことができるようになります。その一方で、ターゲットリシーケンスなどのデータをそれほど必要としない手法にも適用可能です。NovaSeq Xp ワークフローによって、個々のレーンにローディングできるようになり、各レーンで異なったライブラリーをシーケンスする自由度が高まります。簡単な操作と、データ保管および解析ツールの統合により、実験ワークフロー全体の効率化が図られるため、規模や目標に関係なく、あらゆるプロジェクトに恩恵を与えます。NovaSeq 6000 システムは、1 台のシステムあるいは大規模のシステムによるランの場合でも、幅広いサンプルタイプ、シーケンス手法の種類およびアプリケーションに新たな可能性を開きます。

スケーラブルなプラットフォーム

NovaSeq 6000 システムにより、強力なハイスループットなゲノミクスソリューションが提供されることで、研究目的に合ったスループットおよびサンプル調製コストで研究を推進できます。



図 1 : NovaSeq 6000 システム スループット、フレキシビリティ、操作性が一体となって、あらゆる手法、ゲノム、規模のシーケンスに変革をもたらします。

プロジェクトのニーズに合ったデータ出力

NovaSeq 6000 システムは、2 日以内に最大 6 Tb および 200 億リードまでのデータを出力します (表 1、図 2)。3 つのフローセルタイプとリード長を組み合わせることで、プロジェクトのニーズに合わせて自在にアウトプットおよびランタイムを設定することができます。

NovaSeq S1 および S2 フローセルは、高いスループットが求められるアプリケーションにおいて、迅速で強力なシーケンスを提供します。HiSeq™ 2500* または HiSeq 4000 フローセルよりも少ないリードと個々のレーンへのローディングにより、NovaSeq S1 フローセルは、1 ランあたりのサンプル数を増やす必要がなく、既存の HiSeq システムからの移行をスムーズに行うことができます。

NovaSeq S4 フローセルは、幅広い生物種およびカバレッジ深度に渡ってコスト効率の良い WGS を実現するため、より多くの研究室の施設内で WGS 研究を行うことを、魅力的で手ごろな選択肢として検討できます。

フレキシブルなパフォーマンス

NovaSeq 6000 システムは、シーケンスオプションに極めてフレキシブルに対応でき、幅広いアプリケーションをサポートします。3 つのフローセルタイプ (S1、S2 または S4) を組み合わせて、1 フローセル単独もしくは 2 フローセル同時にランができます。複数のリード長から選択することで、各シーケンスランのアウトプット量およびサンプルのスループットを容易に調節できます。

* v4 (高出力) フローセルの仕様に基づく HiSeq 2500 システムのリード数比較。

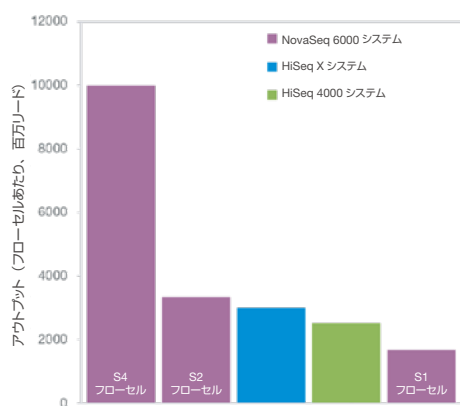


図 2 : NovaSeq 6000 システムによる広範なアウトプット NovaSeq 6000 システムは 1 フローセルで 134 Gb および 13 億リードから、3 Tb および 100 億リードまでのデータを出力することができます。デュアルフローセルでは、アウトプットは最大 6 Tb および 200 億リードとなります。NovaSeq 6000 システムのアウトプットは調整可能なため、幅広い範囲のアプリケーションに対応できます。

表 1 : NovaSeq 6000 システムフローセルの仕様

フローセルタイプ	S1	S2	S4
フローセルあたりのレーン数	2	2	4
フローセルあたりのアウトプット ^a			
50 bp × 2	134~167 Gb	333~417 Gb	なし ^b
100 bp × 2	266~333 Gb	667~833 Gb	なし ^b
150 bp × 2	400~500 Gb	1000~1250 Gb	2400~3000 Gb
シングルリード数 (パスフィルタークラスター数)			
	13~16 億	33~41 億	80~100 億
ペアエンドリード (パスフィルタークラスター数)			
	26~32 億	66~82 億	160~200 億
クオリティスコア (Q30) ^c			
50 bp × 2	85% 以上		
100 bp × 2	80% 以上		
150 bp × 2	75% 以上		
ランタイム ^d			
50 bp × 2	~13 時間	~16 時間	なし ^b
100 bp × 2	~19 時間	~25 時間	なし ^b
150 bp × 2	~25 時間	~36 時間	~44 時間

a. アウトプットおよびリード数の仕様は 1 フローセルあたりの値です。サポートされるクラスター密度でイルミナ PhiX コントロールライブラリーを用いています。NovaSeq 6000 システムは、1 つあるいは 2 つのフローセルを同時にランできます。

b. 該当データなし

c. クオリティスコアはイルミナ PhiX コントロールライブラリーを用いて、NovaSeq 6000 システムで NovaSeq S2 Reagent Kit を利用する条件に基づきます。パフォーマンスはライブラリータイプやクオリティ、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。

d. ランタイムは、同タイプの 2 つのフローセルを起動させた場合に基づいています。2 つの違うタイプのフローセルを起動させると、ランタイムに影響が出ます。

ライブラリーのローディング設定の拡大

NovaSeq 6000 システムには、フローセルのローディングに NovaSeq Xp ワークフローと標準ワークフローの 2 種類が用意されています。

NovaSeq Xp ワークフロー

オプションの NovaSeq Xp ワークフローでは、ユーザーは各フローセルのレーンに、異なるプロジェクト、または異なる手法毎にローディングできます。また NovaSeq Xp ワークフローでは、ユーザーがレーン内のサンプルをマルチプレックス処理でき、フローセル毎のサンプル数を最大にすることが可能です (例えば、NovaSeq S4 フローセル上の各 4 つのレーンに 96 サンプルずつロードすると合計 384 サンプル)。さらに、このマルチプレックス処理によって、標準ワークフローと比較して必要とされる DNA インプット量を削減できるメリットがあります。

この NovaSeq Xp ワークフローは、標準ワークフローの代替手段となります。NovaSeq Xp ワークフローは、試薬およびサンプルローディング用ディスポーザブルマニフォールドを含む NovaSeq Xp Kit、ならびにローディング用フローセルを搭載した NovaSeq Xp フローセルドックで構成されています。NovaSeq Xp のワークフローは自動化も可能です。

標準ワークフロー

NovaSeq 6000 システムでは、完全に自動化されたオンボードクラスター形成により操作時間を短縮した標準ワークフローによって、より迅速なサンプルローディングを実現します。用意したライブラリーを調製済みの試薬カートリッジ内のサンプルチューブに直接ロードし、サンプルチューブからシステムに直接ロードされることで完全に自動化されたクラスター形成が行われます。

幅広いシーケンス手法

NovaSeq 6000 システムは、様々なイルミナライブラリー調製キットと互換性があるため、発現プロファイリングから WGS およびその他の広範な手法に対応することができます (表 2)。

効率的な操作

NovaSeq 6000 システムでは、いくつかの高度な機能により研究室の効率性を高められます (図 3) :

- ロードしてすぐにランを開始できる (ロードアンドゴー) 試薬カートリッジは、HiSeq シリーズと比較して試薬消耗品の点数を 80% 削減しています。
- 調製済みの試薬は解凍してすぐに利用できるため、ユーザーが手を加える必要がなく、エラーの可能性を最小限に抑えられ、ランセットアップ時間を数分単位まで大幅に短縮することができます。
- RFID (無線自動識別) に対応した試薬消耗品により、自動追跡ができ、すべてのシーケンス試薬およびフローセルの互換性を確認できます。
- 自動化されたフローセルローディングおよびオンボードクラスター形成により操作時間を短縮します。

表 2：一般的なシーケンス手法の例

全ゲノムシーケンス
TruSeq™ DNA PCR-Free ^a
Nextera™ DNA Flex ^a
イルミナ TruSeq DNA UD Indexes (24 インデックス、96 サンプル) ^{b, c}
イルミナ TruSeq DNA UD Indexes (96 インデックス、96 サンプル) ^{b, c}
ターゲットリシーケンス
IDT エクソームパネルと TruSeq ワークフロー ^b
IDT エクソームパネルと Nextera ワークフロー ^b
TruSeq RNA Exome Enrichment ^a
RNA シーケンス
TruSeq Stranded Total RNA ^a
TruSeq Stranded mRNA ^a
イルミナ TruSeq RNA UD Indexes (24 インデックス、96 サンプル) ^{b, c}
イルミナ TruSeq RNA UD Indexes (96 インデックス、96 サンプル) ^{b, c}
メチル化シーケンス
TruSeq Methyl Capture EPIC
リスト内のライブラリー調製手法は、NovaSeq 6000 システムで使用できるものの一例です。全リストについては、 jp.illumina.com をご覧ください。
a. イルミナ認証済みの手法が利用できます。
b. IDT = Integrated DNA Technologies
c. UD Indexes = Unique Dual Indexes

最先端テクノロジー

NovaSeq 6000 システムは、最も強力で、簡単で、拡張性があり、信頼性の高い、ハイスループットの最新イルミナシーケンスプラットフォームであり、極めて質の高いデータを提供します。本システムは、実績のある 1 塩基合成 (SBS) ケミストリーに基づくイルミナシーケンスを採用しています。この独自の可逆的ターミネーター法は、数十億もの DNA 断片の大量並列のシーケンスを可能にし、伸長する DNA 鎖に取り込まれる 1 塩基を検出します。この手法により、反復ヌクレオチド配列領域 (ホモポリマー) に関連するエラーやコールミスが最小限に抑えられます。

精巧なデザイン

NovaSeq 6000 システムは、高性能イメージングと最新整列化フローセル技術を統合して、スループットを大幅に向上させます。優れた光学技術がもたらした高解像度と高速スキャンにより、NovaSeq 6000 システムは、これまでで最もハイスループットなイルミナシーケンスプラットフォームとなっています。

NovaSeq フローセルは、HiSeq X システムに初めて搭載された整列化フローセルからさらに機能が改善されています。各フローセルには、決められた位置に数十億ものナノウェルが存在し、均一なクラスター間距離とクラスターサイズを形成します。NovaSeq フローセルは、ナノウェル間の距離が短縮され、クラスター密度が大幅に増加しています。このクラスター密度の上昇とイルミナ独自の exclusion amplification clustering 技術とを組み合わせることで、単一の DNA テンプレートからなる DNA クラスターが入るナノウェルの数を最大化し、データ出力を大幅に増加させることが可能です。

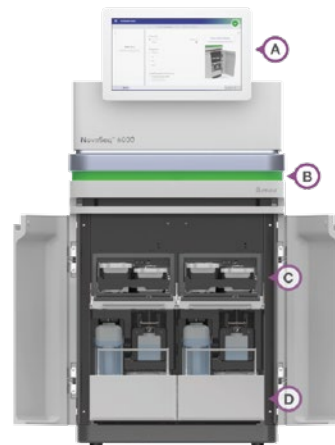


図 3：NovaSeq 6000 システムによる簡単な操作 NovaSeq 6000 システムの機能の多くはゲノム研究の単純化を目指して設計されています。例えば、(A) 直観的なタッチスクリーンインターフェース、(B) LED ディスプレイのランプによって示されるフローセルステータス、(C) スナップ操作で取り付け可能な、調製済みの試薬カートリッジ、(D) 簡単に取り外せる廃液容器、などが挙げられます。

包括的なシーケンスエコシステム

NovaSeq 6000 システムは、ワークフロー管理、マニュアルまたは自動のライブラリー調製、シーケンス、データ解析と解釈、およびサービスとサポートを包含するシーケンスエコシステムの基盤を形成するものです (図 4)。

ラボ情報管理システム (LIMS)

NovaSeq 6000 システムは、BaseSpace™ Clarity LIMS と完全な互換性があります。LIMS を使用することで、ラボでは包括的なサンプルや試薬の追跡、ワークフローの自動化、および装置に組み込み済みのオペレーションにより、運用の効率性を改善することができます。BaseSpace Clarity LIMS では、直観的なユーザーインターフェースと事前設定されたワークフローにより、即時のプロセス追跡やスケラビリティを迅速に実現できます。NovaSeq 6000 システムでは、ユーザーが開発またはその他のサードパーティーが開発した LIMS と統合することができます。

自動ライブラリー調製

イルミナは業界をリードする自動液体分注装置メーカーとパートナーシップを結ぶことで、「イルミナ認証」手法を数種開発しています (表 2)。イルミナ認証の表示があるものは、これらの手法で調製されたライブラリーは手動で調製されたものと同等のパフォーマンスを示すことを意味します。イルミナ認証された手法は検査室ですぐに利用でき、迅速にインストールできるため、時間と費用のかかる開発作業を最低限に抑えることができます。ライブラリー調製を自動化することで、実験全体での均一性を向上させ、人的ミスを削減し、操作時間を短縮し、スループットを改善できるため、ユーザーは NovaSeq 6000 システムの比類なき生産性を享受することができます。

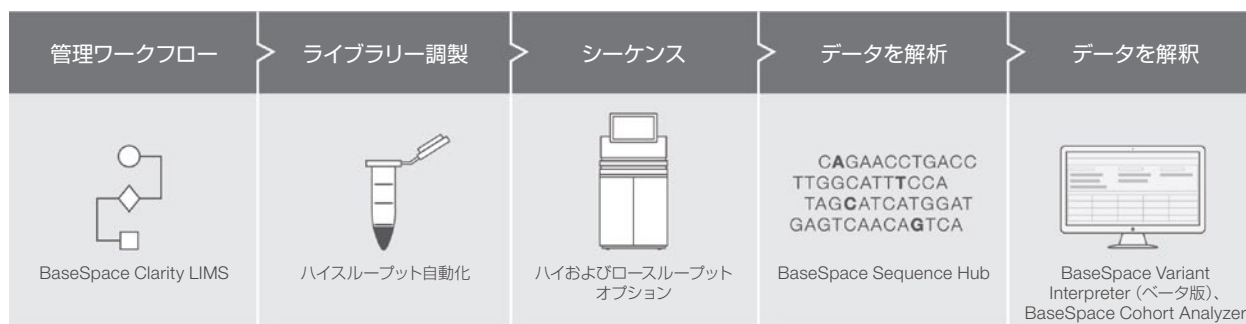


図 4: 包括的なシーケンスエコシステムの一環として NovaSeq 6000 システム NovaSeq 6000 システムは BaseSpace Clarity LIMS、イルミナライブラリー調製キットポートフォリオ、イルミナ認証手法サポート、および BaseSpace Sequence Hub と互換性を持ち、単一かつ統一されたワークフローによりシーケンスオペレーションを単純化します。

データ解析

NovaSeq 6000 システムで得られたデータは、大量データ処理に最適化されている、ユーザーが利用しやすいクラウドベースゲノムコンピューティングプラットフォームを採用した BaseSpace Sequence Hub にすぐさま転送することができます。Base Space Sequencing Hub により、データ管理、データ解析、データの保管が容易になります。データ解析ツールでは、アライメントや変異検出、アノテーション、可視化、解釈および体細胞変異コールなどを行います。

自前のパイプラインなど他の解析オプションの場合には、NovaSeq システムソフトウェアが、サイクルベースコール (*.cbcl) ファイルにより、リアルタイムでベースコールおよびクオリティスコアを生成します。付属の bcl2fastq2 ソフトウェアが、*.cbcl ファイルを下流の解析で使用可能な FASTQ ファイルに変換します。

まとめ

NovaSeq 6000 システムは、すべての研究者にとって NGS の可能性を広げてくれます。イルミナの NovaSeq 6000 システムは、比類なき拡張性のあるスループット、幅広いアプリケーションに対する高いフレキシビリティ、さらに操作の高効率性を備え、現時点で最も強力なハイスループットを発揮し、またユーザーの皆様がゲノムに関し、従来にも増して多くの知見を得るためのニーズに完璧に応えられるシステムです。

詳細はこちら

NovaSeq 6000 システムについて詳しくは、jp.illumina.com/novaseq をご覧ください。

製品情報

システム	カタログ番号
NovaSeq 6000 システム	20012850
シーケンス試薬キット	カタログ番号
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit (300 サイクル)	20012863
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit (200 サイクル)	20012864
NovaSeq 6000 S1 Reagent Kit (100 サイクル)	20012865
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit (300 サイクル)	20012860
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit (200 サイクル)	20012861
NovaSeq 6000 S2 Reagent Kit (100 サイクル)	20012862
NovaSeq 6000 S4 Reagent Kit (300 サイクル)	20012866
NovaSeq Xp ワークフロー	
NovaSeq Xp フローセルドック	20021663
NovaSeq Xp 2 レーンキット	20021664
NovaSeq Xp 4 レーンキット	20021665

NovaSeq システムシリーズの仕様

仕様
装置の構成 コンピューターおよび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: Intel i7 4700EQ CPU 搭載メモリー: Portwell WADE-80222 × 8 GB DDR3L SODIMM ハードドライブ: なし ソリッドステートドライブ: 256 GB mSATA オペレーティングシステム: Windows 注意: コンピューターの構成は定期的にアップグレードされます。最新の構成については、お近くの営業担当者にご連絡ください。
動作環境 温度: 19°C ~ 25°C (22°C ± 3°C)、1 時間に 2°C 未満の変化 湿度: 20% ~ 80% 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: 最大 8,530 BTU/h および平均 6,000 BTU/h 屋内で使用のこと。
レーザー光 532 nm、660 nm、780 nm、790 nm
寸法 幅×奥行×高さ: 80.0 cm (31.5 インチ) × 94.5 cm (37.2 インチ) × 165.6 cm (65.2 インチ) (モニター含む) 重量: 481 kg、そのうち、リークトレイが 3.5 kg、キーボードとマウスが 0.9 kg 梱包重量: 628 kg
電源要件 200 ~ 240 VAC 50/60 Hz、16A、単相、2,500 W 使用地域に対応した無停電電源装置を提供
ネットワーク接続 システム〜データ管理システム間は、1 Gb 接続専用回線、またはネットワークスイッチにより接続
ネットワーク接続の帯域幅 200Mb/秒 / システム (内部ネットワークのアップロード) 200Mb/秒 / システム (BaseSpace Sequence Hub ネットワークのアップロード) 5Mb/秒 / システム (システムの運用データアップロード)

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

© 2018 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。

Pub. No. 770-2016-025-I-JPN 18JUN2018

