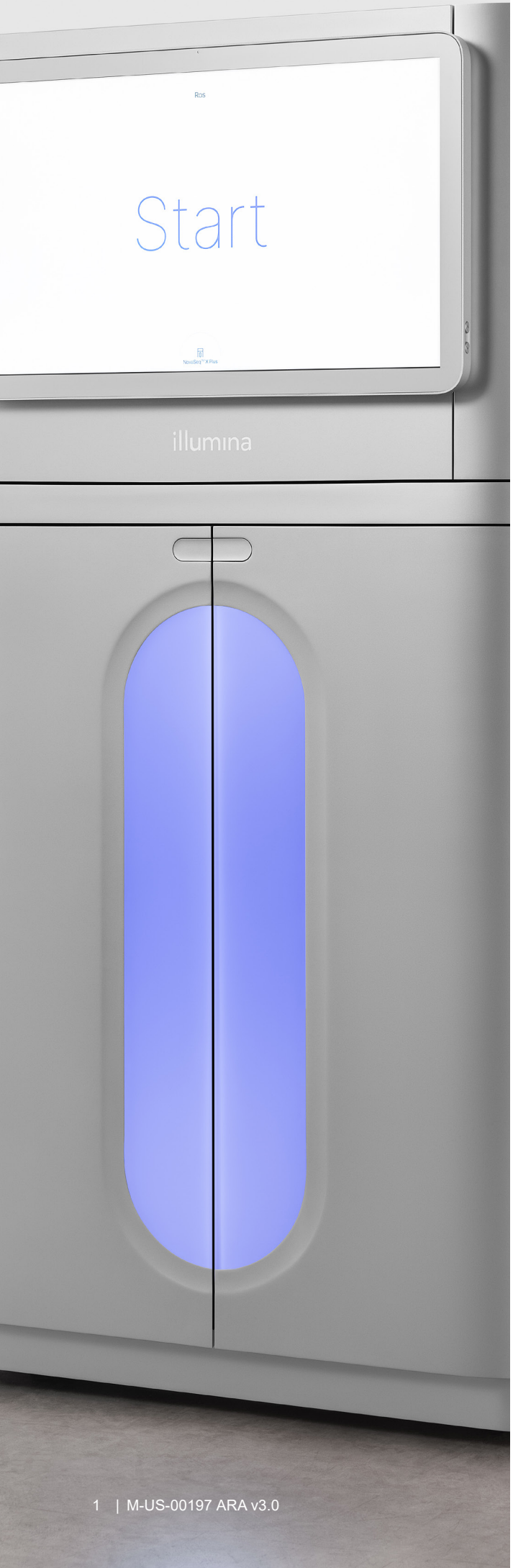


نظاما التسلسل NovaSeq™ X و NovaSeq X Plus

معدل تشغيل استثنائي واقتصاديات تحوّلية، أكثر استدامة من ذي قبل

- تمكّن من تحقيق معدّل تشغيل فريد ودقة استثنائية تساعدك على إجراء دراسات على نطاق أكبر، والمزيد من المشروعات الطموحة، والمزيد من طرق الاستخدام الكثيف للبيانات
- قلِّل من إجمالي تكلفة الملكية من خلال الابتكارات الخارقة في الكيمياء ونُظم المعلومات، والبساطة التشغيلية وعمليات سير العمل المبسّطة
- قلِّل من التأثير البيئي إلى أدنى حد باستخدام الكواشف المُجففة بالتبريد للتقليل بشكل كبير من حجم العبوة، ووزنها، وكتلتها البلاستيكية والنفايات

illumina®

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.

المقدمة

يعمل أصحاب الرؤى في مجال علم الجينوم على توسيع آفاق عمل الجيل التالي من تقنيات التسلل (NGS). تتطلب الإجابة على الأسئلة البيولوجية الأكثر تعقيدًا تزايد القدرة الإحصائية إلى جانب تمكينها من خلال دراسات أكبر حجمًا، وتسلسل أعمق لتحديد الأحداث الجينية النادرة، وطرق التسلسلال أوسع نطاقًا والأوميكس المتعددة من أجل تحقيق رؤية أكثر شمولًا. تقدّم التطورات التكنولوجية المدمجة في نظامي التسلسل NovaSeq X وNovaSeq X Plus مكاسب هائلة من حيث معدّل التشغيل والإنتاجية لتمكين تسلسل ما يصل إلى عشرات الآلاف من الجينومات بصفة سنوية. ستعمل اقتصاديات التسلسل التحويلية هذه على تمكين علماء الجينوم من تحقيق مشروعات كان يُعتقد سابقًا أنها بعيدة المنال (الشكل 1).

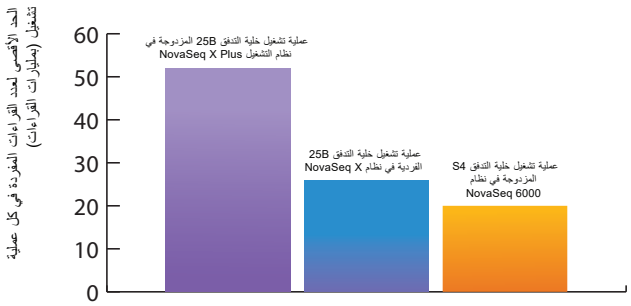
تُواصل Illumina وضع معايير الدقة وقابلية الاستخدام من خلال تقديم سلسلة NovaSeq X . يتم دمج التطورات الخارقة في علم الكيمياء، والبصريات، والبرمجة لتقديم سرعة، وجودة بيانات واستدامة استثنائية. "ويُمكن للمستخدمين تحقيق معدل تشغيل استثنائي وقابلية مذهلة للتوسّع دون التضحية بمرونة وبساطة وسهولة استخدام عمليات سير العمل.

الابتكار لدفع علم الجينوم على نطاق واسع بدقة استثنائية

يوفّر نظاما NovaSeq X وNovaSeq X Plus معدل التشغيل والدقة اللازمين لتمكين المزيد من التطبيقات ذات البيانات المكثفة وتقديم رؤى مفيدة على نطاق واسع. يُقلل الأداء على جهاز سلسلة NovaSeq X من التكلفة لكل جيجا قاعدة (Gb) بنسبة تصل إلى 60% مقاربنظام NovaSeq 6000[1] يُعدّ نظام NovaSeq X Plus نظام التسلسل الأكثر فعالية لدينا مع إخراج يصل إلى 16 تيرا قاعدة (Tb) (أو ما يصل إلى 52 مليار قراءة فردية) لكل عملية تشغيل لخلية تدفق مزدوجة. يتميّز نظام NovaSeq X بتكوين خلية تدفق فردية مع نطاق إخراج يبلغ 165 جيجا قاعدة إلى 8 تيرا قاعدة (أو ما يصل إلى 26 مليار قراءة فردية) لكل عملية تشغيل (الشكل 2، والشكل 3، والجدول 1).*

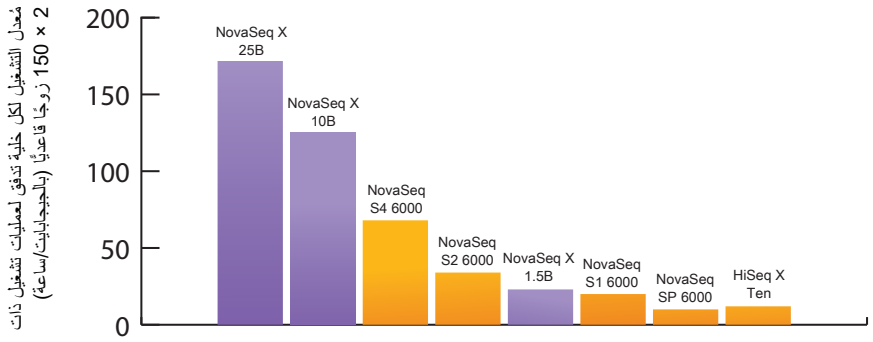
* لضمان قابلية التوسّع في المستقبل، يُمكن للعملاء الذين يشترون نظام NovaSeq X الترقية بالكامل إلى نظام NovaSeq X Plus لإمكانية الاستفادة من قدرة خلية التدفق المزدوجة مع تطوّر الاحتياجات.

الشكل 1: نظاما التسلسل NovaSeq X وNovaSeq X Plus — تُواصل Illumina توسيع نطاق ابتكاراتها لتصل إلى الجينومات ذات معدل التشغيل العالي التي ستقود رؤى علمية مبتكرة.



الشكل 2: زيادة إخراج التسلسل إلى أقصى حد باستخدام نظام NovaSeq X Plus—مقارنة الحد الأقصى للإخراج لكل عملية تشغيل مفردة من خلال مليارات القراءات لنظام NovaSeq X Plus (عملية تشغيل مزدوجة لخلية التدفق 25B)، ونظام NovaSeq X (عملية تشغيل مفردة لخلية التدفق 25B)، ونظام NovaSeq 6000 (عملية تشغيل مزدوجة لخلية التدفق S4).[1]

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.



الشكل 3: توفّر سلسلة NovaSeq X **أقصى حد من معدل تشغيل التسلسل**—مقارنة معدل التشغيل لكل خلية تدفق مفردة في الساعة؛ وذلك لخلايا التدفق 1.5B، و10B، و25B الخاصة بسلسلة NovaSeq X، وخلايا التدفق S1، وS2، وS4 الخاصة بنظام NovaSeq 6000 SP[1]، ونظام HiSeq X T en.[2] وبداية من أول جينوم صُنع بقيمة 1000 دولار أمريكي حتى اليوم، تُواصل Illumina إحداث تحولات في اقتصاديات التسلسل ذي معدل التشغيل العالي.

تدعم ثلاثة أنواع من خلية التدفق معدل تشغيل قابلًا للقياس لما يزيد عن 128 جينومًا بشريًا بتغطية تبلغ 30 مرة ، أو ما يصل إلى 1500 إكسوم، أوما يزيد عن 1000 من الترنسكريبتومات لكل عملية تشغيل مزدوجة لخلية التدفق (الجدول 2). الابتكارات التكنولوجية العديدة تجعل هذا المستوى الجديد من التسلسل ممكنًا.

- خلايا تدفق نموذجية عالية الكثافة إلى جانب عشرة مليارات من مَجمعات النانو في مواقع ثابتة لما يصل إلى 26 مليار قراءة مفردة (52 مليار قراءة مزدوجةالطرفين) لكل خلية تدفق
- فتحة رقمية عالية، وكاميرا مُخصصة عالية السرعة، ونظام بصري باللونين الأزرق والأخضر لتصوير عالي الدقة بغرض زيادة معدلات التشغيل وجودة البيانات إلى أقصى حدّ
- خوارزميات الاستدعاء الأساسي المتقدم والتحليل الثانوي لـ DRAGEN™المُدمج —المتاح داخل الجهاز أو في السحابة— لتحقيق دقة وسرعة حائزة على جائزة[3،4]

يتم تشغيل سلسلة NovaSeq X بواسطة تقنية XLEAP-SBS™ chemistry لدى Illumina، وهي كيمياء التسلسل من خلال التوليف (SBS) الأكثر سرعة، والأعلى جودة والأكثر قوة حتى الآن. توفّر تقنية XLEAP-SBS chemistry تحسينات كبيرة في الأداء، وتم تكوينها من خلال القاعدة المُثبتة لكيمياء التسلسل من خلال التوليف (SBS) الأكثر اعتمادًا واستخدامًا على أوسع نطاق. تستخدم نيوكليوتيدات تقنية XLEAP-SBS صبغات، وروابط، وكتلًا مبتكرة تُعدّ أكثر مُقاومة للحرارة، وتُظهر استقرارًا أكبر في المحلول بمقدار 50 مرّة، واستقرارًا أكبر عند التجفيف بالتبريد بمقدار 500 مرّة. يُساعد انخفاض التحلل المائي بمقدار 50 مرّة، وانقسام الكتل بصورة أسرع بمقدار 3 مرّات على تحسين الدقة بدرجة كبيرة من خلال التقليل من مرحلة المطاورة وما قبل المطاورة. صُمم إنزيم بلمرة تقنية XLEAP-SBS الجديد لدمج النيوكليوتيدات بشكل أسرع وبدقة أكبر من أيّ وقتٍ مضى. توفّر هذه الابتكارات معًا أوقات دورات أسرع بمقدار مرّتين ودقة أكبر بمقدار ثلاث مرّات مقارنةً بالتسلسل من خلال التوليف (SBS) القياسي.[5]

دقة مُثبتة

تستخدم تقنية XLEAP-SBS chemistry نيوكليوتيدات أداة الإنهاء القابلة للانعكاس لإجراء تسلسل دقيق لكل قاعدة؛ ما يحدّ بشكلٍ كبير من الأخطاء والاستدعاءات الفائتة المرتبطة بسلاسل النيوكليوتيدات المتكررة (البوليمرات المتجانسة).[6] تُعدّ تقنية XLEAP-SBS chemistry متوافقة كذلك مع التسلسل مزدوج الطرفين، ما يُسهّل من اكتشاف عمليات إعادة الترتيب الجينومية، وعناصر التسلسل المتكررة، والدمج الجيني والنسخ المبتكرة. تعمل عمليات التسلسل التي تمت محاذاتها كأزواج قراءة على تمكين محاذاة قراءة أكثر دقة إلى جانب القدرة على اكتشاف متغيرات الإدخال والحذف (الإنديلات)، وهو ما يُعدّ أكثر صعوبة عند استخدام بيانات القراءة المفردة.[7]

تقديم رؤى هادفة على نطاق واسع

من خلال النطاق الواسع منقطع النظير للتطبيق والأداء الثوري، تُعيد سلسلة NovaSeq X تعريف حدود التسلسل ذي معدل التشغيل العالي ما يدفع ببحث الجينومات إلى الأمام. كما قد تعني أوقات التشغيل الأكثر سرعة تقديم إجابات أسرع للعينات المهمة للغاية. ومن خلال تقديم معدل تشغيل أكبر، يُمكن إنهاء المشروعات بطريقة أكثر فعالية. ويُمكن للعلماء زيادة القدرة الإحصائية من خلال تصميم أوسع نطاقًا للدراسة وإعداد مجموعات أكبر للعينة. يُمكن للمختبرات دراسة المزيد من العينات في ظلّ ظروف أو نقاط زمنية مختلفة للكشف عن الخصائص الديناميكية للخلايا والأنظمة البيولوجية. يُمكن أن يتسع نطاق الدراسات أحادية الخلية، أو المكانية، أو علم البروتينات الوراثية أو دراسات الأوميكس المتعددة الأخرى لتشمل المزيد من الخلايا، أو دقة أعلى أو طرق متعددة. يُمكن للمستخدمين زيادة عدد القراءات إلى الحد الأقصى وزيادة عمق التسلسل حتى يُمكن العرض بأعلى دقة لإتاحة الكشف عن الإشارات والمتغيّرات منخفضة التردد.

الجدول 1: مَعلمات أداء سلسلة NovaSeq X[أ]

نوع خلية التدفق	1.5B	10B	25B
الإخراج لكل عملية تشغيل خلية تدفق مفردة[أ]			
2 × 50 زوجًا قاعديًا	165 جيجابايت تقريبًا	1 تيرابايت	–
2 × 100 زوج قاعدي	330 جيجابايت	2 تيرابايت	–
2 × 150 زوجًا قاعديًا	500 جيجابايت	3 تيرابايت	8 تيرا قاعدة
الإخراج لكل عملية تشغيل خلية تدفق مزدوجة[أ،ب]			
2 × 50 زوجًا قاعديًا	330 جيجابايت تقريبًا	2 تيرابايت	–
2 × 100 زوج قاعدي	660 جيجابايت	4 تيرابايت	–
2 × 150 زوجًا قاعديًا	1 تيرابايت	6 تيرابايت	16 تيرابايت
القراءات التي تمر من الفلتر لكل خلية تدفق[أ]			
القراءات المفردة	1.6 مليار	10 مليارات	26 مليارًا
القراءات مزدوجة الطرفين	3.2 مليارات	20 مليارًا	52 مليارًا
وقت تشغيل الجهاز[أ،ج]			
2 × 50 زوجًا قاعديًا	15 ساعة تقريبًا	18 ساعة تقريبًا	–
2 × 100 زوج قاعدي	18 ساعة تقريبًا	22 ساعة تقريبًا	–
2 × 150 زوجًا قاعديًا	21 ساعة تقريبًا	25 ساعة تقريبًا	48 ساعة تقريبًا
درجات الجودة[أ،د]			
2 × 50 زوجًا قاعديًا	≤ 90% من القواعد أعلى من درجة الجودة 30		
2 × 100 زوج قاعدي	≤ 85% من القواعد أعلى من درجة الجودة 30		
2 × 150 زوجًا قاعديًا	≤ 85% من القواعد أعلى من درجة الجودة 30		

أ. تعتمد المواصفات على مكتبة التحكم PhiX لدى Illumina أو مكتبة الحمض النووي TruSeq التي تنشأ بـ NA12878 عند كثافات العنقود المدعومة. قد يتفاوت الأداء بناءً على نوع المكتبة وجودتها، وحجم الإدخال، وتركيز التحميل، والعوامل التجريبية الأخرى. تخضع مقاييس الأداء للتغيير.

ب. تسري عمليات تشغيل خلية التدفق المزدوجة على نظام NovaSeq X Plus فقط.

ج. تشمل أوقات التشغيل إنشاء العناقيد آليًا داخل الجهاز، وإجراء التسلسل، وإجراء الغسيل لما بعد عملية التشغيل آليًا، واستدعاء القواعد.

د. درجة الجودة (Q-score) هي توقع لاحتمالية وجود خطأ ما في استدعاء القواعد. يتم حساب متوسط نسبة القواعد التي تكون ≤ درجة الجودة 30 عبر عملية التشغيل بأكملها.

اقتصاديات تحوّلية ومكاسب إنتاجية

تدعم سلسلة NovaSeq X أفضل تكلفة إجمالية لمعادلة الملكية الخاصة بالتسلسل ذي معدل التشغيل العالي. وإلى جانب الانخفاض الكبير في التكلفة لكل جيجا قاعدة، تشتمل سلسلة NovaSeq X على فعالية التكلفة في جميع مراحل سير العمل، بما في ذلك البساطة التشغيلية، وتحليل البيانات المتكامل، وتطورات الاستدامة، والدعم على مستوى عالمي (الشكل 4).

أفضل تجربة للمستخدم

تم تحسين جميع جوانب سير عمل سلسلة NovaSeq X لتقليل الوقت اللازم والعمالة اللازمة لإكمال المشروعات. يتضمن نظاما NovaSeq X وNovaSeq X Plus تصميمًا مريحًا ومدروسًا وابتكارات تتعلق بسهولة الاستخدام مثل:

- شاشة كبيرة للغاية تعمل باللمس بدقة 4K لعرض تقدّم عملية التشغيل بوضوح في نظرة سريعة أو لقراءة مقاييس أداء التسلسل بشكل مُفصّل على الجهاز (الشكل 5)
- خراطيش الكاشف التي يتم تحميلها وإطلاقها ذات "نوافذ الإذابة" للتحقق بصريًا من إذابة الكواشف بالكامل
- ممرات خلية التدفق القابلة للعنونة بشكل فردي مع تحميل آلي مستقل للممر داخل الجهاز لتقسيم المشروعات والعينات بسهولة عبر ما يصل إلى ثمانية ممرات
- متطلبات أقل بمقدار 4 مرات ذات صلة بإدخال المكتبة† لتمكين التسلسل العميق الفائق للعينات الثمينة والتطبيقات الجديدة لأنواع العينة التي تنطوي على تحديات
- إنشاء آلي للعنقود داخل الجهاز وإجراء غسيل آلي لما بعد عملية التشغيل لتبسيط سير عمل التسلسل
- خيارات التخطيط المرنة لعملية التشغيل لإعداد تحليل ثانوي دون لمس للتطبيقات الأساسية (الشكل 6)
- كواشف خفيفة الوزن، وخراطيش التخزين المؤقت، وحاويات النفايات التي يسهُل التعامل معها
- تفاصيل أخرى مثل لوحة المفاتيح القابلة للسحب والمطالبات المضيئة على أدراج المستهلكات للتحميل المُوجّه

انطلق في جولة افتراضية عبر موقع illumina.com/TourNovaSeqX

† بالمقارنة مع سير عمل نظام NovaSeq 6000 داخل الجهاز.

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.

الجدول 2: معدل التشغيل المُقدَّر للعينة للتطبيقات الأساسية[أ]

	لكل عملية تشغيل خلية تدفق مفردة			لكل عملية تشغيل خلية تدفق مزدوجة[ب]		
نوع خلية التدفق	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
الجينومات البشرية	4 تقريبًا	24 تقريبًا	64 تقريبًا	8 تقريبًا	48 تقريبًا	128 تقريبًا
الإكسومات	41 تقريبًا	250 تقريبًا	750 تقريبًا	82 تقريبًا	500 تقريبًا	1500 تقريبًا
ترنسكريبتومات	30 تقريبًا	200 تقريبًا	520 تقريبًا	60 تقريبًا	400 تقريبًا	1040 تقريبًا

أ. جميع معدلات تشغيل العينة عبارة عن تقديرات. تفترض تقديرات الجينومات البشرية > 120 جيجابايت من البيانات لكل عينة لتحقيق تغطية بمقدار 30 مرّة. تفترض تقديرات الإكسومات ما يقرب من 8 جيجابايت لكل عينة لتحقيق تغطية بمقدار 100 مرّة. تفترض تقديرات الترنسكريبتومات ≤ 50 مليون قراءة. قد يتفاوت معدل التشغيل حسب مجموعة إعداد المكتبة المُستخدمة. تخضع مقاييس الأداء للتغيير.

ب. تسري عمليات تشغيل خلية التدفق المزدوجة على نظام NovaSeq X Plus فقط.

نظم المعلومات المُبسَّطة والشاملة

تعمل شرائح DRAGEN داخل الجهاز على تسريع الحوسبة وتتميز بالخوارزميات المدمجة لضغط البيانات دون فقدانها. يُمكن لبرنامج DRAGEN ORA (أرشيف القراءة الأصلي) أتمتة ضغط ملفات FASTQ حتى 5 مرات لتمكين عمليات نقل البيانات بشكل أسرع وإدارة البيانات بصورة أسهل. كما تُساعد مساحة البيانات الأقل حجمًا على خفض تكاليف التخزين واستهلاك الطاقة.

تستخدم الجينومات المتعددة (التي تستند إلى الرسم البياني) على DRAGEN، من خلال بنية الحوسبة المتوازية، التعلّم الآلي القابل للتطوير لزيادة الدقة بشكل منهجي.[3,4] يُمكن لمنصة DRAGEN تشغيل أنابيب التحليل الثانوي العديدة بالتوازي، بما أنها مُدمجة في سلسلة NovaSeq X، إما داخل الجهاز وإما في السحابة. أجرِ ما يصل إلى أربعة تطبيقات متزامنة لكل خلية تدفق في عملية تشغيل مفردة. تتضمّن أنابيب التحليل الثانوي الآلية ما يلي:

- الخط الجنسي في DRAGEN لإجراء تسلسل الجينوم الكامل
- المتغير الجسدي في DRAGEN لإجراء تسلسل الجينوم الكامل
- التخصيب في DRAGEN لإجراء تسلسل الإكسوم الكامل
- الحمض النووي الريبوزي (RNA) في DRAGEN لإجراء تسلسل الترنسكريبتوم الكامل
- الميثلة في DRAGEN لإجراء تسلسل مجموعة الميثلة الكاملة

تُعدّ تلك التطبيقات الأساسية مدعومة من خلال عمليات سير العمل الشاملة بداية من المكتبة حتى التحليل (الجدول 3).

الشكل 4: سير عمل بسيط ومُحسَّن لتسلسل بمعدل تشغيل عالٍ—نُوفّر أنظمة التسلسل NovaSeq X وNovaSeq X Plus سير عمل شاملًا يتضمن إعدادًا سهل الاستخدام لعملية التشغيل، ونظامًا إيكولوجيًّا واسعًا من مجموعات إعداد المكتبة المتوافقة، والتحليل الثانوي المتكامل، ويُعدّ ذلك مدعومًا من خلال المراقبة الاستباقية لأداء الجهاز.

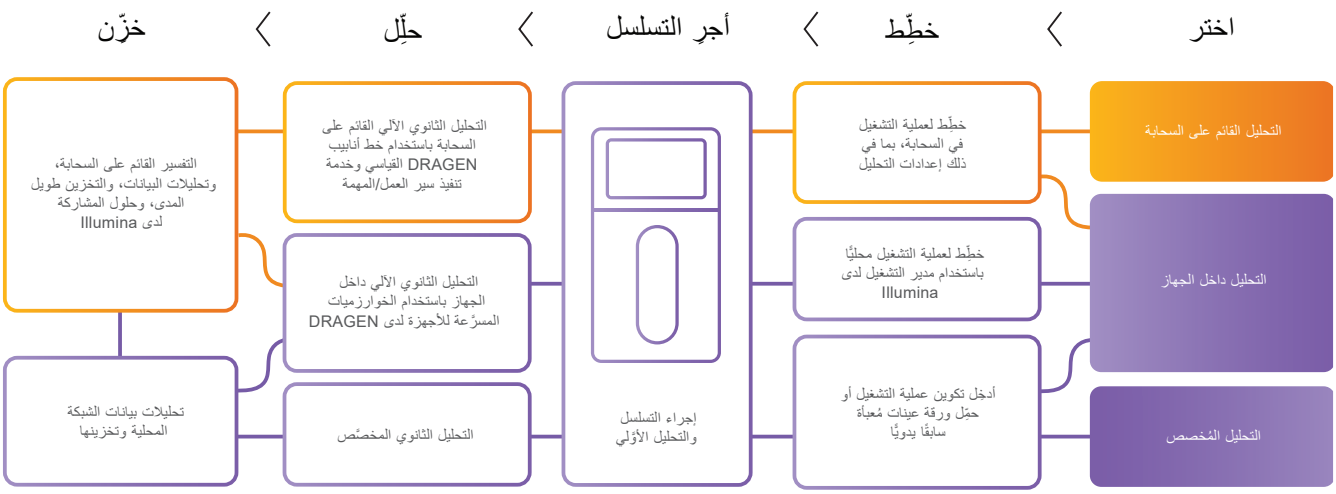
الشكل 5: عملية تشغيل واضحة—صُمم العديد من مزايا نظامي NovaSeq X و NovaSeq X Plus لتبسيط سير عملية التسلسل، بما في ذلك واجهة عالية الدقة لشاشة تعمل باللمس والخراطيش التي تشتمل على كواشف جاهزة للاستخدام من أجل تحميلها وتشغيلها على الفور.

الابتكارات الرائدة في مجال الاستدامة

صُمم نظاما NovaSeq X وNovaSeq X Plus بشكل هادف للحدّ من التأثير البيئي. تُتيح قوة كواشف تقنية XLEAP-SBS chemistry واستقرارها المُحسَّن الشحن والتخزين في صورة مجففة بالتبريد. يُقدم هذا الابتكار الرئيسي فوائد ملحوظة من حيث الاستدامة وتجربة المستخدم، تشمل ما يلي:

- مجموعات الكواشف المشحونة في درجات الحرارة المحيطة (دون أي ثلج جاف أو أيّ أكياس ثلج) لتقليل النفايات وتقليل الوقت المستغرق في التفريغ
- القدرة على استخدام المستهلكات في عملية تشغيل التسلسل فور استلامها (أو بعد إذابتها في حال كانت مُخزّنة مسبقًا) ما يُقلل من الوقت العملي اللازم لإجراء عملية تشغيل سلسلة
- انخفاض بنسبة تزيد على 50% في حجم الخرطوشة‡ لتوفير مساحة في حجرة التجميد والتخزين
- انخفاض الوزن لكل مجموعة بنسبة تقترب من 90%‡ من أجل إتاحة سهولة أكبر في التعامل (10 أرطال إجمالًا، تُشحن في صندوق واحد)
- التخلص بسهولة من المستهلكات ذات المكونات القابلة لإعادة التدوير والتي يمكن تفكيكها دون أدوات خاصة ما ينتج عنه انخفاض بنسبة 90% تقريبًا في نفايات العبوات‡
- انخفاض الكتلة البلاستيكية بنسبة تزيد على 50%‡ من خلال استخدام المواد البلاستيكية القابلة لإعادة التدوير وخراطيش التخزين المؤقت المصنوعة من البوليمرات الحيوية النباتية (قصب السكر بنسبة 96%)

‡ بالمقارنة مع مجموعات الكاشف NovaSeq 6000.



الشكل 6: مجموعة نظم المعلومات المرنة—يتميز نظاما NovaSeq X وNovaSeq X Plus بكلٍ من الخيارات المحلية (بلون بنفسجي) والخيارات التي تعتمد على السحابة (بلون برتقالي) لإعداد عملية التشغيل، وإدارة عملية التشغيل وتحليل البيانات، ما يُمكن المستخدمين من تشغيل عملية التسلسل الخاصة بهم بطريقتهم الخاصة.

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.

الجدول 3: مثال على عمليات سير العمل بدايةً من المكتبة حتى التحليل الخاصة بتطبيقات التسلسل عالية الكثافة على سلسلة NovaSeq X

التطبيق	إعداد المكتبات	التسلسل	تحليل البيانات
تسلسل الجينوم الكامل	إعداد الحمض النووي (DNA) الخالي من تفاعل سلسلة البوليمرات (PCR) لدى Illumina	خلية التدفق 1.5B أو 10B أو 25B في نظام NovaSeq X، مجموعة من 300 دورة	الخط الجنسي في DRAGEN المتغير الجسدي في DRAGEN
تسلسل الإكسوم الكامل	إعداد الحمض النووي (DNA) مع تخصيب إكسوم 2.5 لدى Illumina	خلية التدفق 1.5B أو 10B في نظام NovaSeq X مجموعة من 200 دورة	التخصيب في منصة DRAGEN
تسلسل الترنسكريبتوم	إعداد إجمالي أشرطة الحمض النووي الريبوزي (RNA) لدى Illumina إعداد أشرطة الحمض النووي الريبوزي المرسال mRNA لدى Illumina إعداد الحمض النووي الريبوزي (RNA) مع التخصيب لدى Illumina	خلية التدفق 1.5B أو 10B في نظام NovaSeq X مجموعة من 200 دورة	الحمض النووي الريبوزي (RNA) في منصة DRAGEN

تكنولوجيا موثوقة، وشريك موثوق به

قامت Illumina، بوصفها أحد موفري منصة الجيل التالي من تقنيات التسلسل المُفضلين، بشحن ما يزيد عن 20,000 نظام تسلسل عالميًا. أُشير إلى تقنية الجيل التالي من تقنيات التسلسل لدى Illumina في أكثر من 300,000 من المنشورات التي خضعت لمراجعة النظراء أي أكثر بمقدار —5 مرّات من جميع تقنيات الجيل التالي من تقنيات التسلسل الأخرى مُجتمعة.[8] بناءً على عقود من الخبرة، تلتزم Illumina بالابتكار وبناء إمكانات وتطبيقات الجيل التالي من تقنيات التسلسل المستقبلية بلا كلل (الشكل 3). تُعد سلسلة NovaSeq X بمثابة برهان على ريادتنا المتواصلة في تقنيات علم الجينوم.

الالتزام بنجاح العميل

توفّر Illumina فريق دعم على مستوى عالمي يتشكّل من علماء متمرّسين يتمتعون بخبرة في إعداد المكتبات، وإجراء التسلسل والتحليل؛ ما يمنحك الثقة في استثمارك، ويُساعدك على تحقيق أقصى أداء والحدّ قدر الإمكان من الانقطاعات. يتوفّر الدعم التقني عبر الهاتف على مدار خمسة أيام في الأسبوع أو يُمكنك الوصول إلى الدعم عبر الإنترنت على مدار الساعة طوال أيام الأسبوع، في جميع أنحاء العالم وبمختلف اللغات، إلى جانب الاستجابة سريعًا بالقرب من أغلب المناطق الحضرية الكُبرى. تُوفّر Illumina توافقًا، وإمدادًا وجودة رائعة فيما يتعلّق بالمنتجات، كما أنها مُمكَّنة من خلال البنية التحتية للتصنيع العالمي المتطور.

الملخص

يُقدم نظاما NovaSeq X وNovaSeq X Plus قوة تسلسل استثنائية لتغذية التطبيقات ذات البيانات الكثيفة مثل تسلسل الجينوم الكامل، وتسلسل الخلية المفردة، ودراسات الأوميكس المتعددة. يُتيح العديد من الابتكارات التقنية، بما في ذلك تقنية XLEAP-SBS chemistry وتحليل DRAGEN داخل الجهاز، تحقيق أقصى قدر من معدل التشغيل والدقة لعلماء الجينومات. ستقود الاقتصاديات التحويلية التي أصبحت مُمكنة بفضل نظامي NovaSeq X وNovaSeq X Plus حقبة جديدة من المعرفة الجينية لتحسين صحة الإنسان.

تعرّف على المزيد

نظاما التسلسل NovaSeq X وNovaSeq X، illumina.com/NovaSeqX

التحليل الثانوي لمنصة DRAGEN، illumina.com/DRAGEN

مواصفات جهاز سلسلة NovaSeq X

المَعلم	المواصفات
تكوين الجهاز	جهاز الكمبيوتر وشاشة عرض تعمل باللمس بدقة 4K إعداد عملية التثبيت والملحقات برنامج جمع البيانات وتحليلها
كمبيوتر التحكم الخاص بالجهاز	الوحدة الأساسية: لوحة iEi المُخصصة مع وحدة المعالجة المركزية AMD V1605b الذاكرة: DDR4 SODIMM بسعة 2 × 16 جيجا بايت محرك القرص الثابت: None (لا شيء) محرك الأقراص ذو الحالة الصلبة: M.2 بسعة 480 جيجابايت نظام التشغيل: Oracle 8
محرك الحساب الخاص بالجهاز	الوحدة الأساسية: لوحة iEi المُخصصة مع وحدة المعالجة المركزية AMD 7552 الذاكرة: DDR4 RDIMM بسعة 8 x 64 جيجابايت + 8 x 128 جيجابايت محرك القرص الثابت: None (لا شيء) محرك الأقراص ذو الحالة الصلبة: M.2 بسعة 480 جيجا بايت + 5 x 12.8 تيرابايت U.2 نظام التشغيل: Oracle 8
بيئة التشغيل	درجة الحرارة: من 15 إلى 30 درجة مئوية، مع تغيير بنسبة < درجتين مئويتين لكل ساعة الرطوبة: رطوبة نسبية من 20% إلى 65%، غير مُكثّفة الارتفاع: أقل من 2000 متر (6500 قدم) التهوية: الحد الأقصى لإخراج الحرارة في الجهاز هو 9200 وحدة حرارية بريطانية/ساعة، ومتوسط إخراج الحرارة هو 7507 وحدات حرارية بريطانية/ساعة للاستخدام الداخلي فقط
الليزر	منتج ليزر من الفئة 1 532 نانومترًا (الحدّ الأقصى للطاقة هو 4.5 واط)، 457 نانومترًا (الحدّ الأقصى للطاقة هو 6 واط)
تحديد الهوية باستخدام موجات الراديو (RFID)	التردد العامل 13.56ميجاهرتز، وطاقة إخراج 200 ميجاوات
الأبعاد	العرض× العمق × الارتفاع: 86.4 سم × 93.3 سم × 158.8 سم الوزن بلا حمولة (لا يشمل مصدر الطاقة غير المنقطع): 1171 رطلًا الوزن بلا حمولة (يشمل مصدر الطاقة غير المنقطع): 1253 رطلًا وزن الصندوق المشحون: 1591 رطلًا (722 كجم) وزن منصة الملحقات: 525 رطلًا (238 كجم)
متطلبات الطاقة	200 - 240 فولت تيار متردد، تردد 60/50 هرتز، شدة 15 أمبير، مرحلة واحدة تُوفّر Illumina مصدر طاقة غير منقطع (UPS) خاصًا بكل منطقة قد تعتمد متطلبات الحد الأدنى لشدة التيار الكهربائي على الجهد الخاص بالمنطقة
اتصال الشبكة	اتصال مُخصص بتقنية 10 GBE ((معيار 10GBASE-T) باستخدام مقبس RJ-45 من الجهاز) بين الجهاز ونظام إدارة البيانات؛ يُمكنك الاتصال مباشرةً أو عبر الشبكة
النطاق الترددي للاتصال بالشبكة	لتحليل البيانات الأساسي: جهاز بسرعة 800 ميجابت/ثانية لتحميلات الشبكة المحلية جهاز بسرعة 800 ميجابت/ثانية لمركز التسلسل BaseSpace/تحميلات التحليلات المتصلة لدى Illumina جهاز 15 ميجابت/الثانية لتحميلات البيانات التشغيلية الخاصة بالجهاز لتحليل البيانات الأساسي والثانوي: جهاز بسرعة 3.2 جيجابت/ثانية لتحميلات الشبكة المحلية جهاز بسرعة 3.2 جيجابت/ثانية لمركز التسلسل BaseSpace/تحميلات التحليلات المتصلة لدى Illumina جهاز 15 ميجابت/الثانية لتحميلات البيانات التشغيلية الخاصة بالجهاز

لأغراض الاستخدام البحثي فقط. لا يُستخدم في الإجراءات التشخيصية.

معلومات حول تقديم الطلب

النظام	رقم الكتالوج
نظام التسلسل NovaSeq X	20084803
نظام التسلسل NovaSeq X Plus	20084804
مجموعات الكاشف الخاصة بالتسلسل	**رقم الكتالوج**
مجموعة الكاشف 1.5B لسلسلة NovaSeq X (100 دورة)	20104703
مجموعة الكاشف 1.5B لسلسلة NovaSeq X (200 دورة)	20104704
مجموعة الكاشف 1.5B لسلسلة NovaSeq X (300 دورة)	20104705
مجموعة الكاشف 10B لسلسلة NovaSeq X (100 دورة)	20085596
مجموعة الكاشف 10B لسلسلة NovaSeq X (200 دورة)	20085595
مجموعة الكاشف 10B لسلسلة NovaSeq X (300 دورة)	20085594
مجموعة الكاشف 25B لسلسلة NovaSeq X (300 دورة)	20104706

المراجع

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. نُشر في 2017. تم التحديث في عام 2022. تم الاطلاع عليها في 1 يونيو 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. نُشر في 2014. تم التحديث في عام 2016. تم الاطلاع عليها في 13 يونيو 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. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. تم الاطلاع عليها في 1 يونيو 2022.
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. نُشر في 2018. تم التحديث في عام 2022. تم الاطلاع عليها في 1 يونيو 2022.
5. Illumina. Presentation at JP Morgan Healthcare Conference، يناير 2022، سان دييجو، كاليفورنيا.
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. Data calculations on file, Illumina, Inc. 2022.

الهاتف المجاني 1.800.809.4566 (الولايات المتحدة) | رقم الهاتف +1.858.202.4566

techsupport@illumina.com | www.illumina.com

حقوق الطبع والنشر © لعام 2023 محفوظة لصالح شركة Illumina, Inc. جميع الحقوق محفوظة. جميع العلامات التجارية مملوكة لشركة Illumina, Inc. أو أصحابها المعنيين. للحصول على معلومات محددة حول العلامات التجارية، راجع www.illumina.com/company/legal.html.

M-US-00197 ARA v3.0