



NovaSeq X Series

Produktdokumentation

ILLUMINA – EIGENTUMSRECHTLICH GESCHÜTZT

Dokument-Nr. 200027529 v10

Mai 2026

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.

Dieses Dokument und sein Inhalt sind Eigentum von Illumina, Inc. sowie deren Partner-/Tochterunternehmen („Illumina“) und ausschließlich für den bestimmungsgemäßen Gebrauch durch den Kunden in Verbindung mit der Verwendung des hier beschriebenen Produkts/der hier beschriebenen Produkte und für keinen anderen Bestimmungszweck ausgelegt. Dieses Dokument und sein Inhalt dürfen ohne schriftliches Einverständnis von Illumina zu keinem anderen Zweck verwendet oder verteilt bzw. anderweitig übermittelt, offengelegt oder auf irgendeine Weise reproduziert werden. Illumina überträgt mit diesem Dokument keinerlei Lizenzen unter seinen Patent-, Marken-, Urheber- oder Gewohnheitsrechten bzw. ähnlichen Rechten Dritter.

Die Anweisungen in diesem Dokument müssen von qualifiziertem und entsprechend ausgebildetem Personal genau befolgt werden, damit die in diesem Dokument beschriebene Verwendung des Produkts/der Produkte sicher und ordnungsgemäß erfolgt. Vor der Verwendung dieser Produkte muss der Inhalt dieses Dokuments vollständig gelesen und verstanden worden sein.

FALLS NICHT ALLE HIERIN AUFGEFÜHRTEN ANWEISUNGEN VOLLSTÄNDIG GELESEN UND BEFOLGT WERDEN, KÖNNEN PRODUKTSCHÄDEN, VERLETZUNGEN DER BENUTZER UND ANDERER PERSONEN SOWIE ANDERWEITIGE SACHSCHÄDEN EINTRETEN UND JEDLICHE FÜR DAS PRODUKT/DIE PRODUKTE GELTENDE GEWÄHRLEISTUNG ERLISCHT.

ILLUMINA ÜBERNIMMT KEINERLEI HAFTUNG FÜR SCHÄDEN, DIE AUS DER UNSACHGEMÄSSEN VERWENDUNG DER HIERIN BESCHRIEBENEN PRODUKTE (EINSCHLIESSLICH TEILEN HIERVON ODER DER SOFTWARE) ENTSTEHEN.

© 2026 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.

Inhaltsverzeichnis

Sicherheit und Compliance	1
Sicherheitserwägungen und Kennzeichnungen	1
Compliance- und Regulierungskennzeichnungen des Produkts	3
Systemüberblick	7
Sequenzierungsüberblick	7
Sequenzierungsworkflow	9
Gerätekomponenten	9
Integrierte Software	13
Vorbereitung des Aufstellorts	20
Anforderungen an das Labor	22
Laboreinrichtung für PCR-Verfahren	24
Elektrische Anforderungen	25
Unterbrechungsfreie Stromversorgung	28
Umgebungsanforderungen	29
Netzwerkverbindungen	32
Sicherheit	34
Verbrauchsmaterialien und Ausstattung	35
Sequenzierungs-Verbrauchsmaterialien	35
Vom Benutzer bereitgestellte Verbrauchsmaterialien & Geräte	42
Systemkonfiguration	45
Benutzerkonten	46
Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support	50
Netzwerkeinstellungen	51
Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner	53
DRAGEN-Anwendungen verwalten	55
Ressourcendateien importieren	56
Importieren von anwendungsspezifischen Bibliotheksvorbereitungs- und Indexadapterkits	58
Anpassen der Systemeinstellungen	59
Anwendungsspezifische Primer	61
Vorbereiten und Hinzufügen von anwendungsspezifischen Primern	62
Protokoll	65

Planen eines Sequenzierungslaufs	65
Auftauen von Verbrauchsmaterialien	69
Denaturieren und Verdünnen von Bibliotheken	71
Lyo-Rasteinsatz und Bibliotheksröhrchenstreifen laden	72
Einen Sequenzierungslauf starten	73
Laden der Verbrauchsmaterialien	77
Selbsttests	82
Überwachen des Lauffortschritts	82
Gestaffelter Start von Läufen	84
An- und Abmelden	85
Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien	85
Sequenzierungsausgabe	91
Real-Time Analysis	91
Ausgabedateien der Sequenzierung	93
Ordnerstruktur der Ausgabedaten	93
Datenausgabe und -speicherung	94
NovaSeq X Series Berichte der Sekundäranalyse	95
Wartung	97
Freimachen von Speicherplatz auf der Festplatte	97
Software-Updates	98
DRAGEN-Versionen installieren oder deinstallieren	101
Austausch des Luftfilters	102
Präventive Wartung	103
Durchführen eines Wartungswaschlaufs	104
Fehlerbehebung	110
Beenden eines Laufs	110
Sekundäranalyse wieder in die Warteschlange stellen	110
Dateiübertragung neu starten	111
Herunterfahren bzw. Neustarten des Geräts	112
Durchführen von Systemprüfungen	113
DRAGEN-Selbsttest durchführen	114
DRAGEN-Lizenz installieren	114
Prüfprotokoll überprüfen	115
Protokolle exportieren	116
Ressourcen und Verweise	117
Dunkelzyklus-Sequenzierung	117

Ressourcen Probenblatt v2	118
Versionsverlauf	119

Sicherheit und Compliance

Dieser Abschnitt enthält wichtige Informationen zur Sicherheit bzgl. der Installation, Wartung und Bedienung des Sequenzierungssystems. Dieser Abschnitt enthält Angaben zur Produkt-Compliance und zu regulatorischen Vorschriften. Lesen Sie diesen Abschnitt, bevor Sie die Arbeit am System beginnen.

Das Ursprungsland und das Herstellungsdatum des Systems befinden sich auf dem Etikett des Geräts.

Sicherheitserwägungen und Kennzeichnungen

In diesem Abschnitt werden potenzielle Gefahren beschrieben, die mit der Installation, Wartung und Bedienung des Geräts verbunden sind. Bedienen oder handhaben Sie das Gerät nicht auf eine Art und Weise, durch die Sie einer dieser Gefahren ausgesetzt sind.

Allgemeine Sicherheitshinweise

Stellen Sie sicher, dass alle Mitarbeiter in der richtigen Verwendung des Geräts und hinsichtlich potenzieller Gefahren geschult werden.



Beachten Sie alle Bedienungsanweisungen, wenn Sie in Bereichen arbeiten, die mit diesem Etikett gekennzeichnet sind, um das Risiko für den Bediener oder das Gerät zu minimieren.

Sicherheitshinweis bezüglich mechanischer Teile



Bewegliche Teile: Im Gerät sind motorisierte bewegliche Teile verbaut, die Quetsch- oder Schnittverletzungen verursachen können. Halten Sie Abstand, wenn sich Teile bewegen.

Warnung zu entflammbarem Kältemittel

Das in diesem Gerät enthaltene Kältesystem kann nicht vom Benutzer gewartet werden. Alle Wartungsarbeiten müssen von autorisiertem Personal des Herstellers durchgeführt werden.



Sicherstellen, dass die Belüftungsöffnungen frei von Hindernissen sind.

Brand- oder Explosionsgefahr. Das Gerät ordnungsgemäß in Übereinstimmung mit den nationalen und lokalen Vorschriften entsorgen. Es wird entflammbares Kältemittel verwendet.

Dieses Gerät ist für den Einsatz in gewerblichen, industriellen oder institutionellen Betrieben gemäß der Definition im Sicherheitsstandard für Kältesysteme, ANSI/ASHRAE 15, vorgesehen.



Hochentzündliches Gas. Enthält Gas unter Druck; kann explodieren, wenn es erhitzt wird. Von Hitze, Funken, offenen Flammen und heißen Oberflächen fernhalten. Nicht rauchen.

Brand durch Gasaustritt: Nicht löschen, es sei denn, die Leckage kann sicher gestoppt werden. Alle Zündquellen entfernen, sofern dies sicher ist. An einem gut belüfteten Ort lagern.

Sicherheitshinweis zum Laser



Die Geräte der NovaSeq X Series sind Laserprodukte der Klasse 1, die zwei Laser der Klasse 4 enthalten.

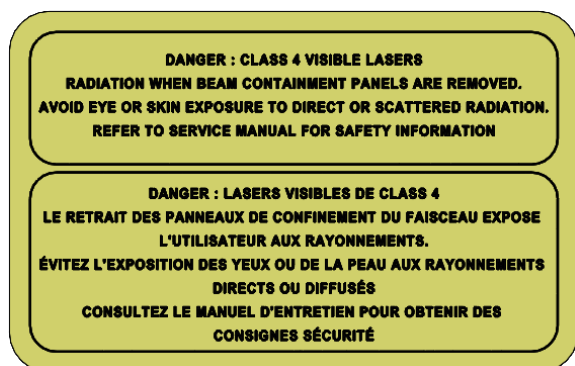
Laser der Klasse 4 sind bei direkter und diffuser Reflexion eine Gefahr für die Augen. Vermeiden Sie den Augen- und Hautkontakt mit direkter oder reflektierter Strahlung von Lasern der Klasse 4. Laser der Klasse 4 können bei direktem Kontakt die Entzündung brennbarer Materialien sowie schwere Hautverbrennungen und Verletzungen verursachen.

Wenn das Fach der Fließzelle geöffnet oder die Laserstrahl-Verriegelung entfernt ist, blockieren Sicherheitsverriegelungsschalter den Laserstrahl.

Abbildung 1 Warnhinweis Klasse-4-Laser



Abbildung 2 Laserwarnschild für Illumina-Servicetechniker (FSE)



Schutzerdung



Das Gerät ist über das Gehäuse geerdet. Der Schutzleiter des Stromkabels führt die Schutzerdung an einen sicheren Bezugspunkt zurück. Wenn dieses Gerät benutzt wird, muss sich die Schutzerdung am Stromkabel in gutem Zustand befinden.

Warnung zu heißen Oberflächen



Betreiben Sie das Gerät nicht, wenn irgendein Gehäuseteil entfernt wurde.

Berühren Sie nicht die Temperaturstation in der Fließzellenkammer. Das in diesem Bereich verwendete Heizelement wird in der Regel zwischen Raumtemperatur (22 °C) und 60 °C eingestellt. Kontakt mit dem Gerät bei Temperaturen im oberen Bereich kann zu Verbrennungen führen.

Sicherheitshinweis aufgrund des hohen Gerätegewichts



Das Gerät wiegt im Versandzustand ca. 722 kg und im installierten Zustand ca. 588 kg. Wenn es herunterfällt oder falsch gehandhabt wird, kann es schwere Verletzungen verursachen.

Betreiben Sie das Gerät nicht, wenn irgendein Gehäuseteil entfernt wurde.
 Berühren Sie keine beweglichen Teile im Gerät.

Compliance- und Regulierungskennzeichnungen des Produkts

Vereinfachte Konformitätserklärung

Illumina, Inc. erklärt hiermit, dass das NovaSeq X Series diesen Richtlinien entspricht:

- EMV-Richtlinie [2014/30/EU]

- Niederspannungsrichtlinie [2014/35/EU]
- RED-Richtlinie [2014/53/EU]

Illumina, Inc. erklärt hiermit, dass der Computing-Server diesen Richtlinien entspricht:

- RoHS-Richtlinie [2011/65/EU], geänderte Version EU 2015/863

Der vollständige Text der EU-Konformitätserklärung ist unter der folgenden Internetadresse verfügbar:
support.illumina.com/certificates.html.

Beschränkung der Verwendung bestimmter Gefahrstoffe (RoHS)



Diese Kennzeichnung gibt an, dass das Gerät bzgl. der Entsorgung von Elektro- und Elektronikgeräte-Abfall (WEEE) die Anforderungen der entsprechenden Richtlinie erfüllt.

Unter support.illumina.com/weee-recycling.html finden Sie weitere Informationen zum Recycling Ihrer Geräte.

Exposition von Personen gegenüber Hochfrequenzenergie

Dieses Gerät arbeitet innerhalb der Grenzwerte der für die allgemeine Bevölkerung maximal zulässigen Exposition (MPE) gemäß Titel 47 CFR § 1.1310, Tabelle 1.

Dieses Gerät arbeitet innerhalb der Grenzen für die Exposition von Personen gegenüber elektromagnetischen Feldern (EMF) von Geräten, die in einem Frequenzbereich von 0 Hz bis 10 GHz betrieben und mit Identifizierung mithilfe elektromagnetischer Wellen (Radio Frequency Identification, RFID) in einer beruflichen oder professionellen Umgebung verwendet werden. (EN 50364:2010 Abschnitte 4.0)

Weitere Informationen zur RFID-Compliance finden Sie unter *Compliance-Leitfaden für RFID-Lesegeräte (Dokument-Nr. 1000000002699)*.

Hinweise hinsichtlich der EMV

Dieses Gerät wurde gemäß dem Standard CISPR 11 Klasse A entwickelt und getestet. In einer häuslichen Umgebung kann es Funkstörungen verursachen. Treten Funkstörungen auf, müssen Sie sie möglicherweise verringern.

Benutzen Sie das Gerät nicht in unmittelbarer Nähe von Quellen starker elektromagnetischer Strahlung, da diese den ordnungsgemäßen Betrieb stören können.

Compliance und regulatorische Vorschriften

FCC-Compliance

Dieses Gerät entspricht Teil 15 der FCC-Regelungen. Der Betrieb unterliegt den folgenden zwei Bedingungen:

1. Dieses Gerät darf keine unerwünschten Störungen verursachen.

2. Dieses Gerät muss alle Störungen aufnehmen können, einschließlich Störungen, die einen unerwünschten Betrieb zur Folge haben könnten.

 | Veränderungen oder Modifikationen dieser Einheit, die nicht explizit von der für diese Konformität verantwortlichen Partei genehmigt wurden, können die Autorität des Anwenders zum Gebrauch des Geräts hinfällig werden lassen.

 | Dieses Gerät wurde getestet und entsprechend Teil 15 der FCC-Regelungen als konform mit den Grenzwerten für ein digitales Gerät der Klasse A befunden. Diese Grenzwerte sind dafür ausgelegt, einen angemessenen Schutz vor Störungen zu gewährleisten, wenn das Gerät in einem gewerblichen Umfeld betrieben wird.

Dieses Gerät erzeugt, verwendet und strahlt gegebenenfalls Hochfrequenzenergie ab. Installation und Verwendung müssen dem Handbuch entsprechen, da das Gerät andernfalls Störungen der Funkkommunikation verursachen kann. Dieses Gerät verursacht beim Betrieb in Wohngebieten voraussichtlich Störungen. Anwender müssen derartige Störungen auf eigene Kosten beseitigen.

FCC-Geschirmte Kabel

Mit diesem Gerät müssen geschirmte Kabel verwendet werden, um die Compliance mit den Grenzwerten der Klasse A der FCC zu garantieren.

IC-Compliance

Dieses digitale Gerät der Klasse A erfüllt alle Anforderungen der kanadischen Vorschriften über störungsverursachende Geräte.

Dieses Gerät erfüllt die lizenzfreien RSS-Standards von Industry Canada. Der Betrieb unterliegt den folgenden zwei Bedingungen:

1. Dieses Gerät darf keine Störungen verursachen.
2. Dieses Gerät muss alle Störungen aufnehmen können, einschließlich Störungen, die einen unerwünschten Betrieb des Geräts zur Folge haben könnten.

Korea – Compliance

해당 무선 설비는 운용 중 전파 혼신 가능성이 있음.

A급 기기(업무용 방송통신기자재)

이 기기는 업무용(A급) 전자파적합기기로서 판매자 또는 사용자는 이 점을 주의하시기 바라며, 가정 외의 지역에서 사용하는 것을 목적으로 합니다.

Thailand – Compliance

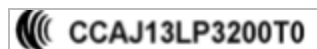
Diese Telekommunikationsausrüstung entspricht den technischen Anforderungen von NTC/NBTC.

Nigeria – Compliance

Die nigerianische Behörde für Nachrichtenwesen (Nigerian Communications Commission) hat den Anschluss und die Verwendung dieser Telekommunikationsausrüstung genehmigt.

Taiwan – NCC Compliance

本產品內含射頻模組：



低功率電波輻射性電機管理辦法 第十二條 經型式認證合格之低功率射頻電機，非經許可，公司、商號 或使用者均不得擅自變更頻率、加大功率或變更原設計之特性及功能。第十四條 低功率射頻電機之使用不得影響飛航安全及干擾合法通信；經發現有干擾現象時，應立即停用，並改善至無干擾時方得繼續使用。前項合法通信，指依電信法規定作業之無線電通信。低功率射頻電機須忍受合法通信或工業、科學及醫療用電波輻射性電機設備之干擾。

Japan – Compliance

型式指定を取得した高周波利用設備が内蔵されています。

Systemüberblick

Die NovaSeq™ X-Serie enthält das NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme. Dieser Abschnitt enthält eine Übersicht über die Systeme, einschließlich Informationen zu Hardware, Software, Datenanalyse und Laufverwaltung. Detaillierte Spezifikationen, Datenblätter, Anwendungen und verwandte Produkte finden Sie auf der [NovaSeq X Series Support-Seite im Internet](#).

Funktionen

- Hoher Durchsatz und hohe Genauigkeit
 - Liefert aussagekräftige genombezogene Aufschlüsse im großen Maßstab mithilfe von Sequenzierung der nächsten Generation mit hohem Durchsatz (NGS).
 - Verwendet XLEAP-SBS-Chemie, eine optimierte Version der Illumina SBS-Chemie.
 - Ermöglicht eine umfassende und effiziente Analyse von NGS-Daten mithilfe von Datenanalyse-Pipelines, die von der Illumina DRAGEN Bio-IT Plattform unterstützt werden.
- Produktivität
 - Bietet mehrere Fließzellenkonfigurationen, um ~165 Gb bis 16 Tb Sequenzierungsdaten und bis zu 104 Milliarden Paired-End-Reads pro Lauf zu ermöglichen. Die Ergebnisausgabe kann an die Anforderungen des Sequenzierungs-Workflows angepasst werden.
 - Bietet integrierte Onboard- und Cloud-basierte Datenanalyse-Workflows und verlustfreie Datenkomprimierung, die von der Illumina DRAGEN Bio-IT Plattform unterstützt wird.
- Nachhaltigkeit
 - Versand bei Umgebungstemperatur (keine Eispackungen oder Trockeneis) unter Verwendung lyophilisierter Reagenzien, wodurch das Kartuschenvolumen, das Verpackungsgewicht und die Menge der verwendeten Versandmaterialien reduziert werden.
 - Reduziert die Kunststoffmasse des Geräts durch die Bereitstellung von recycelbaren Kunststoffen und Pufferkartuschen aus pflanzlichen Biopolymeren.

Sequenzierungsüberblick

Die folgenden Informationen enthalten zusätzliche Details zum Workflow für das NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme.

Clusterbildung

Während der Clusterbildung werden einzelne DNA-Moleküle an der Oberfläche der Fließzelle¹ gebunden und gleichzeitig amplifiziert, um Cluster zu bilden.

Sequenzierung

Die Clusterbildgebung erfolgt anhand von Zwei-Kanal-Chemie mit einem grünen und einem blauen Kanal zur Codierung der Daten für die vier Nukleotide. Nachdem die Bildgebung für ein Teilsegment auf der Fließzelle abgeschlossen ist, erfolgt die Bildgebung für das nächste Teilsegment. Dieser Vorgang wird für jeden Sequenzierungszyklus wiederholt (ca. fünf Minuten pro Zyklus).

Primäranalyse

Im Anschluss an die Bildanalyse führt die Real-Time Analysis (RTA4) Software das Base-Calling², das Filtern und die Qualitätsbewertung³ durch. Während der Durchführung des Laufs überträgt die NovaSeq X Series Control Software automatisch Base-Call-Dateien⁴ (*.CBCL) zwecks Datenanalyse an den angegebenen Ausgabespeicherort. Verwenden Sie NovaSeq X Series Control Software, Sequenzierungsanalyse-Viewer (SAV), oder BaseSpace Sequence Hub, um die von RTA4 generierten Qualitätsmetriken in Echtzeit anzuzeigen.

Nach Abschluss der Sequenzierung beginnt die Sekundäranalyse. Die Methode der sekundären Datenanalyse hängt von Ihrer Anwendung und der Systemkonfiguration ab.

Sekundäranalyse

BaseSpace Sequence Hub und Illumina Connected Analytics (ICA) sind die Cloud-Computing-Umgebungen von Illumina für die Datenanalyse, Speicherung und Laufüberwachung. Die Laufüberwachung ist nur im BaseSpace Sequence Hub sichtbar. BaseSpace Sequence Hub enthält DRAGEN und BaseSpace Sequence Hub Anwendungen, die gängige Analysemethoden für die Sequenzierung unterstützen. Illumina Connected Analytics enthält DRAGEN für ICA-Pipelines. Sie können vorgefertigte ICA-Pipelines verwenden oder anwendungsspezifische Pipelines mithilfe Ihrer Sequenzierungs- und Analysedaten erstellen.

Wenn Sequenzierungsdaten in der Cloud analysiert werden, werden CBCL-Daten automatisch in die Cloud hochgeladen und sind im BaseSpace Sequence Hub und in ICA verfügbar. Die Analyse beginnt automatisch, nachdem der Datenupload abgeschlossen ist.

¹Ein Glasträger mit physisch getrennten Lanes. Die Lanes sind mit zu den Bibliotheksadaptersequenzen komplementären Oligos beschichtet, was einen Sequenzierungslauf über die Bibliothek ermöglicht.

²Bestimmung einer Base (A, C, G oder T) für jedes Cluster eines Teilsegments eines bestimmten Zyklus.

³Berechnet für jeden Base-Call mehrere Fehlerwahrscheinlichkeiten und ermittelt anhand des Prognosewerts den Q-Score.

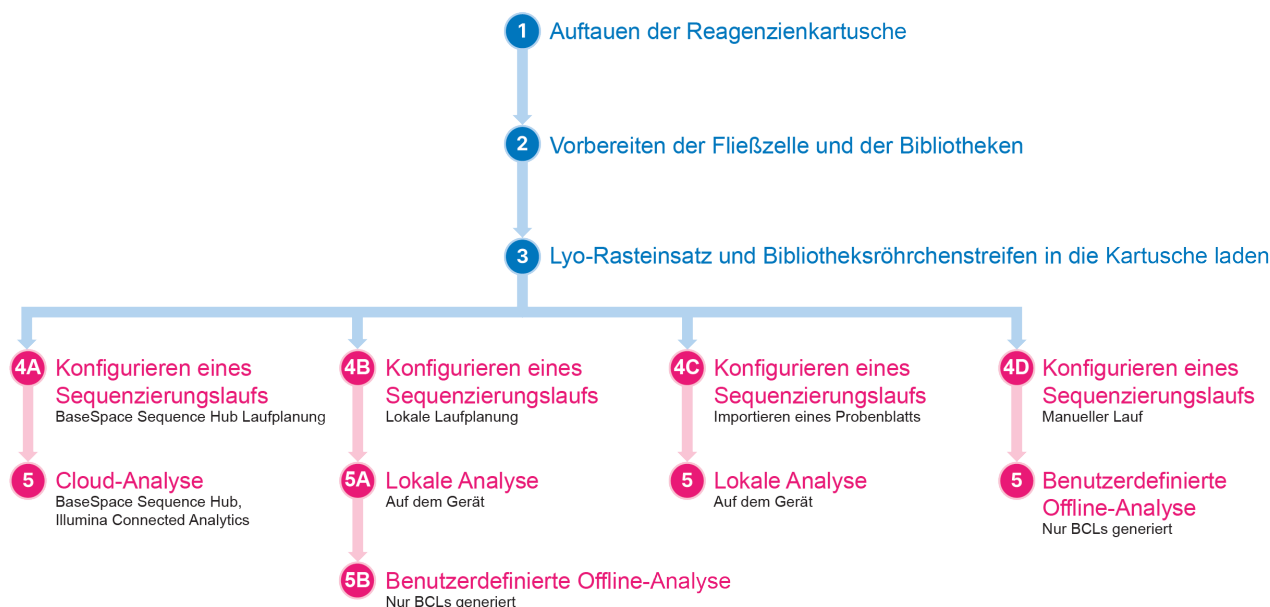
⁴Enthält die Base-Calls und die entsprechenden Qualitäts-Scores für alle Cluster jedes Sequenzierungs-Zyklus.

Wenn Sequenzierungsdaten lokal analysiert werden, wird die DRAGEN-Sekundäranalyse am Gerät durchgeführt. Die Ausgabedateien können in einem gewählten Ausgabeordner gespeichert werden.

- Weitere Informationen zu BaseSpace Sequence Hub finden Sie auf der [BaseSpace Sequence Hub Support-Website](#).
- Weitere Informationen zur Illumina DRAGEN Bio-IT Platform finden Sie auf der [Illumina DRAGEN Bio-IT Platform Support-Seite im Internet](#) sowie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite im Internet](#) verfügbar sind.
- Weitere Informationen zu Illumina Connected Analytics finden Sie auf der [Illumina Connected Analytics Support-Website](#).
- Eine Übersicht aller Anwendungen finden Sie unter [BaseSpace Sequence Hub Anwendungen](#).

Sequenzierungsworkflow

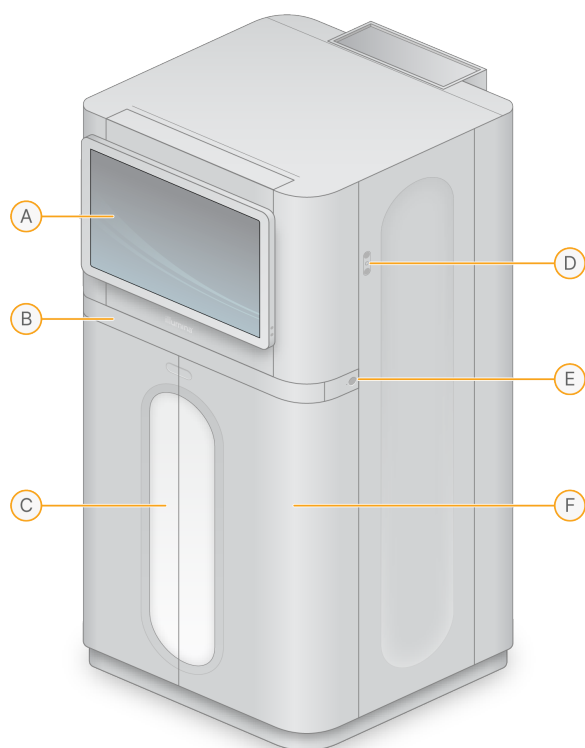
Das folgende Diagramm stellt das Sequenzierungsprotokoll des NovaSeq X Series dar.



Gerätekomponenten

Der NovaSeq X Series umfasst einen Touchscreen-Monitor, eine Statusleiste, eine Ein/Aus-Taste, neben der sich USB-Anschlüsse befinden, und drei Kammern.

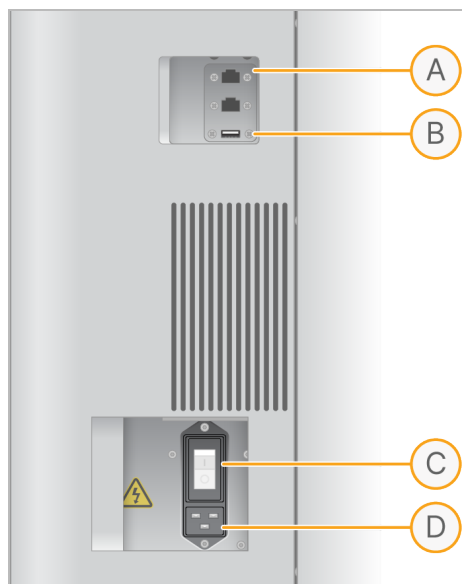
Externe Komponenten



- A. **Touchscreen-Monitor:** Ermöglicht die Systemkonfiguration und -einrichtung am Gerät über die Benutzeroberfläche der NovaSeq X Series Control Software. Um die Höhe des Touchscreen-Monitors einzustellen, verwenden Sie die Tasten an der Seite des Monitors.
- B. **Tastatur- und Trackpad-Ablage:** Ausziehbare Ablage für Tastatur und Trackpad. Drücken Sie zum Öffnen die Ablage nach innen.
- C. **Statusleiste:** Das farbige Licht zeigt den Fortschritt des Workflows an. Blau zeigt das Laden von Verbrauchsmaterialien an, blau und violett zeigen Selbsttests an und mehrere Farben zeigen die Sequenzierung an. Durchgehend rot leuchtendes Licht zeigt kritische Fehler an. Rot und weiß zeigen andere Fehler an.
- D. **USB-2.0-Anschlüsse (3):** Zugang zu den USB-Verbindungen für Peripheriegeräte.
- E. **Ein/Aus-Taste:** Steuert die Stromversorgung des Geräts und zeigt an, ob das System eingeschaltet (Taste leuchtet) oder ausgeschaltet (Taste ist dunkel) ist bzw. ob es ausgeschaltet und noch am Stromnetz angeschlossen ist (Taste blinkt).
- F. **Flüssigkeitskammer:** Enthält Reagenz- und Pufferkartuschen sowie Flaschen für benutzte Reagenzien.

Stromanschluss und andere Anschlüsse

Auf der Rückseite des Geräts befinden sich zwei Ethernet-Anschlüsse für eine Ethernet-Verbindung und der Schalter und der Anschluss für die Stromversorgung des Geräts. Verwenden Sie den USB-2.0-Anschluss, um eine UPS anzuschließen.



- A. **Ethernet-Anschlüsse (2):** Zum Anschluss des Ethernet-Kabels.
- B. **USB-2.0-Anschluss:** USB-Anschluss für die UPS.
- C. **Kippschalter:** Zum Ein- und Ausschalten des Geräts.
- D. **Stromanschluss:** Für den Anschluss des Netzkabels.

Fließzellenkammer

Die Fließzellenkammer enthält den Fließzellentisch, auf dem sich links Fließzelle A und rechts Fließzelle B befinden. Die Kammer befindet sich hinter dem Gerätemonitor. Beim Laden der Fließzelle hebt die Steuerungssoftware den Monitor automatisch an.

Ein Ziel für die Justierung der Optik auf dem Fließzellentisch dient zur Diagnose und Korrektur von Problemen mit der Optik. Bei Aufforderung durch die Steuerungssoftware wird das System mithilfe des Ziels für die Justierung der Optik neu justiert und der Kamerafokus angepasst, um die Sequenzierungsergebnisse zu verbessern.

Die Steuerungssoftware steuert das Öffnen und Schließen der Fließzellenkammertür. Die Tür öffnet sich automatisch, um eine Fließzelle zu laden.

⚠ | Beim Gerät besteht Quetschungsgefahr. Bewegliche Teile können Quetsch- oder Schnittverletzungen verursachen. Halten Sie zur beweglichen Tür Abstand.

Nach dem Laden schließt die Software die Kammertür, positioniert die Fließzelle und aktiviert Vakuumdichtung und Klemmen. Sensoren prüfen, ob die Fließzelle vorhanden und kompatibel ist.

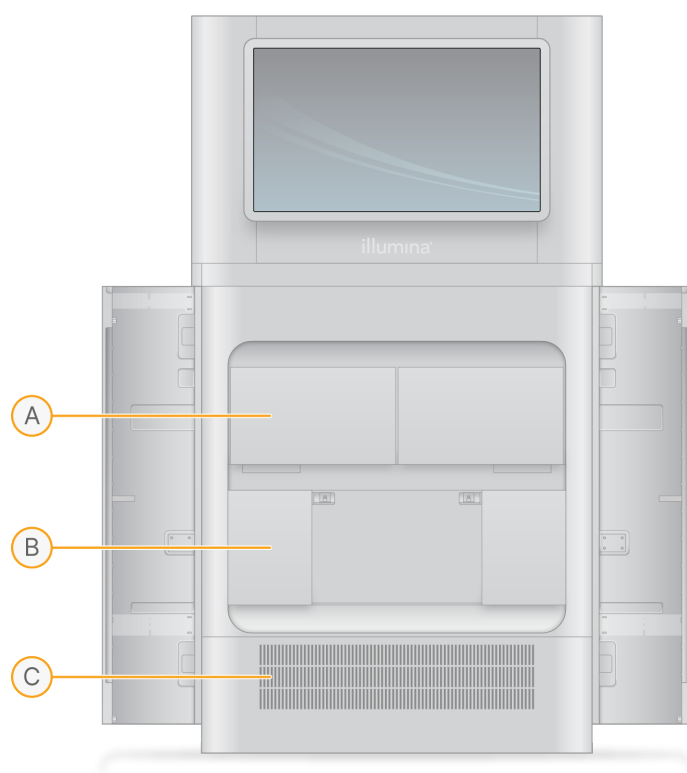
Flüssigkeitskammer

Das Starten eines Laufs erfordert Zugang zur Flüssigkeitskammer, um Reagenzien und Puffer zu laden und die Flaschen für benutzte Reagenzien zu leeren. Die Flüssigkeitskammer, die in zwei gleiche Seiten für Seite A und Seite B unterteilt ist, wird von zwei Türen verschlossen.

Der Luftfilter bedeckt den Lüfter im unteren Fach an der Vorderseite des Geräts. Halten Sie die Gerätevorderseite frei von Hindernissen und den Boden sauber, um ein Verstopfen des Luftfilters zu vermeiden. Weitere Informationen zur Platzierung finden Sie unter [Vorbereitung des Aufstellorts auf Seite 20](#).

Die Fächer verfügen über Innenleuchten, die signalisieren, wann die gebrauchten Kartuschen und Flaschen entfernt werden sollen. Die Leuchten erlöschen, nachdem die Fächer geschlossen wurden.

Die Gerätetüren entriegeln sich automatisch beim Laden von Sequenzierungs- oder Waschlauf-Verbrauchsmaterialien während der Konfiguration des Laufs oder Wartungswaschlaufs. Wenn das Gerät nicht sequenziert, können Sie die Gerätetüren manuell entriegeln, um außerhalb der Laufkonfiguration den Luftfilter zu wechseln oder den Reagenzienabfall zu leeren. Weitere Informationen finden Sie unter [Austausch des Luftfilters auf Seite 102](#).



- A. **Reagenzienfach:** Enthält die Reagenzien- und Pufferkartuschen.
- B. **Fach für benutzte Reagenzien:** Enthält die großen und kleinen Flaschen für benutzte Reagenzien.
- C. **Luftfilterkammer:** Bietet Zugang zum austauschbaren Luftfilter.

Benutzte Reagenzien

Das Fluidiksystem wurde so entwickelt, dass Reagenzienkartuschen-Reagenzien, die potenziell gesundheitsschädlich sind, in die kleine Flasche für benutzte Reagenzien geleitet werden. Reagenzien aus der Pufferkartusche werden in die große Flasche für benutzte Reagenzien geleitet. Jedoch kann es zu Kreuzkontamination zwischen benutzten Reagenzienströmen kommen. Behandeln Sie aus Sicherheitsgründen beide Flaschen für benutzte Reagenzien so, als ob sie potenziell gesundheitsschädliche Chemikalien enthalten. Ausführliche Informationen zur Chemie finden Sie im Sicherheitsdatenblatt (SDB) unter support.illumina.com/sds.html.

Integrierte Software

Die Systemsoftware-Suite umfasst integrierte Anwendungen für die Durchführung von Sequenzierungsläufen und der Analyse.

- **NovaSeq X Series Control Software:** Steuert den Gerätebetrieb und stellt eine Benutzeroberfläche für die Konfiguration des Systems, die Konfiguration von Sequenzierungsläufen, die Überwachung der Laufstatistik während der Sequenzierung und das Anzeigen von DRAGEN-Daten bereit. Sie können auf die Steuerungssoftware über das Gerät zugreifen oder über einen Computer, der mit einem lokalen Netzwerk verbunden ist.
- **Real-Time Analysis (RTA4):** Führt während des Laufs Bildanalyse und Base-Calling durch. Weitere Informationen finden Sie unter [Real-Time Analysis auf Seite 91](#).
- **Universal Copy Service (UCS):** Kopiert Ausgabedateien während eines Laufs in den Ausgabeordner. Ggf. überträgt der Dienst auch Daten an den BaseSpace Sequence Hub oder Illumina Connected Analytics (ICA).
- **Illumina DRAGEN Bio-IT Platform:** Führt eine Sekundäranalyse mit Hardwarebeschleunigung für ein ausgewähltes Anwendungsangebot durch.

Die NovaSeq X Series Control Software ist interaktiv und führt automatisierte Hintergrundprozesse aus. RTA4 und UCS laufen nur als Hintergrundprozesse.

Systeminformationen

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **About** (Info), um die Illumina-Kontaktinformationen und die folgenden Systeminformationen anzuzeigen:
 - NovaSeq X Series Control Software-Version
 - Computernamen
 - Betriebssystem(OS)-Image-Version
 - Seriennummer des Geräts
 - Gesamtanzahl der Läufe

Benachrichtigungen und Warnungen

Gehen Sie wie folgt vor, um alle Systembenachrichtigungen anzuzeigen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Notifications** (Benachrichtigungen) aus.

Der Bildschirm „Notifications“ (Benachrichtigungen) enthält die folgenden Registerkarten:

- **Errors and warnings history** (Fehler- und Warnungs-Historie): Zeigt eine Liste der bisherigen Fehler und Warnungen an.
- **Notifications** (Benachrichtigungen): Zeigt eine Liste der aktuellen Benachrichtigungen an.

Wenn ein Fehler oder eine Warnung auftritt, zeigt die NovaSeq X Series Control Software während der Aktion eine Warnung an.

- Kritische Systemfehler verlangen Ihre sofortige Aufmerksamkeit. Sie müssen das Gerät ausschalten und sich an den technischen Support von Illumina wenden.
- Nicht kritische Systemfehler erfordern eine Aktion, bevor der Lauf gestartet oder fortgesetzt werden kann. Je nach Fehler gibt die NovaSeq X Series Control Software die entsprechende Aktion zur Behebung des Fehlers an.
- Warnungen erfordern keine Aktion, bevor der Lauf gestartet oder fortgesetzt werden kann. Wenn eine Warnung auftritt, gibt die NovaSeq X Series Control Software die entsprechende Aktion zur Behebung der Warnung an.
- Benachrichtigungen enthalten Informationen zu Ereignissen, die nicht mit der aktuellen Aktion zusammenhängen. Die Anzahl der aktuellen Benachrichtigungen wird auf dem Symbol für „Notifications“ (Benachrichtigungen) im globalen Navigationsmenü angezeigt. Quittieren Sie Benachrichtigungen oder beheben Sie die Benachrichtigung auf der Registerkarte „Notifications“ (Benachrichtigungen).

Minimieren oder Beenden der Steuerungssoftware

Minimieren oder beenden Sie die Steuerungssoftware, wenn Sie auf andere Anwendungen zugreifen möchten. Zum Beispiel, um auf andere Anwendungen auf dem Gerät zuzugreifen, um Operationen außerhalb der Steuerungssoftware auszuführen (z. B. um das Probenblatt im Datei-Explorer zu suchen).

1. Wählen Sie in der NovaSeq X Series Control Software das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Minimize software** (Software minimieren), um die Steuerungssoftware zu minimieren, oder **Exit software** (Software beenden), um die Steuerungssoftware zu schließen.
Wenn Sie die Steuerungssoftware beenden, müssen Sie sich beim erneuten Öffnen noch einmal anmelden.
3. Um die Steuerungssoftware zu maximieren oder zu öffnen, wählen Sie **NovaSeq X Series Control Software** (Steuerungssoftware der NovaSeq X-Series) in der Symbolleiste aus.

Verwendung der Remote-NovaSeq X Series Control Software

Um auf die NovaSeq X Series Control Software außerhalb des Geräts zuzugreifen, verwenden Sie einen Computer, der mit lokalem Netzwerk verbunden ist, das auch für Ihr Sequenzierungssystem verwendet wird.

Zugriff auf die Remote-NovaSeq X Series Control Software

Um sicher über einen Browser auf die Steuerungssoftware zugreifen zu können, müssen Sie ein Zertifizierungsstellenzertifikat (CA) installieren. Je nach Sicherheitsrichtlinie benötigt Ihr Unternehmen möglicherweise zusätzliche Konfigurations- und Sicherheitsgenehmigungen. Wenden Sie sich an Ihren IT-Vertreter, bevor Sie Updates vornehmen.

Weitere Informationen finden Sie in der Dokumentation des Herstellers Ihres Betriebssystems.

Es sind Administrator-Anmeldedaten für Ihr Sequenzierungssystem und Ihren Computer erforderlich, um den Fernzugriff zu konfigurieren.

1. Gehen Sie wie folgt vor, um den Hostnamen und die IP-Adresse Ihres Geräts anzuzeigen.
 - a. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
 - b. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Network Settings** (Netzwerkeinstellungen).
Der aktuelle Hostname, die IP-Adresse und die Netzwerkkonfigurationen werden angezeigt.
2. Stellen Sie sicher, dass die Firewall-Einstellungen aktiviert sind.
Weitere Informationen finden Sie in den Anweisungen zur Firewall unter [Netzwerkeinstellungen auf Seite 51](#).
3. Arbeiten Sie mit Ihrem IT-Vertreter zusammen, um Ihr Domain Name System (DNS) zu konfigurieren und einen Fernzugriff einzurichten.
Weitere Informationen zur DNS-Konfiguration finden Sie unter [Netzwerkeinstellungen auf Seite 51](#).
4. Öffnen Sie einen Browser auf einem Computer, der mit Ihrem lokalen Netzwerk verbunden ist, und geben Sie `https://<Hostname des Geräts>` ein.
Wenden Sie sich bei Problemen an den technischen Support von Illumina, um Probleme mit dem Hostnamen zu beheben.
5. Wählen Sie **Download certificate** (Zertifikat herunterladen) aus.
Nach dem Herunterladen des Zertifikats variiert die Installation des Stamm-CA-Zertifikats je nach Betriebssystem auf Ihrem Computer.
6. Für Windows: Doppelklicken Sie auf das heruntergeladene Zertifikat und befolgen Sie die Installationsanweisungen. Stellen Sie sicher, dass Sie die folgenden Konfigurationen auswählen:
 - Speicherort: **Lokaler Computer**
 - Zertifikatspeicher: **Alle Zertifikate am folgenden Speicherort ablegen**
 - Ort: **Speicherort für vertrauenswürdige Stammzertifikatstellen**
7. Für Mac: Führen Sie den folgenden Befehl aus:

```
sudo security add-trusted-cert -d -r trustRoot -k
/Library/Keychains/System.keychain
<Vollständiger Pfad des Stamm-CA-Zertifikats>
```

8. Für Linux: Es gibt mehrere verbreitete Versionen und bei jeder Version kann die Installation des Stamm-CA- Zertifikats auf eine andere Weise erfolgen. Die folgenden Schritte gelten für Versionen von Red Hat Enterprise Linux (RHEL):
 - a. Kopieren Sie das heruntergeladene Zertifikat in den Zertifikatspeicher: `/etc/pki/ca-trust/source/anchors`.
 - b. Führen Sie den folgenden Befehl aus, um dem Stamm-CA-Zertifikat zu vertrauen:


```
sudo update-ca-trust extract
```
9. Öffnen Sie nach der Installation des Stamm-CA-Zertifikats einen Browser und geben Sie dann `https://<Hostname des Geräts>` ein.
Alternativ können Sie den vollständig qualifizierten Domänen-Namen (Fully Qualified Domain Name – FQDN) eingeben.
10. Vergewissern Sie sich, dass sich links neben der Adressleiste ein Sicherheitssymbol befindet, das eine sichere Verbindung anzeigt.
11. Setzen Sie ein Lesezeichen auf die Seite, um in Zukunft problemlos darauf zugreifen zu können.

Navigieren durch die Remote-NovaSeq X Series Control Software

Nachdem Sie sich von einem Computer aus, der mit dem lokalen Netzwerk verbunden ist, in der NovaSeq X Series Control Software angemeldet haben, wird der Bildschirm Runs (Läufe) automatisch geöffnet.

Um auf zusätzliche Funktionen zuzugreifen, öffnen Sie das Dropdown-Menü oben links. Sie können zum Bildschirm Runs (Läufe) zurückkehren, indem Sie auf einem beliebigen Bildschirm **Close** (Schließen) auswählen.

Die folgenden Funktionen sind verfügbar: Unter [Benutzerberechtigungen auf Seite 46](#) finden Sie Informationen zu den für jede Benutzergruppe verfügbaren Berechtigungen.

- **Runs** (Läufe): Sie können folgende Aktionen durchführen:
 - Neue Sequenzierungsläufe planen. Weitere Informationen finden Sie unter [Geplanten Lauf erstellen auf Seite 66](#).
 - Fortschritt des aktiven Laufs überwachen. Weitere Informationen finden Sie unter [Überwachen des Lauffortschritts auf Seite 82](#).
 - Lokal geplante Läufe bearbeiten und löschen. Weitere Informationen finden Sie unter [Laufverwaltung auf Seite 17](#).
- **Users** (Benutzer): Benutzer hinzufügen und verwalten. Weitere Informationen finden Sie unter [Benutzerkonten auf Seite 46](#).

- **Password policy** (Kennwortrichtlinie): Kennworteinstellungen anzeigen und bearbeiten. Weitere Informationen finden Sie unter [Kennworteinstellungen bearbeiten auf Seite 49](#).
- **Applications** (Anwendungen): DRAGEN-Anwendungen anzeigen und verwalten. Weitere Informationen finden Sie unter [DRAGEN-Anwendungen verwalten auf Seite 55](#).
- **Resources** (Ressourcen): Genom- und Referenzdateien importieren und verwalten. Weitere Informationen finden Sie unter [Ressourcendateien importieren auf Seite 56](#).
- **DRAGEN**: Aktualisieren Sie die DRAGEN-Lizenz und führen Sie einen DRAGEN-Selbsttest durch. Weitere Informationen finden Sie unter [DRAGEN-Lizenz installieren auf Seite 114](#) und [DRAGEN-Selbsttest durchführen auf Seite 114](#).
- **Custom kits** (Anwendungsspezifische Kits): Anwendungsspezifische Index-Adapter- und Bibliothekvorbereitungskits hinzufügen und verwalten. Weitere Informationen finden Sie unter [Importieren von anwendungsspezifischen Bibliotheksvorbereitungs- und Indexadapterkits auf Seite 58](#).
- **Audit log** (Prüfprotokoll): Das Prüfprotokoll betrachten. Weitere Informationen finden Sie unter [Prüfprotokoll überprüfen auf Seite 115](#).
- **Cloud settings** (Cloud-Einstellungen): Cloud-Einstellungen konfigurieren. Weitere Informationen finden Sie unter [Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support auf Seite 50](#).
- **External storage** (Externer Speicher): Externe Speicheroptionen konfigurieren. Weitere Informationen finden Sie unter [Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner auf Seite 53](#).
- **About** (Info): Kontakt- und Systeminformationen für Illumina anzeigen. Siehe [Systeminformationen auf Seite 13](#).

Laufverwaltung

Der Bildschirm „Runs“ (Läufe) zeigt die Liste der geplanten Läufe, aktiven Läufe und abgeschlossenen Läufe an. Für alle Läufe wird der Laufname angezeigt. Um nach einem Lauf zu suchen, verwenden Sie den Laufnamen, die Bibliotheksröhrchenstreifen-ID und die erste DRAGEN-Anwendung, die zum Lauf hinzugefügt wurde. Sie können auch den von allen Läufen belegten Gerätedatenspeicher und den noch verfügbaren Speicherplatz anzeigen. Weitere Informationen zum Löschen von Läufen finden Sie unter [Freimachen von Speicherplatz auf der Festplatte auf Seite 97](#).

In der Remote Steuerungssoftware können Sie das Probenblatt eines Laufs exportieren. Wählen Sie den Laufnamen und dann **Sample Sheet** (Probenblatt). Wählen Sie **Save as** (Speichern unter), um das Probenblatt zu speichern.

Geplante Läufe

Die Registerkarte Planned (Geplant) zeigt die lokal oder in der Cloud geplanten Läufe an. Sie können Läufe lokal auf dem NovaSeq X Series-Gerät oder einen Computer mit Internetverbindung planen. Um Läufe in der Cloud zu planen, verwenden Sie BaseSpace Sequence Hub.

Sie können lokal geplante Läufe unter der Registerkarte „Planned“ (Geplant) bearbeiten oder löschen. Um einen geplanten Lauf zu bearbeiten, wählen Sie den Lauf unter der Registerkarte „Planned“ (Geplant). Um einen geplanten Lauf zu löschen, wählen Sie das Papierkorbzeichen in der Spalte „Actions“ (Aktionen).

Die Registerkarte „Planned“ (Geplant) enthält die folgenden Informationen:

- **Status:** Der Status des Sequenzierungslaufs. Geplante Läufe können einen dieser Status haben:
 - **Planned** (Geplant): Der Lauf kann für die Sequenzierung ausgewählt werden.
 - **Draft** (Entwurf): Der Lauf kann nicht für die Sequenzierung ausgewählt werden.
 - **Needs attention** (Erfordert Überprüfung): Der Lauf ist aufgrund eines Fehlers nicht verfügbar (z. B. die Cloud-Verbindung wurde unterbrochen). Sie können den Fehler auf dem Bildschirm „Run details“ (Laufdetails) überprüfen.
- **Run name** (Laufname): Der Name des Laufs.
- **Application** (Anwendung): Die DRAGEN-Sekundäranalyse-Anwendung, die mit dem Lauf verknüpft ist. Weitere Informationen zur Installation von Anwendungen finden Sie unter [DRAGEN-Anwendungen verwalten auf Seite 55](#).
- **Last modified** (Zuletzt geändert): Datum und Uhrzeit der letzten Bearbeitung des Laufs.

Aktive Läufe

Die Registerkarte „Active“ (Aktiv) zeigt alle gerade laufenden Läufe an, einschließlich geplanter Läufe und manuell erstellter Läufe. Die Registerkarte Active (Aktiv) enthält das Datum des Beginns der Sequenzierung, die Geräteseite, den Sequenzierungsstatus und die Metriken für % $\geq$ Q30, Ausbeute und PF-Reads insgesamt.

Unter der Registerkarte „Active“ (Aktiv) können Sie das Hochladen der Daten auf Ihren Speicherort oder die Sekundäranalyse abbrechen. Weitere Informationen finden Sie unter [Beenden eines Laufs auf Seite 110](#). Das Abbrechen eines Laufs während der Sequenzierung ist unter der Registerkarte „Active“ (Aktiv) nicht verfügbar.

Wählen Sie den Laufnamen aus, um zur Seite Run details (Laufdetails) zu navigieren und zusätzliche Details zum Lauf anzuzeigen. Wählen Sie die Dropdown-Liste neben dem Lauf, um zusätzliche Details zum Sequenzierungsstatus und den verknüpften DRAGEN-Anwendungen anzuzeigen.

Weitere Informationen zu Lauf-Metriken und Laufstatus finden Sie unter [Überwachen des Lauffortschritts auf Seite 82](#).

Abgeschlossene Läufe

Die Registerkarte „Completed“ (Abgeschlossen) zeigt Läufe an, deren Sequenzierung und Analyse abgeschlossen sind, die abgebrochen wurden oder deren Sequenzierung oder Analyse nicht abgeschlossen werden konnte. Sie können den Speicherort der Sequenzierungs- und Analyseausgabedaten, die Sequenzierungsmetriken und den Gerätedatenspeicherplatz, der vom Lauf

verbraucht wird, sehen. Sie können die DRAGEN-Anwendungen anzeigen, die mit dem Lauf verknüpft sind, den % $\geq$ Q30, die Ausbeute, PF-Reads insgesamt und den Speicherplatz, den der Lauf auf dem Gerät einnimmt. Wenn Sequenzierungsdaten gelöscht oder vom Gerät übertragen werden, zeigt die Speicherplatzmetrik 0 Gb an.

Wählen Sie den Lauf, um zusätzliche Laufergebnisse wie detaillierte Sequenzierung und Sekundäranalyse-Metriken anzuzeigen.

Um einen Lauf zu löschen, wählen Sie das Auslassungszeichen in der Spalte „Action“ (Aktion). Sie können entweder den Lauf oder nur die Laufdaten löschen. Durch das Löschen von Laufdaten werden die Sequenzierungs- und Analyseordner entfernt, die vom Lauf generiert wurden, aber die grundlegenden Laufdetails bleiben erhalten und der Lauf wird nicht von der Registerkarte „Completed“ (Abgeschlossen) entfernt. Durch Löschen des Laufs wird der Lauf vollständig entfernt.

Vorbereitung des Aufstellorts

In diesem Abschnitt sind Spezifikationen und Richtlinien zur Vorbereitung eines Aufstellorts für die Installation und den Betrieb der Geräte der NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme enthalten.

Lieferung und Installation

Ein Vertreter von Illumina liefert das System, entpackt die Komponenten und stellt das Gerät auf. Stellen Sie vor der Lieferung sicher, dass der Platz im Labor bereitsteht.

Die Transportkiste mit dem Gerät erfordert eine Tür- und Fahrstuhlbreite von mindestens 160 cm. Das nicht aus der Transportkiste genommene Gerät erfordert eine Tür- und Fahrstuhlbreite von mindestens 89 cm. Wenn die Tür- oder Fahrstuhlbreite weniger beträgt, wenden Sie sich an Ihren Vertreter bei Illumina.

Risiken durch Bodenbelastung im Zusammenhang mit der Geräteinstallation müssen vom Personal der Gebäudeeinrichtung bewertet und angegangen werden.

 Nur von Illumina autorisiertes Personal darf das Gerät entpacken, installieren und transportieren. Eine falsche Handhabung des Geräts kann die Justierung beeinflussen oder Gerätekomponenten beschädigen.

Ein Vertreter von Illumina wird das Gerät installieren und vorbereiten. Wenn Sie das Gerät mit einem Datenverwaltungssystem oder Remote-Netzwerk verbinden, muss der Pfad für die Datenspeicherung vor dem Datum der Installation ausgewählt werden. Der Vertreter von Illumina kann die Datenübertragung im Rahmen der Installation testen.

 Nachdem der Vertreter von Illumina das Gerät installiert und vorbereitet hat, darf die Position des Geräts *nicht mehr verändert werden*. Das unsachgemäße Bewegen des Geräts kann die Justierung der optischen Elemente sowie die Datenintegrität beeinträchtigen. Wenn Sie das Gerät umstellen müssen, wenden Sie sich an den Vertreter von Illumina.

Wenn Sie die Transportkisten für den Transport des Geräts oder für eine Geräterücksendung wiederverwenden, wenden Sie sich an Ihren Vertreter von Illumina, um sicherzustellen, dass die Transportkisten über die entsprechenden Etiketten für den Versand verfügen.

Abmessungen und Inhalt der Transportkiste

Das Sequenzierungssystem und die Komponenten werden in zwei Kisten geliefert. Anhand der folgenden Abmessungen können Sie die Mindesttürbreite bestimmen, die für die Transportkisten erforderlich ist:

i | Bei Transportkiste Nr. 1 befinden sich die Zugangspunkte für Gabelstapler auf der tiefen Seite der Kiste. Wenn Sie das Gerät in der Transportkiste transportieren, überprüfen Sie die Tür- und Fahrstuhlbreite.

Tabelle 1 Maße der Transportkisten

Maßangabe	Transportkiste 1	Transportkiste 2
Höhe	175,90 cm	121,92 cm
Breite	109,22 cm	91,44 cm
Tiefe	154,76 cm	101,6 cm
Gewicht	722 kg	238 kg

Die folgenden Inhalte sind in jeder Kiste enthalten:

Transportkiste Nr. 1 enthält das Gerät.

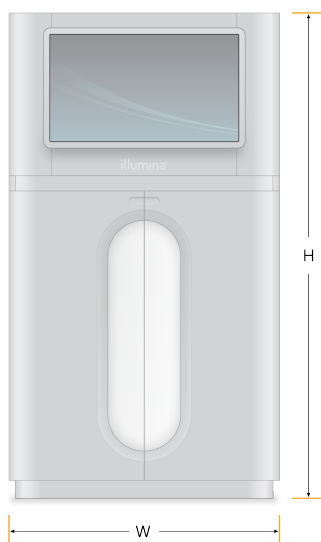
Transportkiste Nr. 2 enthält fünf Kisten mit dem folgenden Inhalt:

- Kiste: unterbrechungsfreie Stromversorgung (UPS), Gewicht 46 kg
- Kiste: Zubehör-Kit, Gewicht 12 kg
- Kiste: Zubehör für Stromversorgung und Display, Gewicht 13 kg:
 - Bildschirm
 - Bildschirm-Kabelträger
 - Ethernet-Kabel
 - Regionsspezifisches Netzkabel
 - Tastatur
- Kiste: Zubehör, Gesamtgewicht 10 kg:
 - Schornsteinadapter
 - Luftfilter-Ersatzteile (4)
 - Baugruppe für Schlauch-Kit
 - Waschlauf-Reagenzienkartusche
 - Waschlauffließzelle
 - Kühlmittel (3)
 - Abfallkappen (4)
 - Adapter für Bibliotheksrohrchenstreifen (2)
 - Externe Schläuche für benutzte Reagenzien
 - Hebeband
 - Karabinerhaken

Anforderungen an das Labor

Richten Sie den Laborplatz mithilfe der Spezifikationen und Anforderungen in diesem Abschnitt ein.

Geräteabmessungen



Maßangabe	Geräteabmessungen
Höhe	158,8 cm
Breite	86,4 cm
Tiefe	93,3 cm
Gewicht	588 kg*

* Gesamtgerätgewicht nach der Installation, einschließlich UPS und Verbrauchsmaterialien.

Anforderungen an den Aufstellort

Positionieren Sie das Gerät so, dass eine ausreichende Belüftung, der Zugang zu Netzschalter, Steckdose und Netzkabel sowie der Zugang zwecks Wartung des Geräts möglich sind.

- Positionieren Sie das Gerät so, dass das Personal um die rechte Seite des Geräts herum greifen kann, um den Netzschalter ein- oder auszuschalten. Dieser Schalter befindet sich auf der Rückseite neben dem Netzkabel.
- Positionieren Sie das Gerät so, dass das Personal das Netzkabel schnell von der Steckdose trennen kann.
- Halten Sie die folgenden Mindestabstände ein, um sicherzustellen, dass das Gerät von allen Seiten zugänglich ist:

- Halten Sie die Gerätevorderseite frei von Hindernissen und den Boden sauber, um ein Verstopfen des Luftfilters zu vermeiden.
- Platzieren Sie die UPS seitlich vom Gerät. Die UPS kann innerhalb des Mindestabstandsbereichs der Geräteseiten aufgestellt werden.

Zugang	Mindestabstand
Vorderseite	Lassen Sie vor dem Gerät mindestens 152,4 cm frei, um die Vordertüren zu öffnen und ausreichend Platz zu lassen, damit sich das Personal im Labor ungehindert bewegen kann.
Seiten	Lassen Sie auf jeder Seite des Geräts mindestens 70 cm Platz für Zugang und Abstand um das Gerät herum. Nebeneinander aufgestellte Geräte benötigen insgesamt nur 70 cm Platz zwischen den beiden Geräten.
Rückseite	Lassen Sie für Belüftung und Zugang mindestens 30,5 cm Platz hinter dem an einer Wand aufgestellten Gerät. Lassen Sie mindestens 61 cm Platz zwischen zwei Geräten, die mit den Rückseiten zueinander aufgestellt sind.
Oberseite	Stellen Sie sicher, dass sich keine Regale oder anderen Objekte über dem Gerät befinden. Mindestens 80 cm über dem Gerät.

-  Eine falsche Platzierung kann die Entlüftung beeinträchtigen. Eine beeinträchtigte Entlüftung erhöht die Wärme- und Geräuscentwicklung, was die Datenintegrität und die Sicherheit des Personals beeinträchtigt.

Richtlinien hinsichtlich Erschütterungen

Der Erschütterungspegel des Laborbodens ist auf maximal dem VC-A-Standard von 50 $\mu\text{m/s}$ für Terzbandfrequenzen von 8–80 Hz zu halten. Dies ist ein für Labore typischer Pegel. Der ISO-Wert für einen Operationssaal (Basis) von 100 $\mu\text{m/s}$ für Terzbandfrequenzen von 8–80 Hz darf nicht überschritten werden.

Halten Sie sich bei Sequenzierungsläufen an die folgenden optimalen Vorgehensweisen, um die Erschütterungen so gering wie möglich zu halten und eine optimale Leistung sicherzustellen:

- Stellen Sie das Gerät auf einem ebenen, harten Untergrund auf und halten Sie den Bereich um das Gerät herum frei.
- Legen Sie keine Tastaturen, benutzte Verbrauchsmaterialien oder andere Gegenstände auf dem Gerät ab.
- Installieren Sie das Gerät nicht in der Nähe von Erschütterungsquellen, die den ISO-Wert für einen Operationssaal überschreiten. Beispiele:

- Motoren, Pumpen, Gefrierschränke, Zentrifugen, Schütteltester, Fallmaschinen und starke Luftströmungen im Labor.
- Böden direkt ober- oder unterhalb von HVAC-Lüftern und Steuereinheiten sowie Hubschrauberlandeplätze.
- Bau- oder Reparaturarbeiten auf der Etage, auf der sich das Gerät befindet.
- Stark frequentierte Bereiche.
- Mögliche Erschütterungsquellen wie herabfallende Gegenstände und die Bewegung schwerer Geräte sollten mindestens 100 cm vom Gerät entfernt gehalten werden.
- Verwenden Sie für die Interaktion mit dem Gerät ausschließlich den Touchscreen, die Tastatur und das Trackpad. Vermeiden Sie direkte Berührungen der Geräteoberflächen während des Betriebs.

Laboreinrichtung für PCR-Verfahren

Bei einigen Methoden der Bibliotheksvorbereitung ist der Polymerase-Kettenreaktion (PCR)-Prozess erforderlich.

Bevor Sie mit der Arbeit im Labor beginnen, legen Sie zur Vermeidung einer Kontamination von PCR-Produkten eigene Bereiche und Laborverfahren fest. PCR-Produkte können Reagenzien, Geräte und Proben verunreinigen. Dies verlangsamt den Regelbetrieb und beeinträchtigt die Genauigkeit der Ergebnisse.

Vor-PCR- und Nach-PCR-Bereiche

Befolgen Sie diese Anweisungen, um eine Kreuzkontaminierung zu vermeiden.

- Richten Sie einen Vor-PCR-Laborplatz für die Durchführung von vor der PCR stattfindenden Prozessen ein.
- Legen Sie einen Nach-PCR-Laborplatz für die Verarbeitung von PCR-Produkten fest.
- Waschen Sie Vor- und Nach-PCR-Materialien nicht im selben Waschbecken.
- Verwenden Sie für Vor- und Nach-PCR-Prozesse nicht dasselbe Wasserreinigungssystem.
- Lagern Sie Materialien, die für Vor-PCR-Protokolle verwendet werden, im Vor-PCR-Bereich. Übertragen Sie sie bei Bedarf in den Nach-PCR-Bereich.

Zuweisen von Geräten und Materialien

- Verwenden Sie für Vor- und Nach-PCR-Prozesse nicht dieselben Geräte und Materialien. Verwenden Sie in jedem Bereich einen separaten Satz von Geräten und Materialien.
- Legen Sie eigene Lagerorte für die in jedem Bereich verwendeten Verbrauchsmaterialien fest. Informationen zu den Anforderungen der Lagertemperatur und den Abmessungen der Verbrauchsmaterialien finden Sie unter [Sequenzierungs-Verbrauchsmaterialien auf Seite 35](#).

Elektrische Anforderungen

Entfernen Sie keine Gehäuseteile des Geräts. Das Gerät enthält keine inneren Komponenten, die vom Benutzer gewartet werden können.

 Wenn Sie das Gerät betreiben, während eines oder mehrere Gehäuseteile entfernt sind, sind Sie möglicherweise Netz- und Gleichstromspannungen ausgesetzt.

Tabelle 2 Leistungsangaben

Typ	Spezifikation
Netzspannung	200–240 V Wechselstrom bei 50/60 Hz
Maximale Leistungsaufnahme	2700 Watt

Steckdosen

Die Einrichtung muss über eine geerdete Leitung mit mindestens 15 A und ordnungsgemäßer Spannung verfügen. Die Anforderungen können je nach Region variieren. Siehe [Netzkabel auf Seite 25](#) für länderspezifische Leistungsanforderungen. Es ist eine elektrische Erdung erforderlich. Wenn die Spannung um mehr als 10 % schwankt, ist ein Stromleitungsregler erforderlich.

Das Gerät muss an einen eigenen Stromkreis angeschlossen werden, der nicht mit anderen Geräten geteilt werden darf.

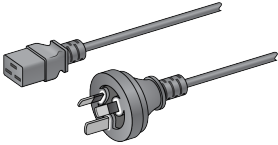
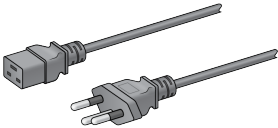
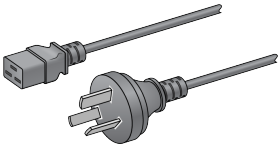
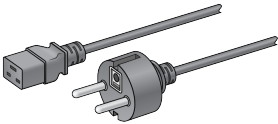
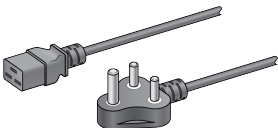
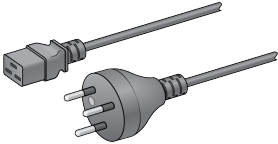
Netzkabel

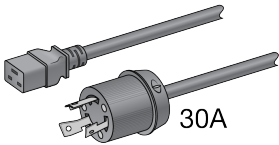
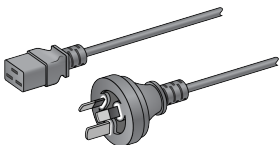
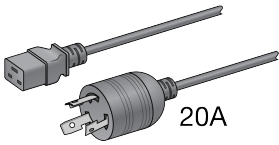
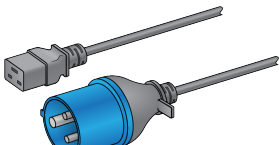
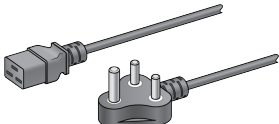
Im Lieferumfang des Geräts sind eine internationale standardmäßige IEC 60320 C20-Steckerbuchse und ein landesspezifisches Netzkabel enthalten. Wenden Sie sich an einen Drittanbieter wie Interpower Corporation (www.interpower.com) für äquivalente Steckerbuchsen oder Netzkabel, die den lokalen Standards entsprechen. Alle Netzkabel sind 2,5 m lang.

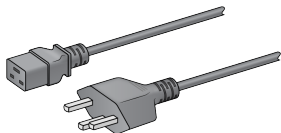
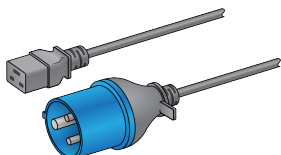
Es liegen nur dann keine gefährlichen Spannungen am Gerät an, wenn das Netzkabel von der Wechselstromquelle getrennt wurde.

 Schließen Sie das Gerät niemals mit einem Verlängerungskabel an eine Stromquelle an.

Tabelle 3 Netzkabelanforderungen ausgewählter Regionen

Region	Im Lieferumfang enthaltene Netzkabel	Stromversorgung	Steckdose
Australien	AS 3112 SAA-Stecker zu C19, 15 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 15 A	15 A Typ I
Brasilien	NBR 14136 Stecker zu C19, 16 A 	Netzspannung: 220 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	NBR 14136 Typ N
China	Gb 2099 zu C19, 16 A 	Netzspannung: 220 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	GB 1002, GB 2099, Typ I
Europäische Union*	Schuko CEE 7 (EU1-16p) zu C19, 16 A 	Netzspannung: 220–240 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	Schuko CEE 7/3
Indien	IS1293 zu C19, 16 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	BS546A Typ M
Israel	IEC 60320 C19, 16 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	SI 32 16 A Typ H

Region	Im Lieferumfang enthaltene Netzkabel	Stromversorgung	Steckdose
Japan	NEMA L6-30P, 30 A 	Netzspannung: 200 V Wechselstrom Mindeststrom: 30 A	NEMA L6-30R
Neuseeland	AS 3112 SAA-Stecker zu C19, 15 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 15 A	Spezieller 15-A-Typ I
Nordamerika	NEMA L6-20P zu C19, 20 A 	Netzspannung: < 220 V Wechselstrom Mindeststrom: 20 A Netzspannung: $\geq$ 220 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	NEMA L6-20R
Singapur	IEC 60309 316P6 zu C19, 16 A 	Netzspannung: 230–250 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	IEC 60309 316C6
Südafrika	SANS 164-1 zu C19, 16 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	BS546A Typ M

Region	Im Lieferumfang enthaltene Netzkabel	Stromversorgung	Steckdose
Schweiz	SEV 1011 Typ 23 Stecker J, 16 A 	Netzspannung: 230 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	SEV 1011 Typ 23 J- Steckdose
Vereinigtes Königreich	IEC 60309 316P6 zu C19, 16 A 	Netzspannung: 240 V Wechselstrom Mindeststrom: 16 A	IEC 60309 316C6

* Außer der Schweiz und dem Vereinigten Königreich.



Alternativ kann in allen Regionen IEC 60309 verwendet werden.

Unterbrechungsfreie Stromversorgung

Die folgenden Spezifikationen gelten für die weltweite UPS, die im Lieferumfang des Geräts enthalten sind:

Weitere Informationen zu Ländern, in denen ein anderes UPS- und Batteriemodell sowie Alternativen erforderlich sind, finden Sie unter [Länderspezifische unterbrechungsfreie Stromversorgung auf Seite 29](#).

- **UPS:** APC Smart-UPS SRT 3000 VA RM 208/230 V IEC, Modell-Nr. SRT3000RMLW-IEC

Spezifikation	UPS
Maximale Ausgangsleistung	2700 Watt*/3000 VA
Eingangsspannung	208 V, 230 V
Eingangsfrequenz	40–70 Hz
Eingangsverbindung	Britische BS1363A IEC 60320 C20 Schuko CEE 7/EU1-16P
Typische Laufzeit (Durchschnittliche Leistung von 2200 Watt)	5 Minuten 44 Sekunden

Spezifikation	UPS
Typische Laufzeit (Maximale Leistung von 2700 Watt)	3 Minuten 58 Sekunden
Wärmeleistung	703 BTU/h
Gewicht	31,3 kg
Abmessungen (Tower-Format: H x B x T)	43,2 x 63,5 x 8,5 cm

* Die UPS benötigt bis zu maximal 168 Watt, um Batterien aufzuladen und andere interne Funktionen auszuführen. In dieser Zeit stehen 2700 Watt als Ausgangsleistung zur Verfügung.

Länderspezifische unterbrechungsfreie Stromversorgung

Illumina bietet die folgenden länderspezifischen USV.

Land	UPS-Modellnr.:
Indien	UPS-Modellnr.: SUA3000UXI Batteriemodell-Nr.: SUA48XLBP Alternative UPS mit Batteriemodell-Nr.: SUA3000I-IND
Japan	SRT5KXLJ
Alle anderen Länder	SMX3000RMHV2U

Weitere Informationen zu den Spezifikationen finden Sie auf der APC-Website (www.apc.com).

i | Die genauen UPS- und Batterieoptionen richten sich nach der Verfügbarkeit und können sich ohne Vorankündigung ändern.

Illumina versendet für alle Länder, mit Ausnahme von Japan, ein Netzkabel mit 16 A und 250 VAC mit der UPS. Dieses Netzkabel verbindet die UPS und das Gerät. Für Japan versendet Illumina ein Netzkabel mit 30 A und 250 VAC. Japan verfügt über einen geringeren Spannungseingang und eine höhere UPS-Gesamtkapazität, was zu einem höheren Nennstrom führt und ein größeres Kabel erfordert. Die Nennleistung des Netzkabels ist auf dem Stecker des Kabels angegeben.

Umgebungsanforderungen

Tabelle 4 Umgebungsspezifikationen des Geräts

Umgebungsfaktor	Spezifikation
Temperatur*	Die Labortemperatur muss 15 °C bis 25 °C betragen. Während eines Laufs darf die Umgebungstemperatur nicht um mehr als ± 2 °C schwanken. Wird das Gerät nicht innerhalb dieses Temperaturbereichs betrieben, kann dies zu Leistungseinschränkungen oder Lauffehlern führen.

Umgebungsfaktor	Spezifikation
Luftfeuchtigkeit*	Es muss eine relative Luftfeuchtigkeit (nicht kondensierend) zwischen 20 und 65 % aufrechterhalten werden.
Höhe	Der Standort des Geräts muss sich in unter 2000 Metern Höhe befinden.
Luftqualität	Betreiben Sie das Gerät in Innenräumen mit einem Luftreinheitsgrad, der mindestens ISO 9 (normale Raumluft) entspricht. Halten Sie das Gerät von Staubquellen fern.
Vibrationen	Beschränken Sie kontinuierliche Vibrationen des Laborbodens auf den ISO-Wert für Operationsräume (Baseline) oder besser. Beschränken Sie während des Sequenzierungslaufs zeitweilige Vibrationen oder Stöße auf den Boden in der Nähe des Geräts. Das ISO-Operationsraumniveau darf nicht überschritten werden.
Labor-Abluft	Die Belüftung sollte für den Umgang mit gefährlichen Materialien in Reagenzien angemessen sein und den geltenden regionalen, nationalen und lokalen Gesetzen und Vorschriften entsprechen. Zusätzliche umwelt-, gesundheits- und sicherheitsbezogene Informationen finden Sie in den Sicherheitsdatenblättern (SDB) unter support.illumina.com/sds.html .

* Vermeiden Sie hohe Temperaturen zusammen mit hoher Luftfeuchtigkeit. Beispiel: 25 °C und eine relative Luftfeuchtigkeit von 65 %.

Tabelle 5 Lärmemission

Lärmemission	Abstand zum Gerät
< 75 dB	1 m

Tabelle 6 Wärmeabgabe

Stromverbrauch	Wärmeleistung
Höchstens: 2700 Watt	Höchstens: 9200 BTU/h*
Durchschnitt: 2200 Watt	Durchschnitt: 7507 BTU/h

* Wärmeleistung der UPS ist nicht enthalten.

Entlüftung

Ein runder, vertikaler 25,4-cm-Kamin entlüftet 80 % der Wärmeabgabe des Geräts. Sie können in den Raum entlüften oder den Schornstein an einen vom Benutzer bereitgestellten Kanal anschließen.

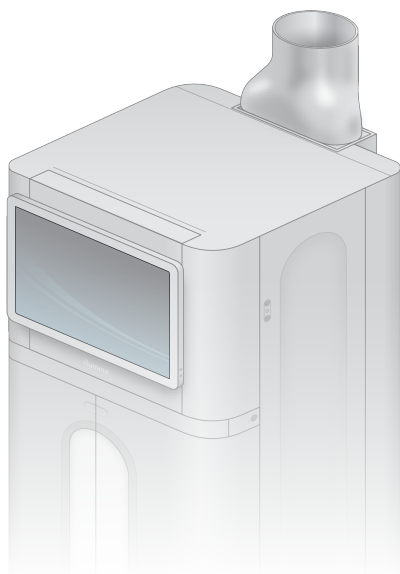
Befolgen Sie für Entlüftungskanäle diese Anweisungen.

- Flexible Kanäle werden bevorzugt.
- Vermeiden Sie Biegungen in flexiblen Kanälen nach Möglichkeit. Beschränken Sie Biegungen in flexiblen Kanälen auf ein Minimum.
- Flexible Kanäle mit Biegungen müssen an allen Stellen den 25,4-cm-Durchmesser des Kamins entsprechen.
- Beseitigen Sie Knicke oder andere Einschränkungen des Luftstroms.
- Es können starre Kanäle verwendet werden. Wenn Sie starre Kanäle verwenden, kann das dazu führen, dass das Illumina Personal das Gerät zu Wartungszwecken bewegen muss.
- Verwenden Sie die kürzestmögliche Kanallänge.
- Sicherstellen, dass die Belüftungsöffnungen frei von Hindernissen sind.
- Die Verlegung sollte zu einem Ort mit ausreichender Belüftung führen, um eine Einschränkung oder einen Rückstau des Luftstroms in das Gerät zu verhindern.

 Wenn Sie diese Anweisungen nicht einhalten, kann das die Geräteleistung beeinträchtigen und zu Lauffehlern führen.

Der Luftstrom im Schornstein beträgt bis zu 450 CFM. Die Lufttemperatur im Schornstein liegt bis zu 12 °C über der Umgebungstemperatur.

Abbildung 3 Platzierung des Schornsteins zur Entlüftung



Umgang mit benutzten Reagenzien in großen Mengen

Die NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme sind so ausgestattet, dass benutzter Reagenzienpuffer zur separaten Verarbeitung oder zum separaten Umgang in einem vom Kunden bereitgestellten Großbehälter abgegeben werden kann. Die im Lieferumfang enthaltenen externen Schläuche für benutzte Reagenzien, die im Zubehörkit enthalten sind, sind 5 Meter lang und werden an der linken Rückseite des Geräts angeschlossen.

Illumina unterstützt nur die externe Sammlung gebrauchter Reagenzien mit den im Lieferumfang enthaltenen Röhrchen. Jedes Röhrchen enthält den Pufferabfall aus einer einzelnen Fließzellenposition und muss einzeln zum Sammelbehälter geleitet werden.

Der Behälter muss innerhalb von 5 Metern vom Gerät aufgestellt werden. Die Öffnung muss sich in einer Höhe von 1000 mm oder weniger über dem Boden befinden.

Netzwerkverbindungen

Das NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme erfordert eine dedizierte Netzwerkverbindung. Die Systeme sind nicht zur Speicherung von Laufdaten gedacht.

Eine externe Internetverbindung ist optional. Für das Hochladen von Geräteleistungsdaten in Illumina Proactive und die Fernunterstützung des technischen Supports von Illumina ist jedoch eine externe Internetverbindung erforderlich. Das Hochladen von Sequenzierungsdaten in BaseSpace Sequence Hub erfordert ebenfalls eine externe Internetverbindung.

Illumina bietet keine Installationsservices oder technische Unterstützung für die Netzwerkverbindung des Geräts. Die Richtlinien zur Netzwerksicherheit für Illumina-Systeme finden Sie im [Illumina Product Security Portal](#).

Beachten Sie die folgenden Richtlinien für die Installation und Konfiguration einer Netzwerkverbindung:

- Die NovaSeq X Series ermöglicht die Konfiguration eines dualen Netzwerks. Illumina empfiehlt die folgenden Verbindungen:
 - Verbinden Sie LAN1 über eine 1-Gigabit-Ethernet-Verbindung (GbE) mit dem Internet.
 - Verbinden Sie LAN2 über eine 10-GbE-Verbindung mit Ihrem Netzwerkserver.
- Verwenden Sie zwischen dem Gerät und dem Datenmanagementsystem eine dedizierte Verbindung unter Verwendung des im Gerät enthaltenen RJ-45-Kabels. Stellen Sie diese Verbindung direkt oder über einen Netzwerk-Switch her.
 - Zur Aufrechterhaltung der Datenübertragungszeiten ist eine 10 Gigabit(Gb)-Intranet-Verbindung (Gerät zu Netzwerkspeicher und Perimeter-Firewall) erforderlich. Niedrigere Verbindungsgeschwindigkeiten führen zu einer geringeren Geräteverfügbarkeit, längeren Datenübertragungszeiten und können die Leistung des Sequenzierungslaufs beeinträchtigen.
 - Eine Internetverbindung ist optional.
- Illumina empfiehlt verwaltete Switches.

- Berechnen Sie die Gesamtkapazität der Arbeitslast auf jedem Netzwerk-Switch. Die Anzahl der verbundenen Geräte und Zusatzgeräte wie Drucker kann sich auf die Kapazität auswirken.
- Falls möglich, isolieren Sie den Sequenzierungsdatenverkehr von anderem Netzwerkverkehr.
- Illumina empfiehlt die Verwendung von mindestens einem CAT-6-Kabel. Für Netzwerkverbindungen ist im Lieferumfang des Geräts ein ungeschirmtes Netzkabel mit einer Länge von 3 m enthalten. Für Kabel mit einer Länge von über 50 m wird ein CAT-6A-Kabel empfohlen.
- Zur Verbindung mit lokalen Netzwerken verfügt das Gerät über zwei RJ-45-Kupferschnittstellen zur Verwendung mit den im Lieferumfang enthaltenen Kabeln. Direkte Glasfaserverbindungen zum Gerät sind nicht möglich.
- Zum Netzwerkspeicher ist eine 10-Gigabit(Gb)-Intranetverbindung erforderlich. Niedrigere Verbindungsgeschwindigkeiten führen zu einer geringeren Geräteverfügbarkeit, längeren Datenübertragungszeiten und können auch die Leistung des Sequenzierungslaufs beeinträchtigen.
- Switches müssen blockierungsfrei sein, über Vollduplex-Ports verfügen und die automatische Verbindungsgeschwindigkeitsaushandlung muss aktiviert sein.

Verwenden Sie die folgende empfohlene Netzwerkbandbreite pro Gerät für Verbindungen basierend auf einer Netzwerkeffizienz von 85–90 %:

- 800 Megabit pro Sekunde (Mb/s) (nur Primäranalyse) oder etwa 3,5 Gigabit pro Sekunde (Gb/s) (Primär- und Sekundäranalyse) anhaltende Netzwerkbandbreite zum Speichern von Daten im lokalen Netzwerkspeicher.
- 800 Mb/s Netzwerkbandbreite zum Hochladen von primären Analysedaten auf die Cloud.
- 15 Mb/s Netzwerkbandbreite für die Laufüberwachung oder ausschließlich Illumina Proactive Support.

Primäre Analysedateien umfassen BCL-Dateien und zusätzliche Dateien, die von der RTA4 generiert werden. Sekundäranalysedateien umfassen DRAGEN-Ausgabedateien auf dem Gerät.

Interne Verbindungen

Verbindung	Wert	Zweck
Host	https://127.0.0.1	GDS über Kubernetes-Kundenbibliothek
Port	6443	GDS über Kubernetes-Kundenbibliothek

Ausgehende Verbindungen

Eine Liste der erforderlichen Endpunkte für Cloud-Dienste finden Sie in der Dokumentation im [Illumina Product Security Portal](#). Melden Sie sich an, um auf die Dokumentation zuzugreifen.

Anweisungen zur Verbindung mit Cloud-basierten Diensten auf Ihrem System finden Sie unter [Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support auf Seite 50](#).

Verbindung	Wert	Zweck
Port	53	Auflösung von Domainnamen mit DNS-Servern des Kunden
Port	443	Geräteexterne Steuerungssoftware-UI oder UCS
URL	lus.edicogenome.com*	DRAGEN-Lizenzierungs-Server

* Wenn lus.edicogenome.com fehlschlägt, verwenden Sie <http://lus.edicogenome.com>.

Eingehende Verbindungen

Verbindung	Wert	Zweck
Port	80	Geräteexterne Steuerungssoftware (Zertifikat)
Port	443	Geräteexterne Steuerungssoftware (UI)

Sicherheit

Die NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme verfügen über hardwarebasierte selbstverschlüsselnde Laufwerke (SEDs), die eine vollständige Festplattenverschlüsselung (FDE) mit Pre-Boot-Authentifizierung verwenden. Schlüssel, die auf den Laufwerken und dem Festplatten-Controller gespeichert sind, verschlüsseln die Daten im Ruhezustand und während der Übertragung. Dieser Ansatz verringert die Belastung der Betriebssystemressourcen, da die Verschlüsselung und Entschlüsselung in der Hardware nach der ersten Entschlüsselung erfolgen. Um eine potenzielle Sicherheitslücke zu vermeiden, sind die Schlüssel nicht für das Betriebssystem verfügbar. Die SEDs verschlüsseln jedes Mal, wenn die Stromversorgung unterbrochen wird, sodass Sie ein Laufwerk nicht physisch entfernen und an anderer Stelle verbinden können, um auf die Daten zuzugreifen.

Detaillierte Richtlinien zur Cybersicherheit finden Sie im [Illumina Product Security Portal](#).

Verbrauchsmaterialien und Ausstattung

Dieser Abschnitt führt alle Komponenten des Reagenzien-Kits im Lagerungszustand auf. Dieser Abschnitt enthält außerdem Informationen dazu, welche zusätzlichen Verbrauchsmaterialien und welche zusätzliche Ausrüstung Sie für die Wartung und die Fehlerbehebung benötigen.

Sequenzierungs-Verbrauchsmaterialien

Die Sequenzierung auf dem NovaSeq X oder dem NovaSeq X Plus erfordert ein NovaSeq X Series Einweg-Reagenzien-Kit. Verwenden Sie für doppelseitige Sequenzierungsläufe auf dem NovaSeq X Plus zwei Reagenzien-Kits. Für jede Komponente wird RFID (Radio Frequency Identification [Identifizierung mithilfe elektromagnetischer Wellen]) für die genaue Nachverfolgung von Verbrauchsmaterialien und Kompatibilität verwendet. Jedes Reagenzien-Kit enthält die folgenden Komponenten:

- Pufferkartusche
- Fließzelle
- Bibliotheksröhrchenstreifen
- Lyo-Rasteinsatz
- Vorladepuffer
- Reagenzienkartusche

Die Verbrauchsmaterialien für NovaSeq X Series sind in diesen Konfigurationen verpackt.

Name des Kits	Illumina Katalognummer
NovaSeq X Series 25-B-Reagenzien-Kit	20104706 (300 Zyklen)
	20125968 (200 Zyklen)
	20125967 (100 Zyklen)
NovaSeq X Series 10-B-Reagenzien-Kit	20085594 (300 Zyklen)
	20085595 (200 Zyklen)
	20085596 (100 Zyklen)
NovaSeq X Series 5-B-Reagenzien-Kit	20145967 (300 Zyklen)
	20145966 (200 Zyklen)
	20145965 (100 Zyklen)
NovaSeq X Series 1,5-B-Reagenzien-Kit	20145964 (600 Zyklen)
	20104705 (300 Zyklen)
	20104704 (200 Zyklen)
	20104703 (100 Zyklen)

Lagern Sie die Komponenten nach dem Erhalt Ihres Kits und der visuellen Inspektion der Komponenten bei der angegebenen Temperatur, um eine ordnungsgemäße Leistung sicherzustellen.

Alle Kitkomponenten werden bei Raumtemperatur versandt.

Lagerungstemperaturen und Abmessungen

Richten Sie sich bei der Bestimmung der Lageranforderungen nach den folgenden Spezifikationen: Ein Lauf mit einer Fließzelle erfordert jeweils einen der folgenden Artikel: Ein Lauf mit zwei Fließzellen erfordert jeweils zwei der folgenden Artikel: Lagern Sie die Komponenten nach dem Erhalt Ihres Kits bei der angegebenen Temperatur, um eine ordnungsgemäße Leistung sicherzustellen.

Artikel	Lagerungstemperatur	Abmessungen der Verbrauchsmaterialien	Abmessungen des Pakets
Reagenzienkartusche	-25 °C bis -15 °C	19,9 x 29,3 x 8,5 cm (7,8 x 11,5 x 3,3 in)	31,2 x 23,9 x 9,7 cm (12,3 x 9,4 x 3,8 in)
Lyo-Rasteinsatz	-25 °C bis -15 °C	9,1 x 2,6 x 8,3 cm (3,6 x 1,0 x 3,3 in)	14,2 x 19,1 x 2,5 cm (5,6 x 7,5 x 1,0 in)
Puffer für anwendungsspezifische Primer*	-25 °C bis -15 °C	11,9 x 1,8 cm (4,7 x 0,7 in)	3,8 x 4,9 x 12,6 cm (1,5 x 1,9 x 5,0 in)
Vorladepuffer*	-25 °C bis -15 °C	9,2 x 1,6 cm (3,6 x 0,6 in)	3,8 x 3,8 x 10,2 cm (1,5 x 1,5 x 4,0 in)
Fließzelle	2 °C bis 8 °C	8,2 x 10,8 x 1,3 cm (3,2 x 4,3 x 0,5 in)	15,2 x 2,5 x 20,1 cm (6,0 x 1 x 7,9 in)
Pufferkartusche	15 °C bis 30 °C	8,0 x 30,9 x 13,3 cm (3,1 x 12,2 x 5,2 in)	31,2 x 8,4 x 14,0 cm (12,3 x 3,3 x 5,5 in)
Bibliotheksröhrchenstreifen	15 °C bis 30 °C	9,0 x 1,9 x 4,1 cm (3,5 x 0,7 x 1,6 in)	9,7 x 3,8 x 5,1 cm (3,8 x 1,5 x 2 in)

* Lagern Sie die Vorladepuffer und die Puffer für anwendungsspezifische Primer vertikal und in der Verpackung, um Leckagen zu vermeiden.

 Lassen Sie Kartuschen nicht fallen. Werden sie fallen gelassen, kann es zu Verletzungen kommen. Aus Kartuschen austretende Reagenzien könnten Hautreizungen verursachen. Überprüfen Sie Kartuschen vor der Verwendung auf Risse.

Lichtempfindlichkeit

Reagenzienkartusche, Pufferkartusche und Lyo-Rasteinsatz enthalten lichtempfindliche Reagenzien. Bewahren Sie die Artikel bis zur Verwendung verpackt auf und lagern Sie sie im Dunkeln entfernt von Lichtquellen.

Einzelheiten zu Verbrauchsmaterialien

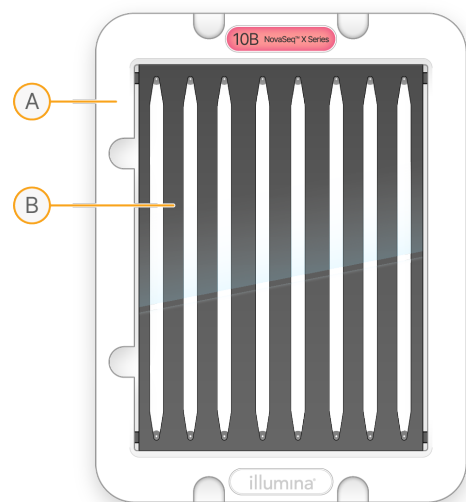
Dieser Abschnitt enthält zusätzliche Informationen zu den mitgelieferten Verbrauchsmaterialien und dem Adapter für Bibliotheksrohrchenstreifen.

Fließzelle

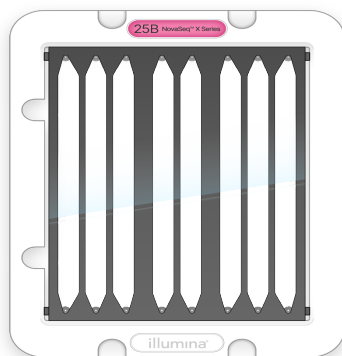
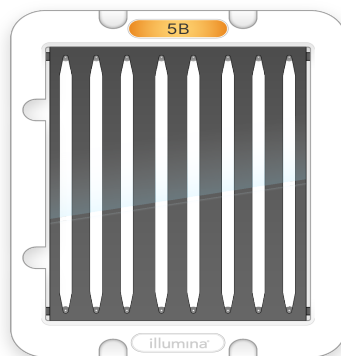
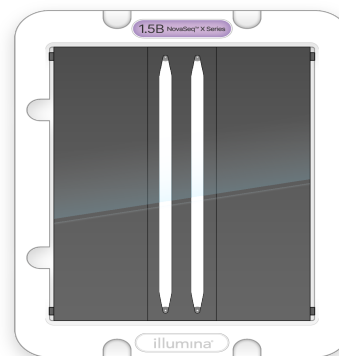
Die NovaSeq X Series Fließzellen sind strukturierte Fließzellen in Kunststoff-Kartuschen. Bei der Fließzelle handelt es sich um einen Glasträger mit Milliarden von Nanowells in einer geordneten Struktur, die mehr Ausgabe-Reads und Sequenzierungsdaten ermöglicht. In den Nanowells werden Cluster gebildet, aus denen dann die Sequenzierung durchgeführt wird.

Die NovaSeq X Series 25-B-Fließzelle, NovaSeq X Series 10-B-Fließzelle und NovaSeq X Series 5-B-Reagenzien-Kit verfügen über acht Lanes zur Sequenzierung gepoolter Bibliotheken. Die NovaSeq X Series 1,5-B-Fließzelle verfügt über zwei Lanes zur Sequenzierung gepoolter Bibliotheken. Jede Lane wird auf mehreren Bildstreifen abgebildet. Anschließend teilt die Software das Bild jedes Bildstreifens in kleinere Teile. Diese werden als Teilsegmente bezeichnet. Weitere Informationen finden Sie unter [Real-Time Analysis auf Seite 91](#).

Abbildung 4 NovaSeq X Series 10-B-Fließzelle



- A. Fließzellenkartusche
- B. Fließzelle mit acht Lanes (10 B)

Abbildung 5 NovaSeq X Series
25-B-FließzelleAbbildung 6 NovaSeq X Series
5-B-FließzelleAbbildung 7 NovaSeq X Series
1,5-B-Fließzelle

Die Unterseiten der NovaSeq X Series 25-B-Fließzelle, NovaSeq X Series 10-B-Fließzelle und NovaSeq X Series 5-B-Reagenzien-Kit besitzen eine Dichtung an der Einlassseite und acht Dichtungen an der Auslassseite. Die Unterseite der NovaSeq X Series 1,5-B-Fließzelle besitzt eine Dichtung an der Einlassseite und zwei Dichtungen an der Auslassseite. Reagenzien gelangen durch die Dichtung an der Einlassseite der Fließzelle in die Lanes der Fließzelle. Die Reagenzien werden durch die Dichtungen an der Auslassseite aus den Lanes entsorgt.

i | Berühren Sie die Dichtungen beim Umgang mit der Fließzelle nicht.

Reagenzienkartusche

Die Sequenzierungs-Reagenzienkartusche ist mit Reagenzien, Puffern und Waschlösung vorgefüllt.

Die Kartusche enthält alle Reagenzien für einen Lauf. Der Bibliotheksrohrchenstreifen und der Lyo-Rasteinsatz werden in die aufgetaute Kartusche geladen. Anschließend wird die Kartusche in das Gerät geladen. Nach Beginn des Laufs werden die Reagenzien und die Bibliothek automatisch von der Kartusche in die Fließzelle übertragen. Tragen Sie beim Transport jeweils nur eine Kartusche und fassen Sie die Kartusche an den Seiten an.

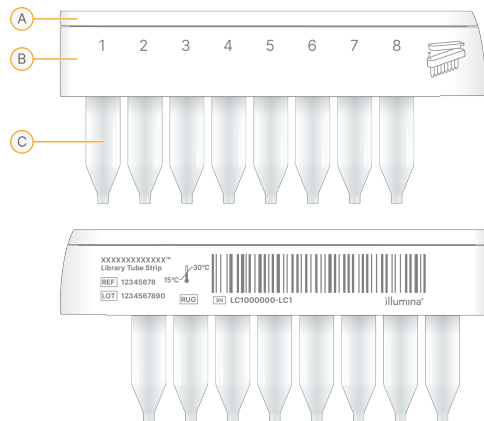
Die Vertiefungen an den Positionen Nr. 3 und Nr. 8 enthalten Formamid. Für eine leichtere sichere Entsorgung nicht verwendeter Reagenzien nach dem Sequenzierungslauf ist dieser Behälter herausnehmbar. Weitere Informationen finden Sie unter [Recycling der Reagenzienkartusche auf Seite 87](#).



Bibliotheksröhrchenstreifen

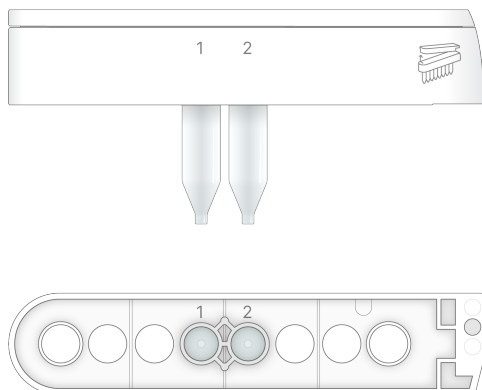
Der Bibliotheksröhrchenstreifen enthält ein Probenröhrchen für jede Fließzellen-Lane. Jedes Probenröhrchen ist nummeriert. Geben Sie während der Laufplanung die Probenröhrchennummer als Lane-Nummer ein.

Abbildung 8 Bibliotheksröhrchenstreifen (8 Lanes)



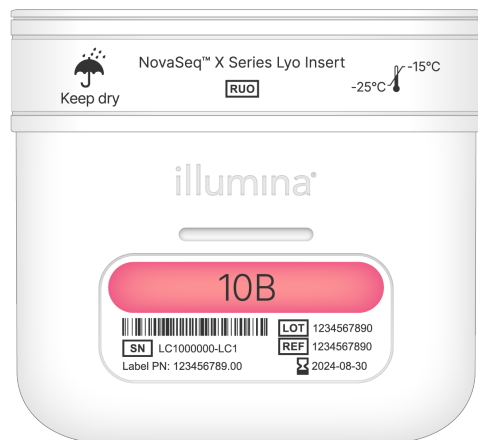
- A. Bibliotheksröhrchenstreifen-Kappe
- B. Fließzellen-Lane-Nummer
- C. Probenröhrchen

Abbildung 9 Bibliotheksröhrchenstreifen (2 Lanes)



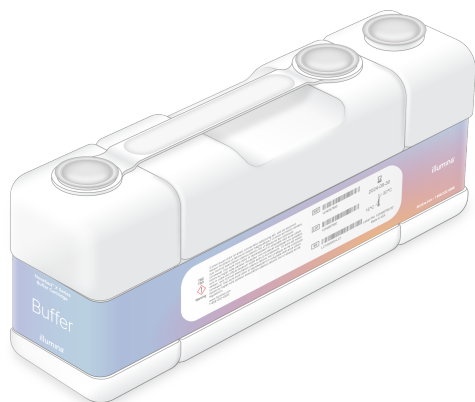
Lyo-Rasteinsatz

Der Lyo-Rasteinsatz ist mit SBS und den vorbereiteten ExAmp-Reagenzien vorgefüllt. Während der Sequenzierung rehydriert das Gerät automatisch das ExAmp-Reagenz und überträgt dann die Mischung in die Fließzelle.



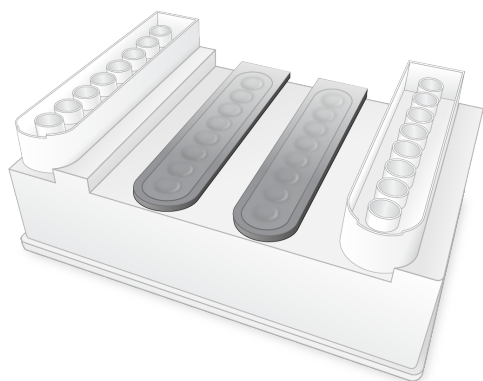
Pufferkartusche

Die Pufferkartusche ist mit Sequenzierungspuffern vorgefüllt und wiegt bis zu 2,5 kg. Vertiefungen an der Unterseite ermöglichen das Stapeln von Pufferkartuschen. Die Pufferkartusche wird direkt auf das Gerät geladen.



Adapter für Bibliotheksröhrchenstreifen

Verwenden Sie beim Transport, Zentrifugieren und Lagern des Bibliotheksröhrchenstreifens den Adapter für Bibliotheksröhrchenstreifen. Der Adapter enthält Positionen zum Einsetzen der Probenröhrchen und der Kappe des Bibliotheksröhrchenstreifens. Wenn nur ein Bibliotheksröhrchenstreifen für die Sequenzierung vorbereitet wird, stellen Sie sicher, dass Sie den Adapter vor dem Zentrifugieren mit einem anderen gefüllten Bibliotheksröhrchenstreifen ausgleichen. Die Abmessungen des Adapters sind 8,6 cm x 12,8 cm x 3,0 cm.



Symbolbeschreibungen

Die folgende Tabelle beschreibt die Symbole auf dem Verbrauchsmaterial bzw. auf der Verbrauchsmaterialverpackung:

Symbol	Beschreibung
	Das Datum, an dem das Verbrauchsmaterial abläuft. Um optimale Ergebnisse zu erzielen, verwenden Sie die Verbrauchsmaterialien vor diesem Datum.
	Gibt den Hersteller an (Illumina).
	Gibt die Artikelnummer an, damit das Verbrauchsmaterial identifiziert werden kann.*
	Gibt den Chargencode an, um die Charge oder das Los zu identifizieren, in der bzw. dem das Verbrauchsmaterial hergestellt wurde.*
	Weist auf eine Gesundheitsgefährdung hin.
	Lagerungstemperaturbereich in Grad Celsius. Lagern Sie das Verbrauchsmaterial bei Temperaturen innerhalb des angegebenen Bereichs.

* REF identifiziert die einzelne Komponente, während LOT die Charge identifiziert, zu der die Komponente gehört.

Vom Benutzer bereitgestellte Verbrauchsmaterialien & Geräte

Der folgende Abschnitt enthält Informationen zu den vom Benutzer bereitgestellten Verbrauchsmaterialien und Geräten: Für das Verdünnen und Denaturieren von Bibliotheken sind zusätzliche vom Benutzer bereitgestellte Verbrauchsmaterialien erforderlich. Weitere Informationen finden Sie im [Denaturierungs- und Verdünnungsprotokollgenerator](#).

Verbrauchsmaterialien

Verbrauchsmaterial	Lieferant	Zweck
Air filter (Luftfilter)	Illumina, Katalog-Nr. 20073109	Austauschen des Luftfilters. NovaSeq X Series wird mit einem Luftfilter und vier Ersatzteilen geliefert.
500-ml-Zentrifugenflasche	Allgemeiner Laborlieferant	Verdünnen von Tween 20 für einen Wartungswaschlauf.
50-ml-Zentrifugenröhrchen	Allgemeiner Laborlieferant	Verdünnen von NaOCl für einen Wartungswaschlauf.
Contec Polynit Heatseal-Tücher	VWR, Katalog-Nr. 68310-176 (oder vergleichbar)	Zum Reinigen und Trocknen der Fließzelle und des Fließzellentisches.
Einweg-Handschuhe, ungepudert	Allgemeiner Laborlieferant	Allgemeine Verwendung.
Analysenreine NaOCl-Lösung, 5 %	Sigma-Aldrich, Katalog-Nr. 239305	Zum Durchführen eines Wartungswaschlaufs.
Pipettenspitzen, 20 µl	Allgemeiner Laborlieferant	Pipettieren zum Laden von Bibliotheken.
Pipettenspitzen, 200 µl	Allgemeiner Laborlieferant	Pipettieren zum Laden von Bibliotheken.
Pipettenspitzen, 1000 µl	Allgemeiner Laborlieferant	Pipettieren zum Laden von Bibliotheken.
Isopropylalkohol (70 %) für Reagenzien oder Spektrophotometrie, 100-ml-Flasche	Allgemeiner Laborlieferant	Zum Reinigen des Fließzellentisches.

Verbrauchsmaterial	Lieferant	Zweck
Tween 20	Sigma-Aldrich, Katalog-Nr. P7949	Zum Durchführen eines Wartungswaschlaufs.
Wasser, Laborqualität	Allgemeiner Laborlieferant	Verdünnen von Tween 20 und Natriumhypochlorit für einen Wartungswaschlauf.
Wasseraufbereiter	Electron Microscopy Sciences, Katalog-Nr. 60502-01 (oder vergleichbar)	Zur Stabilisierung des Wassers in Wasserbädern und zur Verhinderung von mikrobiellem Wachstum.
[Optional] EZwaste HD 20 L, HDPE, 83-mm-Kappe, 4 x 1/16", 3 x 1/4" OD-Leitungsverschraubungen, 1 x 1/4"- oder 3/8"-ID-Schlauchtülle und Filter	VWR, Katalog-Nr. 76018-558 (oder vergleichbar)	Zum Sammeln von Abfällen benutzter Reagenzienpuffer.
[Optional] NovaSeq X Series Puffer für anwendungsspezifische Primer	Illumina, Katalog-Nr. 20100055	Durchführen des Workflows für anwendungsspezifische Primer.
[Optional] PhiX Control v3	Illumina, Katalog-Nr. FC-110-3001	Versetzen mit einer PhiX-Kontrolle.

Ausrüstung

Artikel	Quelle
Zentrifuge	Allgemeiner Laborlieferant
Gefrierschrank, -25 °C bis -15 °C	Allgemeiner Laborlieferant
Messzylinder, 500 ml, steril	Allgemeiner Laborlieferant
Eiskübel	Allgemeiner Laborlieferant
Pipette, 20 µl	Allgemeiner Laborlieferant
Pipette, 200 µl	Allgemeiner Laborlieferant
Pipette, 1000 µl	Allgemeiner Laborlieferant
Kühlschrank, 2 bis 8 °C	Allgemeiner Laborlieferant
Wanne, Wasserbäder*	Allgemeiner Laborlieferant

* Verwenden Sie eine Wanne, die die Reagenzienkartuschen und die erforderliche Wassermenge fassen kann.

Richtlinien für Wasser in Laborqualität

Bei Geräteverfahren sollte immer deionisiertes Wasser bzw. Wasser in Laborqualität verwendet werden. Niemals Leitungswasser verwenden. Verwenden Sie nur die folgenden Wasserarten oder Äquivalente:

- Deionisiertes Wasser
- Illumina PW1
- 18-Megohm(MΩ)-Wasser
- Milli-Q-Wasser
- Super-Q-Wasser
- Wasser für die Molekularbiologie

Systemkonfiguration

Dieser Abschnitt enthält Anweisungen zum Einrichten und Konfigurieren des Systems. Sie können die Systemeinstellungen am Gerät oder auf einem Computer mit Internetanschluss bearbeiten.

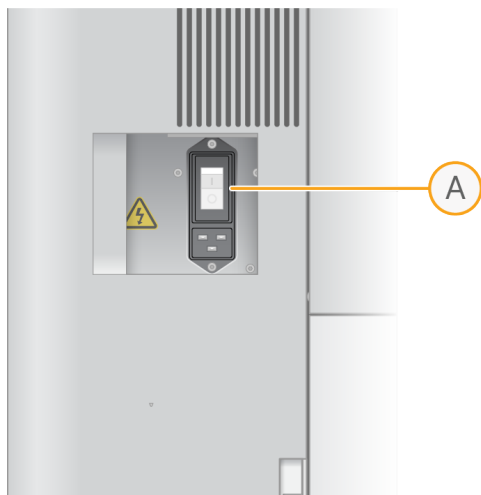
Informationen zu Gerätesteuerungscomputer, Linux-Benutzerkonten, Netzwerken oder Sicherheitseinstellungen finden Sie im [Illumina Product Security Portal](#).

Starten des Geräts

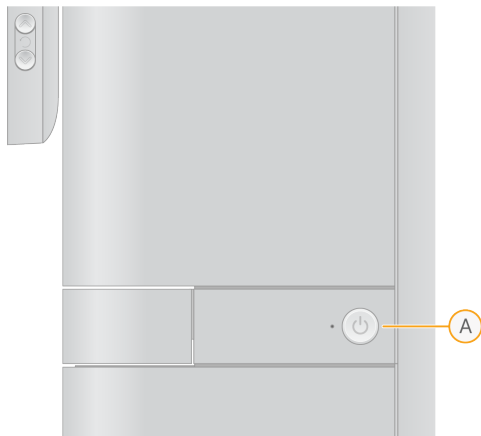
Beim ersten Einschalten des NovaSeq X Series muss das Betriebssystem die NovaSeq X Series Control Software initialisieren.

Schalten Sie das Gerät wie folgt ein:

1. Stellen Sie den Kippschalter (A) auf der Rückseite des Geräts auf die Ein-Position (I).



2. Drücken Sie die Ein/Aus-Taste (A) auf der rechten Seite des Geräts, wenn diese blinkt.



3. Warten Sie, bis das Betriebssystem die Initialisierung abgeschlossen hat (~35 Minuten).

4. Geben Sie Ihren Benutzernamen und Ihr Kennwort ein, um sich im Gerät anzumelden.
Weitere Informationen finden Sie unter [An- und Abmelden auf Seite 85](#).

Benutzerkonten

Die NovaSeq X Series Control Software verwendet folgende Benutzergruppen:

- **Sequencer Operators** (Bediener des Sequenzierers): Ermöglicht Benutzern die Durchführung von Sequenzierungen und den Zugriff auf alle Sequenzierungsfunktionen. Um auf die Steuerungssoftware am Gerät zugreifen zu können, muss der Benutzer in die Gruppe der Bediener des Sequenzierers aufgenommen worden sein.
- **Administrator**: Ermöglicht Benutzern den Zugriff auf alle Administrator-Funktionen in den Einstellungen. Sie können beim Hinzufügen eines Benutzers diesen der Administratorgruppe zuweisen. Administratoren werden automatisch in die Gruppe der Bediener des Sequenzierers aufgenommen.

Benutzerberechtigungen

Die folgenden Berechtigungen sind für jede Benutzergruppe verfügbar: Die Gruppe der Bediener des Sequenzierers ist standardmäßig ausgewählt. Beim Hinzufügen eines Benutzers können jedoch beide Gruppen ausgewählt werden. Weitere Informationen finden Sie unter [Benutzer hinzufügen auf Seite 47](#).

Berechtigungen	Bediener des Sequenzierers	Administratoren
Geräteeinstellungen bearbeiten	X	X
Benutzer anzeigen, hinzufügen, bearbeiten und entfernen		X
Kennwortrichtlinien festlegen		X
Anwendungen anzeigen	X	X
Anwendungen installieren, deinstallieren und die Konfiguration bearbeiten		X
Durchführen von Systemprüfungen	X	X
Anzeigen und Herunterladen verfügbarer Software-Updates	X	X
Software-Updates durchführen		X
Ressourcen anzeigen	X	X
Ressourcen hinzufügen, bearbeiten und entfernen		X

Berechtigungen	Bediener des Sequenzierers	Administratoren
DRAGEN-Software verwalten		X
Prüfprotokoll anzeigen		X
Export logs (Protokolle exportieren)	X	X
Konfigurieren der Einstellungen für Cloud-Konnektivität	X	X
Konfigurieren des externen Speichers	X	X
Konfigurieren von Netzwerkeinstellungen		X
Anwendungsspezifische Index-Adapter- und Bibliotheksvorbereitungskits anzeigen, hinzufügen, bearbeiten und löschen	X	X
Bildschirm „About“ (Info) der Steuerungssoftware anzeigen	X	X
Minimieren und Beenden der Steuerungssoftware	X	X
Herunterfahren bzw. Neustarten des Geräts	X	X
Gerätetüren entriegeln	X	X
Geplante Läufe erstellen, bearbeiten oder löschen	X	X
Abgeschlossene Läufe löschen	X	X
Automatisches Löschen der übertragenen Laufdaten in den Geräteeinstellungen konfigurieren		X
Sequenzierung durchführen	X	X
Läufe entsperren	X	X
Wartungswaschlauf durchführen	X	X
Austausch des Luftfilters	X	X

Benutzer hinzufügen

Sie können unter Verwendung der NovaSeq X Series Control Software neue Benutzer hinzufügen. Nur Administratoren können Benutzer hinzufügen.

Cloud-Benutzer werden automatisch erstellt, wenn sie sich zum ersten Mal mit ihren BaseSpace Sequence Hub-Anmeldedaten am Gerät anmelden. Nachdem ein Cloud-Benutzer erstellt wurde, wird seine Benutzergruppe manuell konfiguriert.

Benutzer hinzufügen

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Users** (Benutzer).
3. Wählen Sie **Add User** (Benutzer hinzufügen).
4. Geben Sie folgende Informationen ein:
 - Benutzername
 - Vorname
 - Nachname
5. Bestätigen Sie, dass das Kontrollkästchen User enabled (Benutzer aktiviert) ausgewählt ist, um den Benutzerstatus auf Active (Aktiv) zu setzen.
Nur aktive Benutzer können sich beim Gerät anmelden.
6. Geben Sie ein temporäres Kennwort ein. Temporäre Kennwörter können nicht wiederverwendet werden.
Der Benutzer ändert das Kennwort, wenn er sich zum ersten Mal anmeldet. Informationen zu Passwortempfehlungen finden Sie unter [Kennwortanforderungen auf Seite 48](#).
7. Um einen Benutzer als Administrator hinzuzufügen, aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Administrators** (Administratoren).
Weitere Informationen zu Gruppenberechtigungen finden Sie unter [Benutzerberechtigungen auf Seite 46](#).
8. Wenn Sie fertig sind, wählen Sie **Save** (Speichern).

Kennwortanforderungen

Verwenden Sie beim Erstellen eines Benutzers die folgenden Kennwortempfehlungen:

Richtlinie	Sicherheitseinstellung
Kennwortlänge	8–64 Zeichen
Mindestanforderungen an Kennwortzeichen	• 1 Großbuchstabe • 1 Kleinbuchstabe • 1 numerisches Zeichen • 1 Sonderzeichen
Kennworthistorie	Darf mit keinem der vorherigen 5 Kennwörter übereinstimmen.

Benutzer verwalten

Administratoren können Benutzer mit der NovaSeq X Series Control Software verwalten. Weitere Informationen zum Hinzufügen eines Benutzers finden Sie unter [Benutzer hinzufügen auf Seite 48](#).

Einen Benutzer bearbeiten

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Users** (Benutzer).
3. Wählen Sie den zu bearbeitenden Benutzer.
4. Bearbeiten Sie die Benutzereinstellungen und wählen Sie dann **Save** (Speichern).
Sie können den Benutzernamen nicht bearbeiten.

Benutzer entfernen

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Users** (Benutzer).
3. Wählen Sie **Remove** (Entfernen) für den Benutzer, den Sie entfernen möchten.
4. Wählen Sie im Dialogfeld **Yes, remove** (Ja, entfernen).
5. Wiederholen Sie die Schritte [3](#) und [4](#) für jeden Benutzer, den Sie entfernen möchten.

Kennwörter aktualisieren

Administratoren können Kennwörter zurücksetzen und Kennworteinstellungen aktualisieren.

Kennwort zurücksetzen

Administratoren können Kennwörter jederzeit zurücksetzen. Wenn ein Administrator ein Kennwort zurücksetzt, kann sich der Benutzer mit dem generierten temporären Kennwort anmelden. Auf einem vernetzten Computer können Sie zum Benutzerprofilmenü in der oberen rechten Ecke navigieren, um Ihr Kennwort zu ändern. Sie können Ihr eigenes Kennwort zurücksetzen, wenn Sie die Benachrichtigung zum Ablauf des Kennworts erhalten.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Users** (Benutzer).
3. Wählen Sie den zu bearbeitenden Benutzer.
4. Wählen Sie **Reset Password** (Kennwort zurücksetzen). Informationen zu Kennwortbeschränkungen finden Sie unter [Kennwortanforderungen auf Seite 48](#).
Der Benutzer gibt bei der nächsten Anmeldung ein neues Kennwort ein.
5. Wenn Sie fertig sind, wählen Sie **Save** (Speichern).

Kennworteinstellungen bearbeiten

Administratoren können bearbeiten, in welchen Zeitabständen Kennwörter ablaufen, nach welcher Zeitdauer eine automatische Abmeldung erfolgt und wie viele Anmeldeversuche zulässig sind. Wenn ein Kennwort abgelaufen ist, erhalten Benutzer eine Aufforderung, während der Anmeldung ein neues Kennwort einzurichten.

Für Kennworteinstellungen gelten die folgenden Standardeinstellungen:

- Ablauffrist des Kennworts: 90 Tage
- Automatische Abmeldezeit: nach 30 Minuten Inaktivität
- Ungültige Anmeldeversuche: Fünf Versuche

Gehen Sie wie folgt vor, um die Standard-Kennworteinstellung zu ändern:

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Password policy** (Kennwortrichtlinie).
3. Bearbeiten Sie die Kennworteinstellungen wie gewünscht.



Wenn die Ablauffrist des Kennworts deaktiviert oder die automatische Abmeldezeit auf mehr als 90 Minuten Inaktivität geändert wird, ist das System anfälliger für Sicherheitsbedrohungen.

4. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support

Konfigurieren Sie Illumina Proactive Support und BaseSpace Sequence Hub oder ICA auf Ihrem System anhand folgender Anweisungen. Weitere Informationen zu BaseSpace Sequence Hub finden Sie auf der [BaseSpace Sequence Hub Support-Site im Internet](#). Weitere Informationen zum ICA finden Sie auf der [Illumina Connected Analytics Support-Seite im Internet](#).

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Cloud Settings** (Cloud-Einstellungen).
3. Um eine Cloud-Verbindung zu aktivieren, wählen Sie den Speicherort Ihrer BaseSpace Sequence Hub- oder ICA-Domäne im Dropdown-Menü unter „Hosting Location“ (Hosting-Speicherort).
4. Geben Sie bei Verwendung von BaseSpace Sequence Hub Enterprise oder ICA den privaten Domänen-Namen ein.

Nicht erforderlich für BaseSpace Sequence Hub Professional oder Basic Konten.

5. Wählen Sie **Test Configuration** (Konfiguration testen), um Ihre Cloud-Verbindung zu überprüfen. Stellen Sie sicher, dass Sie die erforderlichen Endpunkte zur Zulassungsliste Ihrer Firewall hinzugefügt haben. Eine Liste der Endpunkte finden Sie in der Dokumentation im [Illumina Product Security Portal](#). Melden Sie sich an, um auf die Dokumentation zuzugreifen.



Wenn die erforderlichen Endpunkte nicht auf der Zulassungsliste stehen, können Sie keine Verbindung zu Illumina Cloud-basierten Diensten herstellen.

6. Wählen Sie eine Standard-Laufeinstellung aus den folgenden Optionen: Sie können die Standard-Laufeinstellung während der Laufteinrichtung ändern.

- **Cloud run monitoring** (Cloud-Laufüberwachung): Wählen Sie diese Option, um die Laufüberwachung aus der Ferne zu aktivieren. Illumina Proactive Support ist automatisch enthalten. Die Laufüberwachung ist nur im BaseSpace Sequence Hub sichtbar.
 - **Cloud run storage** (Cloud-Laufspeicherung): Wählen Sie diese Option, um Laufdaten in der Cloud zu speichern und die Analyse automatisch zu starten. Illumina Proactive Support und Laufüberwachung sind automatisch einbezogen.
7. Wenn die Speicherung in der Cloud aktiviert ist, aktivieren Sie die folgenden Kontrollkästchen, um die sekundären Zwischendateien aus der lokalen Analyse in die Cloud hochzuladen:
 - FASTQ-Dateien in die Cloud hochladen
 - BAM/CRAM-Dateien in die Cloud hochladen
 8. Um Illumina Proactive Support zu aktivieren, wählen Sie das Kontrollkästchen **Send instrument performance data to Illumina** (Geräteleistungsdaten an Illumina senden).
Abhängig von Ihren Cloud-Einstellungen ist diese Option möglicherweise erforderlich.
 9. Wählen Sie **Save** (Speichern), um den Vorgang abzuschließen.

Netzwerkeinstellungen

Zur Aktualisierung der Netzwerkeinstellungen, zur Einrichtung eines Proxy-Servers, zur Aktualisierung von Firewall-Einstellungen oder zur Erneuerung eines TLS-Zertifikats (Transport Layer Security) sind Administrator-Anmeldeinformationen erforderlich. Für Zeiteinstellungen sind keine Administrator-Anmeldeinformationen erforderlich. Wenn Sie Hilfe bei der Aktualisierung der Netzwerkeinstellungen benötigen, wenden Sie sich an den technischen Support von Illumina.

Netzwerkeinstellungen aktualisieren

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Network Settings** (Netzwerkeinstellungen).
Der aktuelle Hostname, der Domänenname und die Netzwerkkonfigurationen werden angezeigt.
3. Um den Hostnamen oder den optionalen Domännennamen zu aktualisieren, wählen Sie **Edit** (Bearbeiten). Ändern Sie sie nach Bedarf und wählen Sie **Save** (Speichern) aus.
Nachdem Sie den Domännennamen geändert haben, müssen Sie sich bei Steuerungssoftware anmelden.
4. Wählen Sie **Edit** (Bearbeiten) für die Netzwerkschnittstelle aus, die Sie aktualisieren möchten.
Wenn zwei Netzwerkschnittstellen konfiguriert sind (LAN1 und LAN2), gibt die primäre Bezeichnung an, welches Netzwerk Priorität hat.
5. Um die IP-Adresse zu konfigurieren, verwenden Sie eine der folgenden Optionen:
 - **Manually enter IP address** (IP-Adresse manuell eingeben): Verwenden Sie bearbeitbare Felder, um die IP-Adresse, die Netzmaske und das Gateway zu konfigurieren. Das Gateway ist optional.

- **Automatically assign IP address (DHCP)** (Automatische Zuweisung von IP-Adressen (DHCP)):
Das Dynamic Host Configuration Protocol (DHCP) stellt automatisch eine IP-Adresse, eine Netzmaske und ein Gateway bereit.
6. Um die DNS-Server-IP-Adresse zu konfigurieren, verwenden Sie eine der folgenden Optionen:
 - **Manually enter DNS server IP address** (IP-Adresse des DNS-Servers manuell eingeben):
Geben Sie die IP-Adresse des DNS-Servers ein. Wenn keine DNS-Server-IP-Adresse vorhanden ist, lassen Sie das Feld leer. Um mehrere Adressen einzugeben, verwenden Sie eine durch Kommas getrennte Liste.
 - **Automatically assign DNS server IP address** (DNS-Server-IP-Adresse automatisch zuweisen):
Das DHCP stellt automatisch eine DNS-Server-IP-Adresse oder -Adressen bereit.
 7. **[Optional]** Geben Sie eine DNS-Suchdomäne ein.
Um mehrere Suchdomänen einzugeben, verwenden Sie eine durch Kommas getrennte Liste.
 8. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Einrichten eines Proxy-Servers

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Proxy Settings** (Proxy-Einstellungen).
3. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Enable proxy** (Proxy aktivieren).
4. Geben Sie die Serveradresse und den Port ein.
5. Wenn der Proxy-Server eine Authentifizierung erfordert, aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Requires Username and Password** (Benutzername und Kennwort erforderlich) und geben Sie dann den Benutzernamen und das Kennwort ein.
6. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

TLS-Zertifikat erneuern

Ab NovaSeq X Series Control Software Version 1.4 können Sie Ihr TLS- Zertifikat mit den folgenden Anweisungen erneuern. Wenden Sie sich an den technischen Support von Illumina, um Ihr TLS-Zertifikat auf früheren Versionen von Steuerungssoftware zu erneuern.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **TLS certificates** (TLS-Zertifikate) aus.
Es werden Details zum aktuell installierten TLS-Zertifikat angezeigt.
3. Um ein Zertifikat zu generieren, wählen Sie **Use Self-Signed Certificate** (Selbstsigniertes Zertifikat verwenden) aus.
4. Um ein neues TLS-Zertifikat hochzuladen, wählen Sie **Use my own Certificate** (Eigenes Zertifikat verwenden) aus. Für diese Option müssen Sie die folgenden Dateien hochladen:
 - TLS-Zertifikat

- TLS-Schlüssel
 - CA-Zertifikat
5. Wählen Sie **Renew TLS Certificate** (TLS-Zertifikat erneuern).
Die Erneuerung des TLS-Zertifikats dauert ca. 15 Minuten.
 6. Wählen Sie **Continue** (Weiter), um sich beim Gerät anzumelden.

Einstellungen für Uhrzeit aktualisieren

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Time Settings** (Zeiteinstellungen).
Falls konfiguriert, wird die aktuelle Adresse des Netzwerkzeitprotokollservers (Network Time Protocol – NTP) angezeigt.
3. Zur Aktualisierung der Serveradresse geben Sie die Adresse für einen Netzwerkprotokollzeitserver oder Server-Pool ein.
Um mehrere Netzwerkprotokollzeitserver einzugeben, verwenden Sie eine durch Kommas getrennte Liste.
4. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Firewall-Einstellungen aktualisieren

Aktivieren Sie die Netzwerkports 80 und 443, um Funktionen zu unterstützen, die Fernzugriff erfordern, wie z. B. Fernplanung von Läufen, Überwachung von Läufen, Verwaltung von Benutzern oder Verwaltung sekundärer Analyseanwendungen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Firewall settings** (Firewall-Einstellungen).
3. Wählen Sie das Kontrollkästchen **Enable network ports 80 and 443 for remote access** (Aktivieren der Netzwerkports 80 und 443 für den Fernzugriff).
4. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner

Befolgen Sie die Anweisungen in diesem Abschnitt, um einen Standardausgabeordner festzulegen oder einen externen Speicherort einzurichten. Sie können den Ausgabeordner für einzelne Läufe während der Laufkonfiguration ändern. Die Software speichert CBCL-Dateien und andere Laufdaten im Ausgabeordner.

Ein Ausgabeordner ist erforderlich, es sei denn, die Cloud-Laufspeicherung ist aktiviert. Verwenden Sie ausschließlich ein Netzlaufwerk als Standardspeicherort. Die Verwendung eines Ausgabeordners im Gerät beeinträchtigt die Sequenzierungslaufzeit.

Netzwerklaufwerk zum externen Speicher hinzufügen

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen für das Mounten eines festen Netzlaufwerks sowie zur Angabe des Speicherorts für den Standardausgabeordner: Server Message Block (SMB) und Network File System (NFS) sind die einzigen Methoden, die für das Mounten eines festen Netzlaufwerks auf dem NovaSeq X Series unterstützt werden.

Um Ihr Netzlaufwerk als Ausgabeordner zu verwenden, müssen Sie es zunächst als verfügbare Option im externen Speicher hinzufügen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **External Storage** (externer Speicher).
3. Wählen Sie **Add network storage** (Netzwerkspeicher hinzufügen).
4. Wählen Sie den Typ des Netzlaufwerks.
5. Geben Sie folgende Informationen ein:
 - Serverort
 - **[Optional]** Domäne
 - Benutzername
 - Kennwort
6. Wenn Sie ein SMB-Laufwerk als Netzwerkspeicher verwenden, wählen Sie eine Dateiverschlüsselungsoption. Es wird empfohlen, eine Verschlüsselung zu verwenden.
7. Wählen Sie **Test configuration** (Konfiguration testen), um die Verbindung zum Netzwerkspeicher zu testen.
8. Nachdem der Test abgeschlossen ist, wählen Sie **Save** (Speichern).

Nach dem Speichern wird die Netzwerkspeicheroption zu einem verfügbaren Ausgabeordnerspeicherort. Anleitungen zur Auswahl der standardmäßigen Ausgabeordneroption finden Sie unter [Angaben einer externen Speicheroption als Ausgabeordner auf Seite 54](#).

Um das Netzlaufwerk später zu entfernen, wählen Sie auf dem Bildschirm „External storage“ (Externer Speicher) in der Spalte „Actions“ (Aktionen) des Servers die Option **Remove volume** (Laufwerk entfernen).

Angaben einer externen Speicheroption als Ausgabeordner

Um eine externe Speicheroption als Standardausgabeordner zu verwenden, wählen Sie den Ausgabeordner auf dem externen Speicherort wie folgt aus:

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **External Storage** (externer Speicher).
3. Wenn ein Ausgabeordner hinzugefügt wurde, wählen Sie **Edit folders** (Ordner bearbeiten) und dann **Add folder** (Ordner hinzufügen).
4. Wenn kein Ausgabeordner hinzugefügt wurde, wählen Sie **Add folder** (Ordner hinzufügen).

5. Wählen Sie einen Serverspeicherort aus der Dropdown-Liste und wählen Sie dann einen der verfügbaren Ordner aus.
6. Geben Sie einen Kurznamen für den Ordner ein.
7. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.
8. Ausgabeordner können entfernt werden, indem Sie auf dem Bildschirm „Edit folders“ (Ordner bearbeiten) die Option **Remove** (Entfernen) auswählen.

DRAGEN-Anwendungen verwalten

Administratoren können DRAGEN-Anwendungen installieren oder deinstallieren. Weitere Informationen zum Erstellen eines geplanten Laufs finden Sie unter [Planen eines Sequenzierungslaufs auf Seite 65](#).

Anwendungen installieren

1. Laden Sie die Anwendung (*.iapp) von der [NovaSeq X Series Support-Seite](#) herunter. Speichern Sie das Installationsprogramm auf einem Netzlaufwerk.

i | Wenn das Dateiformat für die Anwendung IPB2 ist, siehe die Anweisungen für [Software-Updates auf Seite 98](#).

2. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
3. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Applications** (Anwendungen).
4. Wählen Sie **Install applications** (Anwendungen installieren).
5. Navigieren Sie zur Anwendungsdatei und wählen Sie dann **Open** (Öffnen).
Nachdem die Datei hochgeladen wurde, werden Informationen über die Anwendung angezeigt.
6. Wählen Sie **Install** (Installieren).
Nachdem die Anwendung installiert wurde, können Sie die Anwendungskonfiguration überprüfen. Siehe [Anwendungseinstellungen bearbeiten auf Seite 55](#).

Anwendungseinstellungen bearbeiten

Die DRAGEN-Anwendung stellt ein Standard-Bibliotheksvorbereitungskit, Indexadapterkit, die Read-Informationen, Indexinformationen und Berechtigungen zur Verfügung. Einige Anwendungen bieten auch Einstellungen und Konfigurationen für die sekundäre Analyse.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Applications** (Anwendungen).
3. Wählen Sie die anzuzeigende Anwendung aus.
Nachdem Sie eine Anwendung installiert haben, wird der Konfigurationsbildschirm automatisch geöffnet.
4. Bearbeiten Sie eine der folgenden Informationen:
 - Bibliotheksvorbereitungskits

- Indexadapterkits
- Index-Reads
- Read-Typ
- Index-Längen
- Read-Länge

5. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Anwendungen deinstallieren

Administratoren können Anwendungen deinstallieren.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Applications** (Anwendungen).
3. Wählen Sie die zu deinstallierende Anwendung aus.
4. Wählen Sie **Uninstall** (Deinstallieren).
5. Bestätigen Sie die Deinstallation der Anwendung.

Ressourcendateien importieren

Sie können Referenzgenome oder Referenzdateien importieren. Eine Liste der geräteeigenen Referenzgenome finden Sie auf der Seite [NovaSeq X Series Compatible Products](#) (Kompatible Produkte). Sie können vorhandene Referenzgenome oder Referenzdateien entfernen, um Speicherplatz auf der Festplatte freizumachen.

Referenzgenome importieren

Sie können unter der Registerkarte „Genomes“ (Genome) auf dem Bildschirm „Resources files“ (Ressourcendateien) Referenzgenome hinzufügen und löschen. Unter der Registerkarte „Genomes“ (Genome) werden der Genomname, ob es sich um ein Standard- oder anwendungsspezifisches Genom handelt, die Spezies und die Genomquelle angezeigt.

1. Stellen Sie sicher, dass derzeit weder Sequenzierungsläufe noch Sekundäranalysen im Gerät durchgeführt werden.
2. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
3. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Resource files** (Ressourcendateien).
4. Wählen Sie unter der Registerkarte „Genomes“ (Genome) die Option **Import Genome** (Genom importieren).
5. Navigieren Sie zum Referenzgenom (*.tar.gz) und wählen Sie dann **Select** (Auswählen).
Das System importiert das ausgewählte Genom.

Referenzdateien importieren

Sie können unter der Registerkarte „Reference files“ (Referenzdateien) auf dem Bildschirm „Resource files“ (Ressourcendateien) Referenzdateien hinzufügen und löschen. Die Registerkarte „Reference files“ (Referenzdateien) zeigt den Namen der Referenzdatei, den Dateityp, die Dateibeschreibung und die Anzahl der verknüpften Referenzgenome an.

Referenzdateien generieren

Wenn Sie ein CNV-Calling durchführen, können Sie eine optionale Normalgruppendatei verwenden. Die Normalgruppendatei ist ein referenzbasierter Normalisierungsalgorithmus, der anhand von extern bereitgestellten übereinstimmenden Normalproben ein Basisniveau für das Calling von CNV-Ereignissen bestimmt. Diese übereinstimmenden Normalproben müssen aus dem Probenotyp, der Bibliotheksvorbereitung und dem Sequenzierungsworkflow stammen, der auch für die Fallprobe verwendet wurde. Der Algorithmus rechnet Abweichungen auf Systemebene heraus, die nicht probenspezifisch sind.

Sie können eine Normalgruppendatei sowohl für somatische als auch für Keimbahnvarianten verwenden.

Bei Verwendung der DRAGEN Enrichment-Sekundäranalyse kann mit einer Datei für das Grundrauschen durch die Sequenzierung oder das System verursachtes Rauschen herausgefiltert werden. Sie können standardmäßige anwendungsspezifische Dateien für das Rauschen von der [Illumina Support-Seite im Internet](#) herunterladen oder selbst eine anwendungsspezifische Datei für das Grundrauschen erstellen.

Verwenden Sie eine der folgenden Optionen, um eine Normalgruppendatei oder eine Datei für das Grundrauschen zu generieren. Es wird empfohlen, ~50 Proben zu verwenden.

- Verwenden Sie den DRAGEN-Server. Informationen finden Sie auf der [Illumina DRAGEN Bio-IT Platform-Support-Seite im Internet](#).
- Verwenden Sie die DRAGEN Baseline Builder App auf Illumina DRAGEN Bio-IT Platform, die FASTQ, BAM oder CRAM akzeptiert. Die Baseline Builder App generiert eine CNV-Baseline-Datei (*.combined.counts.txt.gz-Datei).

Referenzdateien importieren

1. Stellen Sie sicher, dass derzeit weder Sequenzierungsläufe noch Sekundäranalysen im Gerät durchgeführt werden.
2. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
3. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Resource files** (Ressourcendateien).
4. Wählen Sie unter der Registerkarte „Reference files“ (Referenzdateien) die Option **Import reference file** (Referenzdatei importieren).
5. Navigieren Sie zu der Referenzdatei und wählen Sie dann **Open** (Öffnen).
6. **[Optional]** Geben Sie eine Beschreibung für die Referenzdatei ein.

7. Geben Sie eine Versionsnummer ein.
8. Wählen Sie einen Dateityp aus der Dropdown-Liste aus.
Wenn Ihr Dateityp nicht aufgeführt ist, wählen Sie **Other** (Sonstiges) und geben Sie den Dateityp in das angezeigte Feld ein.
9. Wählen Sie die mit der Referenzdatei verknüpften Referenzgenome aus.
10. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Importieren von anwendungsspezifischen Bibliotheksvorbereitungs- und Indexadapterkits

Sie können anwendungsspezifische Bibliotheksvorbereitungs- und Indexadapterkits importieren, um diese in Ihren Sequenzierungsläufen zu verwenden. Sie müssen Administrator sein, um anwendungsspezifische Kits zu importieren. Das anwendungsspezifische Bibliotheksvorbereitungskit verweist auf das anwendungsspezifische Indexadapterkit und muss zuerst importiert werden.

Importieren eines anwendungsspezifischen Indexadapterkits

Sie können anwendungsspezifische Indexadapterkits unter Verwendung der verfügbaren Matrize importieren.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Custom kits** (anwendungsspezifische Kits).
3. Um die TSV-Matrizendatei herunterzuladen, wählen Sie **Download template** (Matrize herunterladen).
4. Bearbeiten Sie die folgenden Abschnitte:
Die Felder müssen mit einem alphanumerischen Zeichen beginnen und dürfen nur alphanumerische Zeichen, Punkte, Bindestriche und Unterstriche enthalten.
 - **IndexKit** (Index-Kit): Überblicksinformationen zum Indexadapterkit, einschließlich Name, Version, Beschreibung und Indexstrategie.
 - **Resources** (Ressourcen): Ermöglicht die Bereitstellung von Adaptersequenzen für Read 1 und Read 2. Basierend auf den Werten in diesem Abschnitt legt die importierte Datei den Index-Kit-Typ als eine der folgenden Optionen fest:
 - Standardlayout (nicht fest)
 - Festes Layout (einzelne Platte)
 - Festes Plattenlayout (Mehrfachplatte)
 - **Indices** (Indizes): Eine Liste von Indizes, einschließlich Name, Adaptersequenz und ob der Index für Index 1 oder Index 2 ist.
5. Entfernen Sie die in den spitzen Klammern (< >) enthaltenen matrizenbezogenen Anweisungen und speichern Sie dann die TSV-Datei.

6. Wählen Sie **Import index adapter kit** (Indexadapter-Kit importieren) aus und navigieren Sie zum anwendungsspezifischen Indexadapter-Kit (*.tsv). Wählen Sie dann **Open** (Öffnen) aus.
7. Nachdem Sie das anwendungsspezifische Indexadapterkit erfolgreich importiert haben, wählen Sie den Namen aus, um die Informationen zu überprüfen und zu bearbeiten.

Hinzufügen eines anwendungsspezifischen Bibliotheksvorbereitungskits

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um anwendungsspezifische Bibliotheksvorbereitungskits hochzuladen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Custom kits** (anwendungsspezifische Kits).
3. Wählen Sie **Add library prep kit** (Bibliotheksvorbereitungs-Kit hinzufügen) aus und geben Sie die folgenden Informationen ein:
 - Name des Bibliotheksvorbereitungskits
 - **[Optional]** Beschreibung
 - **[Optional]** Einrichtung. Das Unternehmen oder die Institution, das/die das anwendungsspezifische Bibliotheksvorbereitungskit besitzt. Die Einrichtung kann nicht Illumina sein.
 - Zulässige Read-Typen
 - Standard-Read-Typ
 - Standard-Read-Zyklus
4. Wählen Sie aus der Dropdown-Liste mindestens ein kompatibles Indexadapterkit aus.
5. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.
6. Nachdem Sie das anwendungsspezifische Bibliotheksvorbereitungskit erfolgreich hinzugefügt haben, wählen Sie den Namen aus, um die Informationen zu überprüfen und zu bearbeiten.

Anpassen der Systemeinstellungen

Dieser Abschnitt enthält Informationen zur Konfiguration der verfügbaren Anpassungseinstellungen. Sie können die Standardlaufeinstellungen auch für jeden einzelnen Lauf während der Laufüberprüfung ändern.

Zum Festlegen eines Standardausgabeordners siehe [Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner auf Seite 53](#).

Benennen des Geräts

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Instrument Settings** (Geräte-Einstellungen).
3. Geben Sie einen bevorzugten Namen für das Gerät ein.

Der Name kann bis zu 20 alphanumerische Zeichen enthalten und wird oben auf jedem Bildschirm angezeigt.

4. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Falsche Bibliotheksröhrchen-ID

Gehen Sie wie folgt vor, um zu konfigurieren, wie das System eine Diskrepanz zwischen der Bibliotheksröhrchenstreifen-ID auf dem Probenblatt und dem geladenen Bibliotheksröhrchenstreifen handhabt.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Instrument Settings** (Geräte-Einstellungen).
3. Wählen Sie eine der folgenden Optionen:
 - **Display warning and allow to continue with mismatch** (Warnung anzeigen und Fortfahren mit Diskrepanz erlauben): Ermöglicht dem Benutzer, einen anderen Lauf auszuwählen, einen anderen Bibliotheksröhrchenstreifen neu zu laden oder mit der Diskrepanz fortzufahren.
 - **Block from continuing with sequencing** (Fortsetzung der Sequenzierung blockieren): Der Benutzer muss zwischen der Auswahl eines anderen Laufs oder dem erneuten Laden des Bibliotheksröhrchenstreifens wählen.
4. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Auswahl für den Standardlauf festlegen

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Instrument Settings** (Geräte-Einstellungen).
3. Wählen Sie eine Standard-Laufauswahl aus den folgenden Optionen:
 - Geplanten Lauf auswählen
 - Laufinformationen manuell eingeben (nur BCLs)
 - Import sample sheet for local analysis (Probenblatt für lokale Analyse importieren)
4. **[Optional]** Legen Sie die Standard-Read-Längen für manuelle Läufe wie folgt fest.
 - a. Bestätigen Sie, dass der manuelle Lauftyp die Standard-Laufauswahl ist.
 - b. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Default read lengths** (Standard-Read-Längen).
 - c. Geben Sie Read- und Indexinformationen ein.
5. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Automatically Detect Index Information (Indexinformationen automatisch erkennen)

Diese Funktion erfordert BCL Convert 1.4 oder höher. Wenn diese Funktion aktiviert ist, kann das System Indexinformationen automatisch erkennen und Demultiplex- und BCL Convert-Berichte generieren. Diese Systemeinstellung gilt für alle Läufe, es sei denn, die automatische Indexerkennung

ist in einem importierten Probenblatt anderweitig konfiguriert. Weitere Informationen finden Sie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite](#) verfügbar sind.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Instrument Settings** (Geräte-Einstellungen).
3. Um die Standardeinstellung zu ändern, deaktivieren Sie das Kontrollkästchen **Automatically detect and update index information** (Indexinformationen automatisch erkennen und aktualisieren).
4. **[Optional]** Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Save FASTQ files for sequencing only runs** (FASTQ-Dateien nur für Sequenzierungsläufe speichern).
5. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Standard-Laufdatenverwaltung festlegen

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Run output file settings** (Einstellungen für die Lauf-Ausgabedatei).
3. Um die Standardeinstellung für Läufe mit lokaler Sekundäranalyse zu ändern, deaktivieren Sie das Kontrollkästchen **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (BCL-Datenordner auf den externen Speicher und/oder in die Cloud übertragen).
Diese Einstellung gilt nicht für manuelle Läufe, die nur BCL-Dateien erzeugen, oder für Läufe mit Cloud-Analyse.
4. **[Optional]** Wählen Sie die Option zum Löschen sekundärer Analysedateien aus dem Gerät aus, nachdem sie in den externen Speicher oder die Cloud übertragen wurden.
Diese Einstellung erfordert Administratorberechtigungen.
5. Wählen Sie **Save** (Speichern) aus.

Anwendungsspezifische Primer

Die Verwendung von anwendungsspezifischen Primern für einen Lauf erfordert die folgenden zusätzlichen Schritte während der Laufkonfiguration:

- Bereiten Sie das entsprechende Volumen für jeden anwendungsspezifischen Primer vor und überführen Sie es in die Reagenzienkartusche-Positionen der anwendungsspezifischen Primer.
- Konfigurieren Sie während der Laufüberprüfung den Lauf für die Verwendung des anwendungsspezifischen Primers.
 - Für NovaSeq X Series Control Software v1.2 und früher laden Sie die entsprechende XML-Datei für die Rezeptur für die anwendungsspezifischen Primer von der [NovaSeq X Series Support-Seite im Internet](#) herunter. Laden Sie die Rezeptur für die anwendungsspezifischen Primer während der Laufüberprüfung hoch.

- Für NovaSeq X Series Control Software v1.3 und höher wählen Sie die entsprechenden Kontrollkästchen für Custom Primer (anwendungsspezifische Primer) aus. Das Hochladen einer anwendungsspezifischen Rezeptur deaktiviert die Kontrollkästchen für „Custom Primer“ (Anwendungsspezifische Primer).

Alle anderen Schritte folgen dem Standard-Workflow. Anweisungen zum Sequenzierungsprotokoll finden Sie unter [Protokoll auf Seite 65](#).

Bei der Verwendung von anwendungsspezifischen Primern für Read 1 oder Read 2 weist die Software das Gerät an, aus den CP1- und CP2-Vertiefungen zu pipettieren. Daher werden die Illumina-Primer nicht für den Sequenzierungslauf verwendet. Illumina-Primer sind Primer, die sich bereits in der Reagenzienkartusche befinden.

Wenn die Illumina-Primer nicht für Read 1 oder Read 2 verwendet werden, wird die optionale Illumina PhiX-Kontrolle *nicht* sequenziert. Um die PhiX Control mit anwendungsspezifischen Primern zu verwenden, wenden Sie sich an den Illumina technischen Support.

i | Da PhiX nicht indiziert ist, werden für Index-Reads keine Sequenzierungsdaten aus der PhiX-Kontrolle generiert, unabhängig davon, welcher Index-Primer verwendet wird.

Vorbereiten und Hinzufügen von anwendungsspezifischen Primern

Kundenspezifische Primer werden mit dem NovaSeq X Series Custom Primer Buffer vorbereitet und dann der Reagenzienkartusche zugegeben. Stellen Sie sicher, dass die Reagenzienkartusche aufgetaut und überprüft worden ist, bevor Sie fortfahren.

Vorbereiten anwendungsspezifischer Primer

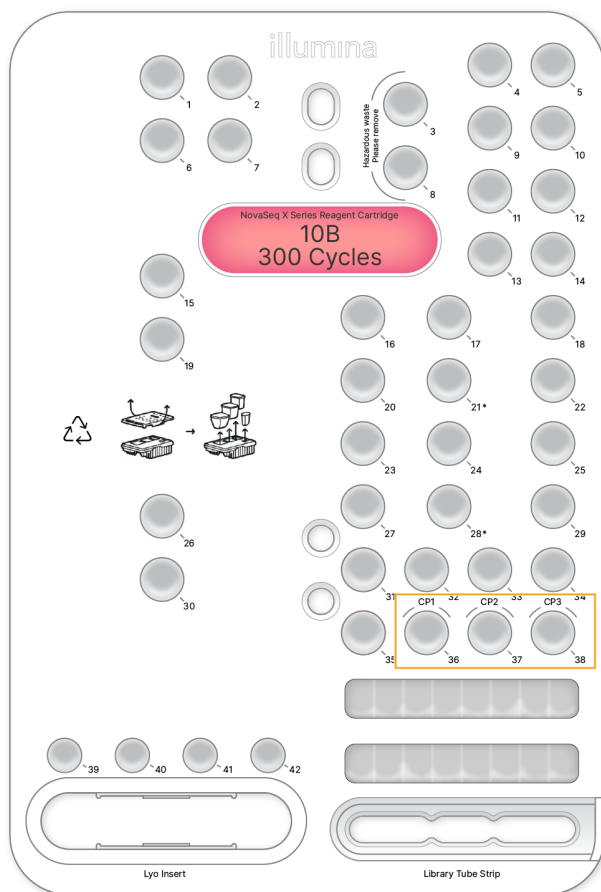
1. Tauen Sie die zu verwendenden anwendungsspezifischen Primer auf, falls diese eingefroren sind.
2. Verwenden Sie den NovaSeq X Series Custom Primer Buffer, um die anwendungsspezifischen Primer zu verdünnen und die folgenden Volumina mit einer Endkonzentration von 0,3 µM zu erhalten. Wenn Primer kombiniert werden, um den anwendungsspezifischen Index-Read zu erstellen, sollte die Gesamtkonzentration der Mischung 0,3 µM betragen.

Anwendungsspezifischer Primer	Volumen (ml) für 1,5-B-Fließzelle	Volumen (ml) für 5-B-, 10-B- oder 25-B-Fließzelle
Anwendungsspezifischer Read 1-Primer	3	5
Anwendungsspezifischer Read 2-Primer	3	5
Anwendungsspezifischer Index 1 und 2 Primer-Mix	5	6

Anwendungsspezifische Primer hinzufügen

1. Verwenden Sie ein Polynit-Heatseal-Tuch, um die Foliendichtung zu reinigen, die jede individuelle Primerposition abdeckt.

Position	Anwendungsspezifischer Primer
CP1	Anwendungsspezifischer Read 1-Primer
CP2	Anwendungsspezifischer Read 2-Primer
CP3	Anwendungsspezifischer Index 1 und 2 Primer-Mix



2. Durchstechen Sie mit einer sauberen Pipettenspitze die Verschlussfolie über den einzelnen Positionen der anwendungsspezifischen Primer.
3. Fügen Sie die folgenden Volumina des anwendungsspezifischen Primers zur entsprechenden Position auf der Reagenzienkartusche hinzu. Achten Sie darauf, beim Zugeben des Primers die Verschlussfolie nicht zu berühren.

Position	Anwendungsspezifischer Primer	Volumen (ml) für 1,5-B-Fließzelle	Volumen (ml) für 5-B-, 10-B- oder 25-B-Fließzelle
CP1	Anwendungsspezifischer Read 1- Primer	3	5
CP2	Anwendungsspezifischer Read 2- Primer	3	5
CP3	Anwendungsspezifischer Index 1 und 2 Primer-Mix	5	6

Protokoll

Dieser Abschnitt enthält schrittweise Anleitungen zum Vorbereiten von Verbrauchsmaterialien und zum Einrichten eines Sequenzierungslaufs.

Tragen Sie beim Umgang mit Reagenzien und anderen Chemikalien eine Schutzbrille, einen Laborkittel und ungepuderte Handschuhe.

Bevor Sie das Protokoll starten, stellen Sie sicher, dass Sie über die erforderlichen Verbrauchsmaterialien und Ausstattung verfügen. Siehe [Verbrauchsmaterialien und Ausstattung auf Seite 35](#).

Gehen Sie gemäß den Protokollen in der angezeigten Reihenfolge vor. Halten Sie sich dabei an die angegebenen Volumina, Temperaturen und Zeiten.

Planen eines Sequenzierungslaufs

Sie können eine der folgenden Optionen verwenden, um einen Sequenzierungslauf auf dem NovaSeq X Series zu planen. Nach dem Einrichten eines Laufs wird der geplante Lauf auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe) unter der Registerkarte „Planned“ (Geplant) angezeigt und steht zur Auswahl, wenn ein Sequenzierungslauf gestartet wird.

- Um Ihren Lauf in der Cloud zu planen, verwenden Sie BaseSpace Sequence Hub.
 - Stellen Sie vor der Planung eines Laufs sicher, dass Sie Ihre Cloud-Einstellungen konfiguriert haben. Weitere Informationen finden Sie unter [Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support auf Seite 50](#).
 - Nach dem Speichern steht der Lauf auf dem Gerät zur Sequenzierung zur Verfügung. Wenn das Gerät nicht mit der Cloud verbunden ist, können Sie eine Probenblatt-Version 2-Datei exportieren und den Sequenzierungslauf in Ihr Sequenzierungssystem importieren.
 - Weitere Informationen zum BaseSpace Sequence Hub finden Sie auf der [BaseSpace Sequence Hub Support-Seite im Internet](#).
- Um Ihren Lauf lokal zu planen, verwenden Sie die auf dem Gerät verfügbare NovaSeq X Series Control Software oder einen Computer mit Internetverbindung.
 - Nach der Sequenzierung wird die Analyse am Gerät automatisch gestartet. CBCL-Daten und DRAGEN-Sekundäranalyse-Ausgabedateien werden im ausgewählten Ausgabeordner gespeichert.
 - Wenn Sie einen Computer mit Internetverbindung verwenden, muss der Computer mit demselben lokalen Netzwerk wie das Sequenzierungssystem verbunden sein und ein Root-Zertifikat installiert haben.
 - Weitere Informationen zum Einrichten eines Laufs und zur Durchführung einer Sequenzierung ohne Netzwerkverbindung finden Sie unter [Starten eines manuellen Laufs auf Seite 75](#) oder [Importieren eines Probenblatts auf Seite 74](#).

Geplanten Lauf erstellen

Sie können einen neuen Sequenzierungslauf über die geräteeigene Laufschnittstelle oder die der Cloud planen. Sie können alternativ auch eine Probenblatt-v2-Datei importieren, um einen geplanten Lauf zu erstellen.

Sie können ein Probenblatt bei Bedarf mit einer der folgenden Optionen erstellen:

- Navigieren Sie zur Remote-Gerätekontrollsoftware. Wählen Sie den Laufnamen aus und dann **Export sample sheet** (Probenblatt exportieren). Wählen Sie **Export** (Exportieren) aus, um das Probenblatt zu speichern.
- Planen Sie einen Sequenzierungslauf in der BaseSpace Sequence Hub Run Planning (Laufplanung) und verwenden Sie den lokalen Speicher. Exportieren Sie das Probenblatt, nachdem Sie die Laufplanung abgeschlossen haben.
- Verwenden Sie ein Probenblatt, das sich im Ausgabeordner eines abgeschlossenen Sequenzierungslaufs befindet.

Erstellen eines Laufs

Um einen Lauf auf dem Gerät zu planen, navigieren Sie auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe) zur Registerkarte „Planned“ (Geplant). Verwenden Sie in BaseSpace Sequence Hub die Option „Run planning“ (Laufplanung). Geben Sie die erforderlichen Informationen ein, wie in der Schnittstelle angegeben.

Laufeinstellung	Details
Laufname	Eindeutiger Name zur Identifizierung des Laufs
Laufbeschreibung	Beschreibung des Laufs
Geräteplattform	Das Sequenziersystem (NovaSeq X Series).
Sekundäranalyse	Gibt den Speicherort der Sekundäranalyse an, falls zutreffend. Sequenzierungsdaten werden entweder in der Cloud mit BaseSpace Sequence Hub oder auf dem Gerät analysiert. Alternativ können Sie einen Lauf ohne Sekundäranalyse einrichten.
Anzahl der Zyklen in jedem Read	Geben Sie Werte für Read 1, Index 1, Index 2 und Read 2 ein. Weitere Informationen finden Sie unter Anzahl der Zyklen auf Seite 67 . Geben Sie für einen Lauf nur mit PhiX in beide Indexfelder 0 ein.
Bibliotheksröhrchen-ID	Die ID befindet sich auf dem Etikett des Bibliotheksröhrchenstreifens. Diese Einstellung kann auch als Probenbehälter-ID bezeichnet werden.

Weitere Informationen zur Konfiguration der Sekundäranalyse finden Sie unter [Konfigurieren der Sekundäranalyse auf Seite 68](#).

Probenblatt importieren

1. Navigieren Sie auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe) zur Registerkarte „Planned“ (Geplant).
2. Wählen Sie **Import sample sheet** (Probenblatt importieren) und öffnen Sie dann die Datei Probenblatt Version 2.
Weitere Informationen zum Probenblattformat und zu entsprechenden Anforderungen finden Sie auf der [Support-Webseite Ressourcen für Probenblätter der Version 2](#).
3. Nachdem das Probenblatt validiert wurde, wählen Sie **Next** (Weiter), um die Details des importierten Laufs zu überprüfen.
Bei der Überprüfung können die importierten Laufdetails bearbeitet werden.
4. **[Optional]** Führen Sie eine der folgenden Aktionen durch:
 - Um die Laufeinstellungen oder Konfigurationseinstellungen zu bearbeiten, wählen Sie **Edit** (Bearbeiten) neben dem Lauf oder der Konfiguration.
 - Um eine Konfiguration zu löschen, wählen Sie **Delete** (Löschen) neben der Konfiguration und dann **Yes, delete** (Ja, löschen).
 - Um eine weitere Analysekonfiguration zum Lauf hinzuzufügen, wählen Sie **Add another configuration** (Weitere Konfiguration hinzufügen).
5. Um den Lauf zu speichern, wählen Sie eine der folgenden Optionen.
 - Um die Laufdetails später zu bearbeiten, wählen Sie **Save as draft** (Als Entwurf speichern).
 - Um die Laufdetails zu finalisieren und die Sequenzierung zu planen, wählen Sie **Save as planned** (Wie geplant speichern).

Anzahl der Zyklen

Die Gesamtzahl der Read- und Indexzyklen darf die im Reagenzien-Kit angegebene Anzahl an Zyklen nicht überschreiten. Der Grenzwert für Indexzyklen gilt für Zyklen, die als Index verwendet werden, und nicht für Zyklen mit eindeutigen molekularen Identifikatoren (UMI) oder getrimmte Reads.

Wenn Sie einen Cloud-Lauf mit mehreren Analysekonfigurationen planen, geben Sie die längste Read-Länge an, die für die Konfiguration erforderlich ist. Beim Einrichten einer Konfiguration wird die Länge automatisch basierend auf den empfohlenen Längen für das ausgewählte Bibliotheksvorbereitungs-Kit überschrieben.

Der Wert für Read 2 ist in der Regel der gleiche wie für Read 1.

Zyklusgrenzwerte

- Read 1: Bis zu 301 Zyklen.
- Index 1: Bis zu 12 Zyklen für einen in BaseSpace Sequence Hub geplanten Lauf. Bis zu 10 Zyklen für auf dem Gerät geplante Läufe.
- Index 2: Bis zu 12 Zyklen für einen in BaseSpace Sequence Hub geplanten Lauf. Bis zu 10 Zyklen für auf dem Gerät geplante Läufe.
- Read 2: Bis zu 301 Zyklen.

Konfigurieren der Sekundäranalyse

Mit NovaSeq X und NovaSeq X Plus Sequenzierungssysteme können Sie mehrere DRAGEN-Analysen in einem einzigen Sequenzierungslauf durchführen. Stellen Sie vor der Konfiguration der Sekundäranalyse sicher, dass Sie die entsprechende DRAGEN-Anwendung auf dem Gerät installiert haben. Weitere Informationen zur Installation von DRAGEN Anwendungen finden Sie unter [Anwendungen installieren auf Seite 55](#).

Sie können bis zu 12 Analyseanwendungs- und Referenzgenomkombinationen mit einer zusätzlichen BCL-Convert-Only-Anwendung erstellen. Für jede Kombination können Sie bis zu 32 Konfigurationen mit einem anderen Bibliotheksvorbereitungskit, Indexadapterkit oder Konfigurationseinstellungen für eine bereits verwendete Analyseanwendungs- und Referenzgenomkombination verwenden.

Die folgenden Kombinationen befinden sich im Rahmen der Begrenzung auf 12 Konfigurationen:

- Die gleiche Analyseanwendung und Anwendungsversion mit einem anderen Referenzgenom
- Das gleiche Referenzgenom mit einer anderen Anwendung oder Anwendungsversion
- Eine andere Anwendung oder Anwendungsversion mit einem anderen Referenzgenom

Konfigurieren Sie die Sekundäranalyse wie folgt:

1. Wählen Sie eine Anwendung aus und geben Sie die folgenden Konfigurationseinstellungen für Ihren Lauf ein:
 - **[Optional]** Konfigurationsbeschreibung
 - Library prep kit (Bibliotheksvorbereitungskit)
 - Index adapter kit (Index-Adapter-Kit)
 - Referenzgenom (gilt nicht für DRAGEN BCL Convert)

Wenn ein Illumina-Bibliotheksvorbereitungskit ausgewählt wird, werden die Adaptersequenzen für Read 1 und Read 2 automatisch ausgefüllt und können nicht geändert werden. Die Override Cycles (Überschreibungs-Zyklen) werden ebenfalls automatisch ausgefüllt.
2. Geben Sie bei Bedarf zusätzliche Analyseinstellungen ein. Die verfügbaren oder erforderlichen Einstellungen können sich je nach Anwendung, Anwendungsversion und ausgewählten Konfigurationseinstellungen unterscheiden. Weitere Informationen zur DRAGEN-Sekundäranalyse finden Sie auf der [Illumina DRAGEN Bio-IT Platform Support-Seite im Internet](#) sowie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite im Internet](#) verfügbar sind.
3. Geben Sie die Probeninformationen mit einer der folgenden Optionen ein:
 - Laden Sie zum Importieren von Probeninformationen die CSV-Vorlage herunter, fügen Sie Ihre Probeninformationen hinzu und importieren Sie die bearbeitete CSV-Datei.

- Fügen Sie Proben-IDs und entweder die Vertiefungspositionen der Indexplatte oder i7- und i5-Indizes direkt aus einer externen Datei ein. Fügen Sie vor dem Einfügen bei Bedarf zusätzliche Probenzeilen hinzu. Proben-IDs können bis zu 20 alphanumerische Zeichen, Bindestriche und Unterstriche enthalten.

 Bei Indexplatten mit festem Layout sind Einträge für Vertiefungspositionen erforderlich. Bei Indizes ohne festes Layout sind Einträge für i7- und i5-Indizes erforderlich. i5-Indizes müssen in Vorwärtsrichtung eingegeben werden.

- Geben Sie Proben-IDs und entsprechende Vertiefungspositionen oder Indizes manuell ein. Wenn für das Bibliotheksvorbereitungskit „Not Specified“ (Nicht angegeben) ausgewählt ist, müssen Index 2-Sequenzen (i5) in Vorwärtsrichtung eingegeben werden.

4. Stellen Sie die Laufkonfiguration fertig.

- Um die Laufdetails später zu bearbeiten, wählen Sie **Save as draft** (Als Entwurf speichern).
- Um die Laufdetails zu finalisieren und den Lauf für die Sequenzierung bereitzustellen, wählen Sie **Save as planned** (Wie geplant speichern) aus.

Auftauen von Verbrauchsmaterialien

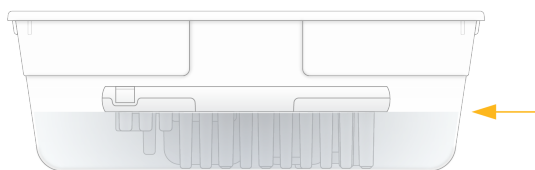
Befolgen Sie vor dem Sequenzieren die folgenden Anweisungen zum Auftauen von Verbrauchsmaterialien:

Auftauen der Reagenzienkartusche in einem geregelten Wasserbad

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um die Reagenzienkartusche in einem Wasserbad mit Raumtemperatur (15 °C bis 30 °C) aufzutauen:

 Das Einsetzen des Bibliotheksrohrchenstreifens oder Lyo-Rasteinsatzes in die Reagenzienkartusche während des Auftauens kann die Datenqualität beeinträchtigen oder zum Fehlschlagen des Laufs führen.

1. Ziehen Sie ein neues Paar ungepudelter Handschuhe an und entnehmen Sie die Kartusche aus dem Lagerort bei -25 °C bis -15 °C.
2. Nehmen Sie die Kartusche aus der Schachtel und dann aus dem Beutel.
3. Tauchen Sie die Reagenzienkartusche in ein Wasserbad in Laborqualität mit Raumtemperatur, sodass das Wasser bis zur Unterseite der Kartuschenabdeckung reicht.



! Wenn Reagenzien mit heißem Wasser aufgetaut werden, kann dies die Datenqualität beeinträchtigen und dazu führen, dass ein Lauf fehlschlägt.

4. 4 Stunden lang auftauen lassen. 24 Stunden nicht überschreiten.
5. **[25-B, 10-B, 5-B]** Um zu überprüfen, ob die Reagenzien aufgetaut sind, kontrollieren Sie die Vertiefung an Position Nr. 30 an der Unterseite der Kartusche darauf, ob der Inhalt frei von Eis ist. Illumina empfiehlt für das NovaSeq X Series 1,5-B-Reagenzien-Kit, die angegebenen Auftaubedingungen und -zeiten strikt einzuhalten. Für dieses Kit sind Sichtkontrollen, um zu überprüfen, ob die Reagenzien aufgetaut sind, möglicherweise nicht genau genug.
6. Trocknen Sie die Kartusche mit Papiertüchern gründlich ab. Trocknen Sie die Zwischenräume zwischen den Vertiefungen an der Unterseite der Kartusche ab, sodass das gesamte Wasser entfernt ist.
7. Invertieren Sie die Kartusche oder klopfen Sie die Unterseite der Kartusche leicht auf den Labortisch, um überschüssiges Wasser zu entfernen.
8. Überprüfen Sie die Verschlussfolien auf Spuren von Wasser.
9. Wenn immer noch Wasser zu sehen ist, tupfen Sie die Folie mit einem fusselfreien Tuch trocken.
10. Invertieren Sie die Kartusche zehn Mal, um die Reagenzien zu mischen.
11. Klopfen Sie die Unterseite der Kartusche leicht auf den Labortisch, um die Anzahl von Luftblasen zu verringern.
12. Wenn die Reagenzien-Kartusche nicht innerhalb von 24 Stunden in das Gerät geladen werden können, lagern Sie sie für bis zu 72 Stunden bei 2 °C bis 8 °C oder für bis zu 7 Tage erneut bei -25 °C bis -15 °C. Nach dem Auftauen nicht mehr als einmal erneut einfrieren.

Auftauen der Reagenzienkartusche in einem Kühlschrank

Befolgen Sie zum Auftauen der Reagenzienkartusche in einem Kühlschrank mit 2 °C bis 8 °C die folgenden Anweisungen:

! Das Einsetzen des Bibliotheksrohrchenstreifens oder Lyo-Rasteinsatzes in die Reagenzienkartusche während des Auftauens kann die Datenqualität beeinträchtigen oder zum Fehlschlagen des Laufs führen.

1. Ziehen Sie ein neues Paar ungepudelter Handschuhe an und entnehmen Sie die Kartusche aus dem Lagerort bei -25 °C bis -15 °C.

2. Nehmen Sie die Kartusche aus der Schachtel und dann aus dem Beutel.
3. In einem Kühlschrank bei 2 °C bis 8 °C 48 Stunden lang auftauen lassen.
4. Invertieren Sie die Kartusche zehn Mal, um die Reagenzien zu mischen.
5. Klopfen Sie die Unterseite der Kartusche leicht auf den Labortisch, um die Anzahl von Luftblasen zu verringern.
6. Wenn die Reagenzien-Kartusche nicht innerhalb von 24 Stunden in das Gerät geladen werden können, lagern Sie sie für bis zu 72 Stunden bei 2 °C bis 8 °C oder für bis zu 7 Tage erneut bei -25 °C bis -15 °C. Nach dem Auftauen nicht mehr als einmal erneut einfrieren.

Auftauen des Lyo-Rasteinsatzes

1. Nehmen Sie den Lyo-Rasteinsatz aus der Lagerung bei -25 °C bis -15 °C.
2. 10 Minuten lang bei Raumtemperatur auftauen lassen.
3. Wenn der Lyo-Rasteinsatz nicht innerhalb von 24 Stunden geladen werden kann, wieder bei -25 °C bis -15 °C aufbewahren. Nach dem Auftauen nicht mehr als einmal erneut einfrieren.

Auftauen des Vorladepuffers und des Puffers für anwendungsspezifische Primer

1. Nehmen Sie die Vorladepuffer und Puffer für anwendungsspezifische Primer aus dem -25 °C bis -15 °C kalten Lagerort heraus.
2. 10 Minuten bei Raumtemperatur auftauen lassen und dann fünfmal umdrehen.
3. Wenn die Vorladepuffer und Puffer für anwendungsspezifische Primer nicht innerhalb von 8 Stunden geladen werden können, wieder bei -25 °C bis -15 °C aufbewahren. Nach dem Auftauen nicht mehr als einmal erneut einfrieren.

Auftauen der Fließzelle

1. Nehmen Sie ein neues Fließzellenpaket aus dem Lagerort mit einer Temperatur von 2 °C bis 8 °C.
2. Legen Sie die versiegelte Fließzellenverpackung 10–15 Minuten beiseite, bis die Fließzelle Raumtemperatur erreicht hat.
3. Lassen Sie die Fließzelle bis zum Gebrauch in der Verpackung. Verwenden Sie die Fließzelle nach dem Entnehmen aus dem Lagerort innerhalb von 2 Stunden. Wenn die Fließzelle nicht innerhalb von 2 Stunden verwendet werden kann, wieder bei 2 °C bis 8 °C aufbewahren und innerhalb von 24 Stunden verwenden.

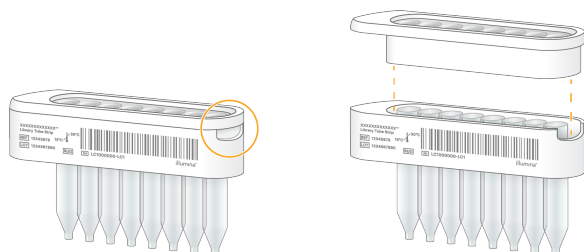
Denaturieren und Verdünnen von Bibliotheken

Weitere Informationen zum manuellen Denaturieren und Verdünnen finden Sie im [Denaturierungs- und Verdünnungsprotokollgenerator](#).

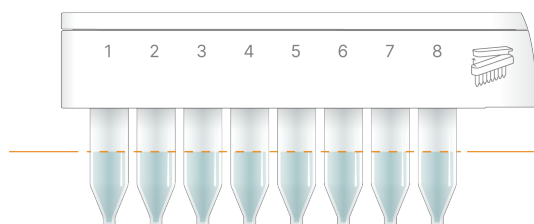
Lyo-Rasteinsatz und Bibliotheksröhrchenstreifen laden

Laden Sie vor der Sequenzierung den Lyo-Rasteinsatz und den Bibliotheksröhrchenstreifen wie folgt in die Reagenzienkartusche:

1. Geben Sie die Bibliotheksröhrchen-ID auf dem Bibliotheksröhrchenstreifen an. Die Bibliotheksröhrchen-ID wird bei der Planung eines Sequenzierungslaufs verwendet.
2. Entfernen Sie die Kappe des Bibliotheksröhrchenstreifens. Die Bibliotheksröhrchenstreifenfolien nicht durchstechen.



3. Geben Sie die jeweilige Menge der denaturierten Bibliothek oder die denaturierte Bibliothek mit PhiX in jedes Probenröhrchen.
 - [25-B] 275 µl
 - [10-B, 5-B, 1,5-B] 165 µl
 4. Geben Sie die jeweilige Menge Vorladepuffer in alle nicht gebrauchten Probenröhrchen.
 - [25-B] 275 µl
 - [10-B, 5-B, 1,5-B] 165 µl
 5. Verschließen Sie nach der Verteilung der Bibliotheken den Bibliotheksröhrchenstreifen. Stellen Sie sicher, dass keine Lufteinschlüsse am Röhrchenboden vorhanden sind.
 6. Zentrifugieren Sie 1 Minute lang bei 280 x g mit dem Adapter für Bibliotheksröhrchenstreifen. Stellen Sie sicher, dass Sie den geladenen Adapter für Bibliotheksröhrchenstreifen mit einem anderen Adapter ausgleichen, der mit einem Bibliotheksröhrchenstreifen geladen ist, das mit 275 oder 165 µl pro Röhrchen gefüllt ist.
- !** Das Zentrifugieren mit einer höheren Geschwindigkeit als von Illumina empfohlen kann dazu führen, dass sich der RFID-Bibliotheksröhrchenstreifen löst.
7. Zentrifugieren Sie erneut, wenn sich die Bibliotheken nicht am Boden des Röhrchens befinden.
 8. Stellen Sie sicher, dass das Volumen über alle Röhrchen hinweg konsistent ist.



9. Setzen Sie den Bibliotheksrohrchenstreifen in die Reagenzienkartusche und drücken Sie ihn nach unten.
Ein hörbares Klicken gibt an, dass der Bibliotheksrohrchenstreifen richtig positioniert ist.
10. Setzen Sie den Lyo-Rasteinsatz in die Reagenzienkartusche und drücken Sie ihn nach unten.
Ein hörbares Klicken gibt an, dass der Lyo-Rasteinsatz richtig positioniert ist.

Einen Sequenzierungslauf starten

Sie können einen Sequenzierungslauf starten, indem Sie einen geplanten Lauf auswählen oder einen manuellen Lauf erstellen. Informationen zum Starten eines Laufs auf der nicht benutzten Seite des Geräts, während auf der anderen Seite ein Lauf ausgeführt wird, finden Sie unter [Gestaffelter Start von Läufen auf Seite 84](#).

Wenn Daten in der Cloud analysiert werden, beginnt die Sekundäranalyse automatisch in BaseSpace Sequence Hub oder ICA. Wenn Daten lokal analysiert werden, beginnt die Analyse am Gerät automatisch, und die Ausgabedateien werden im ausgewählten Ausgabeordner gespeichert.

Stellen Sie vor dem Starten eines Laufs sicher, dass Sie über den erforderlichen Festplattenspeicherplatz verfügen. Der Speicherbedarf hängt von der Anzahl der Sequenzierungszyklen, der Größe der Proben, der Konfiguration der Sekundäranalyse und der Komprimierungsart ab. Das NovaSeq X Series kann mindestens 2 Fließzellen mit 25B-Daten für jede sekundäre Analysekonfiguration speichern. Bei sekundären Analysekonfigurationen, die kleinere Datenmengen erzeugen (z. B. DRAGEN BCL Convert oder DRAGEN Enrichment), kann das Sequenzierungssystem möglicherweise 4 Fließzellen mit 25B-Daten speichern.

Wenn der Speicherplatz nicht ausreicht, um einen Lauf zu starten, werden Sie in einer Fehlermeldung aufgefordert, Speicherplatz freizugeben. Weitere Informationen finden Sie unter [Freimachen von Speicherplatz auf der Festplatte auf Seite 97](#).

Eine Beispieldatenausgabe für jeden Fließzellentyp finden Sie unter [Datenausgabe und -speicherung auf Seite 94](#).

Starten eines geplanten Laufs

Wenn Sie BaseSpace Sequence Hub oder ICA verwenden, stellen Sie sicher, dass Sie Ihre Cloud-Einstellungen konfiguriert haben. Weitere Informationen finden Sie unter [Konfigurieren von Cloud-Einstellungen und Illumina Proactive Support auf Seite 50](#).

1. Wenn Sie nicht angemeldet sind, befolgen Sie die Anweisungen unter [An- und Abmelden auf Seite 85](#).
2. Navigieren Sie zum Startbildschirm und wählen Sie dann **Start** (Starten).
3. Wählen Sie **Sequencing** (Sequenzieren).
4. Wählen Sie am NovaSeq X Plus eine Geräteseite für einen einseitigen Lauf oder beide Seiten für einen doppelseitigen Lauf.

i | Wenn ein einseitiger Lauf ausgeführt wird, erscheint auf der nicht benutzten Seite des Geräts die nächste verfügbare Zeit für einen gestaffelten Start. Weitere Informationen finden Sie unter [Gestaffelter Start von Läufen auf Seite 84](#).

5. Wählen Sie einen Lauf aus der Liste der geplanten Läufe aus.
Wählen Sie für einen doppelseitigen Lauf auf dem NovaSeq X Plus einen Lauf für jede Seite aus.
6. Wählen Sie **Review** (Überprüfen) und überprüfen Sie die Laufinformationen.
7. Wenn Sie benutzerdefinierte Primer verwenden, aktivieren Sie die entsprechenden Kontrollkästchen für **Custom primer** (Anwendungsspezifischer Primer).
Weitere Informationen zu benutzerdefinierten Primern finden Sie unter [Anwendungsspezifische Primer auf Seite 61](#).
8. Wenn das Gerät mit der Cloud verbunden ist, bestätigen Sie die Cloud-Laufeinstellung.
9. Bestätigen Sie den Ausgabeordner.
Für Läufe mit aktiviertem Cloud-Speicher stehen die folgenden Optionen zur Verfügung:
 - Um Laufdaten zusätzlich zur Cloud in einen lokalen Speicherordner zu übertragen, geben Sie einen Ausgabeordner an.
 - Um nur Laufdaten in die Cloud zu übertragen, wählen Sie **Don't transfer run data to external output folder** (Laufdaten nicht in externen Ausgabeordner übertragen).
 Informationen zum Ändern des Standardausgabeordners finden Sie unter [Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner auf Seite 53](#).
10. Wenn Sie eine lokale Sekundäranalyse durchführen, bestätigen Sie die Einstellung für die Übertragung des BCL-Datenordners.
Zum Aktualisieren der Standardauswahl für die Laufdatenverwaltung siehe [Anpassen der Systemeinstellungen auf Seite 59](#).
11. **[Optional]** Wählen Sie eine anwendungsspezifische Rezeptdatei.
12. Nach der Überprüfung der Laufinformationen wählen Sie **Load Consumables** (Laden der Verbrauchsmaterialien).

Importieren eines Probenblatts

1. Wenn Sie nicht angemeldet sind, befolgen Sie die Anweisungen unter [An- und Abmelden auf Seite 85](#).
2. Navigieren Sie zum Startbildschirm und wählen Sie dann **Start** (Starten).
3. Wählen Sie **Sequencing** (Sequenzieren).
4. Wählen Sie am NovaSeq X Plus eine Geräteseite für einen einseitigen Lauf oder beide Seiten für einen doppelseitigen Lauf.

i | Wenn ein einseitiger Lauf ausgeführt wird, erscheint auf der nicht benutzten Seite des Geräts die nächste verfügbare Zeit für einen gestaffelten Start. Weitere Informationen finden Sie unter [Gestaffelter Start von Läufen auf Seite 84](#).

5. Wählen Sie oben in der Laufliste **Import sample sheet** (Probenblatt importieren) aus. Informationen zum Ändern der Standard-Laufeinstellung finden Sie unter [Anpassen der Systemeinstellungen auf Seite 59](#).
6. Wählen Sie **Select file** (Datei auswählen) und öffnen Sie dann das Probenblatt im Dateiformat Version 2.

i | Das ausgewählte Probenblatt muss im Format Version 2 vorliegen. Weitere Informationen zum Probenblatt im Format Version 2 und zu entsprechenden Anforderungen finden Sie auf der [Support-Webseite Ressourcen für Probenblätter der Version 2](#).
7. Wählen Sie **Review** (Überprüfen) und überprüfen Sie die Laufinformationen.
8. Wenn Sie benutzerdefinierte Primer verwenden, aktivieren Sie die entsprechenden Kontrollkästchen für **Custom primer** (Anwendungsspezifischer Primer). Weitere Informationen zu benutzerdefinierten Primern finden Sie unter [Anwendungsspezifische Primer auf Seite 61](#).
9. Wenn das Gerät mit der Cloud verbunden ist, bestätigen Sie die Cloud-Laufeinstellung.
10. Bestätigen Sie den Ausgabeordner.
Für Läufe mit aktiviertem Cloud-Speicher stehen die folgenden Optionen zur Verfügung:
 - Um Laufdaten zusätzlich zur Cloud in einen lokalen Speicherordner zu übertragen, geben Sie einen Ausgabeordner an.
 - Um nur Laufdaten in die Cloud zu übertragen, wählen Sie **Don't transfer run data to external output folder** (Laufdaten nicht in externen Ausgabeordner übertragen).
 Informationen zum Ändern des Standardausgabeordners finden Sie unter [Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner auf Seite 53](#).
11. Wenn Sie eine lokale Sekundäranalyse durchführen, bestätigen Sie die Einstellung für die Übertragung des BCL-Datenordners.
Zum Aktualisieren der Standardauswahl für die Laufdatenverwaltung siehe [Anpassen der Systemeinstellungen auf Seite 59](#).
12. **[Optional]** Wählen Sie eine anwendungsspezifische Rezeptdatei.
Bei Verwendung des Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus Kit oder des Illumina Stranded mRNA Prep Kit ist die Auswahl des anwendungsspezifischen Rezepts erforderlich. Weitere Informationen finden Sie unter [Dunkelzyklus-Sequenzierung auf Seite 117](#).
13. Wenn Sie fertig sind, wählen Sie **Load Consumables** (Laden der Verbrauchsmaterialien).

Starten eines manuellen Laufs

1. Wenn Sie nicht angemeldet sind, befolgen Sie die Anweisungen unter [An- und Abmelden auf Seite 85](#).
2. Navigieren Sie zum Startbildschirm und wählen Sie dann **Start** (Starten).
3. Wählen Sie **Sequencing** (Sequenzieren).

4. Wählen Sie am NovaSeq X Plus eine Geräteseite für einen einseitigen Lauf oder beide Seiten für einen doppelseitigen Lauf.

i | Wenn ein einseitiger Lauf ausgeführt wird, erscheint auf der nicht benutzten Seite des Geräts die nächste verfügbare Zeit für einen gestaffelten Start. Weitere Informationen finden Sie unter [Gestaffelter Start von Läufen auf Seite 84](#).

5. Wählen Sie oben in der Laufliste **Manual** (Manuell).
Informationen zum Ändern der Standard-Laufeinstellung finden Sie unter [Anpassen der Systemeinstellungen auf Seite 59](#).
6. Geben Sie einen „Run Name“ (Laufnamen) ein.
Der Laufname kann max. 225 alphanumerische Zeichen, Leerzeichen, Bindestriche und Unterstriche enthalten.
7. Wählen Sie Single-Read (Einzel-Read) oder Paired-End (gepaartes Ende) als Read-Typ.
8. Geben Sie für jeden Read im Sequenzierungslauf die Anzahl der Zyklen und die Länge der jeweiligen Index-Reads ein.
Die Gesamtzahl der Read- und Indexzyklen darf die im Reagenzien-Kit angegebene Anzahl an Zyklen nicht überschreiten.
 - **Read 1:** Geben Sie die Anzahl der Zyklen für Read 1 ein.
 - **Index 1:** Geben Sie die Länge des Index-Read für Index 1 ein. Geben Sie für einen nicht indizierten Lauf nur mit PhiX in beide Indexfelder 0 ein.
 - **Index 2:** Geben Sie die Länge des Index-Read für Index 2 ein.
 - **Read 2:** Geben Sie die Anzahl der Zyklen für Read 2 ein. Dieser Wert ist in der Regel der gleiche wie der Wert für Read 1.
9. **[Optional]** Wählen Sie Ihr Probenblatt aus.

i | Das ausgewählte Probenblatt muss im Format Version 2 vorliegen. Weitere Informationen zum Probenblatt im Format Version 2 und zu entsprechenden Anforderungen finden Sie auf der [Support-Webseite Ressourcen für Probenblätter der Version 2](#).
10. Wählen Sie **Review** (Überprüfen) und überprüfen Sie die Laufinformationen.
11. Wenn Sie benutzerdefinierte Primer verwenden, aktivieren Sie die entsprechenden Kontrollkästchen für **Custom primer** (Anwendungsspezifischer Primer).
Weitere Informationen zu benutzerdefinierten Primern finden Sie unter [Anwendungsspezifische Primer auf Seite 61](#).
12. Wenn das Gerät mit der Cloud verbunden ist, bestätigen Sie die Cloud-Laufeinstellung.
13. Bestätigen Sie den Ausgabeordner.
Für Läufe mit aktiviertem Cloud-Speicher stehen die folgenden Optionen zur Verfügung:
 - Um Laufdaten zusätzlich zur Cloud in einen lokalen Speicherordner zu übertragen, geben Sie einen Ausgabeordner an.

- Um nur Laufdaten in die Cloud zu übertragen, wählen Sie **Don't transfer run data to external output folder** (Laufdaten nicht in externen Ausgabeordner übertragen).
Informationen zum Ändern des Standardausgabeordners finden Sie unter [Festlegen des Standardspeicherorts für den Ausgabeordner auf Seite 53](#).
- 14. Wenn Sie eine lokale Sekundäranalyse durchführen, bestätigen Sie die Einstellung für die Übertragung des BCL-Datenordners.
Zum Aktualisieren der Standardauswahl für die Laufdatenverwaltung siehe [Anpassen der Systemeinstellungen auf Seite 59](#).
- 15. **[Optional]** Wählen Sie eine anwendungsspezifische Rezeptdatei.
Bei Verwendung des Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus Kit oder des Illumina Stranded mRNA Prep Kit ist die Auswahl des anwendungsspezifischen Rezepts erforderlich.
Weitere Informationen finden Sie unter [Dunkelzyklus-Sequenzierung auf Seite 117](#).
- 16. Wenn Sie fertig sind, wählen Sie **Load Consumables** (Laden der Verbrauchsmaterialien).

Laden der Verbrauchsmaterialien

Auf dem NovaSeq X steht nur Seite A zum Laden von Verbrauchsmaterialien zur Verfügung. Auf dem NovaSeq X Plus stehen beide Seiten zur Verfügung. Bei einseitigen Läufen auf dem NovaSeq X Plus zeigt die nicht ausgewählte Geräteseite den Leerlaufstatus an und kann nicht bearbeitet werden.

Laden der Fließzelle

1. Stellen Sie vor dem Laden sicher, dass die Fließzelle Raumtemperatur erreicht hat.
2. Wählen Sie auf dem Bildschirm Load consumables (Laden der Verbrauchsmaterialien) die Option **Load Flow Cells** (Fließzellen laden).
Der Monitor hebt sich an und die Fließzellentür öffnet sich. Die Fließzellenleuchte zeigt die Geräteseite an, auf der die Sequenzierung durchgeführt wird.
Warten Sie, bis sich der Fließzellentisch vollständig ausgefahren hat, bevor Sie fortfahren.
3. Entfernen und entsorgen Sie die benutzte Fließzelle gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.
Die Fließzelle ist nicht recycelbar.
4. Reinigen Sie den Fließzellentisch wie folgt.
 - a. Benetzen Sie ein Polynit-Heatseal-Tuch mit Isopropylalkohol (70 %).
 - b. Reinigen Sie die Oberfläche des Fließzellentisches vorsichtig. Nur in Längsrichtung wischen. Vermeiden Sie es, außer im Fall von Verunreinigungen, die Manifolds zu berühren.
 - c. Wiederholen Sie die Schritte [a](#) und [b](#), bis die Oberflächen frei von Verunreinigungen sind.
 - d. Mit einem neuen Polynit-Heatseal-Tuch oder einer unbenutzten Seite des verwendeten Tuchs abtrocknen, um eine Kontamination zu vermeiden.

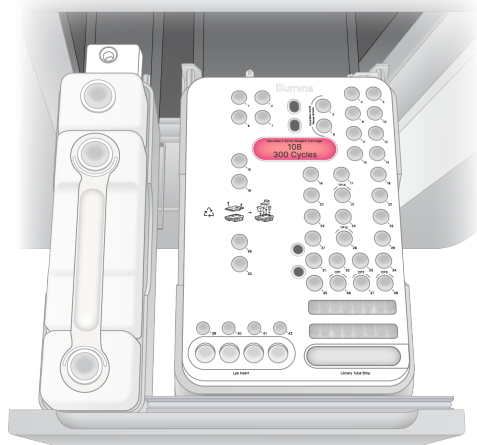
5. Ziehen Sie ein neues Paar ungepudelter Handschuhe an, um eine Kontaminierung der Glasoberfläche der Fließzelle zu vermeiden.
 6. Halten Sie die Folienverpackung der Fließzelle über eine ebene Oberfläche und reißen Sie die Folie von der Ecklasche aus auf.
 7. Nehmen Sie die Fließzelle aus der Verpackung. Halten Sie die Fließzelle an den Seiten, um das Glas oder die Dichtungen an der Unterseite nicht zu berühren.
 8. Reinigen Sie die Fließzelle folgendermaßen.
 - a. Benetzen Sie ein Polynit-Heatseal-Tuch mit Isopropylalkohol (70 %).
 - b. Reinigen Sie die Oberfläche der Fließzelle vorsichtig. Nur in Längsrichtung wischen.
 - c. Wiederholen Sie die Schritte **a** und **b**, bis die Oberflächen frei von Verunreinigungen sind.
 - d. Mit einem neuen Polynit-Heatseal-Tuch oder einer unbenutzten Seite des verwendeten Tuchs abtrocknen, um eine Kontamination zu vermeiden.
-  Wenn die Fließzelle und der Fließzellentisch nicht ausreichend gereinigt werden, kann dies dazu führen, dass Regionen mit weniger Clustern den durch den Filter gehen oder geringere Qualitäts-Scores erreicht werden.
9. Entsorgen Sie die Verpackung ordnungsgemäß.
 10. Setzen Sie die Fließzelle so in den Fließzellentisch, dass die Oberseite nach oben zeigt.
 11. Nachdem die Fließzelle geladen wurde, wählen Sie **Close flow cell door** (Fließzellentür schließen). Die NovaSeq X Series zeigt Informationen aus der gescannten Fließzelle nach 1 Minute an.
 12. Beladen Sie nach der Bestätigung der Fließzelle die Reagenzien- und Pufferkartusche. Siehe [Laden von Reagenzien- und Pufferkartuschen auf Seite 78](#).

Laden von Reagenzien- und Pufferkartuschen

1. Stellen Sie sicher, dass die Reagenzienkartusche vorher aufgetaut wurde und der Lyo-Rasteinsatz und der Bibliotheksrohrchenstreifen vor dem Laden in die Kartusche gesetzt wurden.
2. Wählen Sie auf dem Bildschirm Load consumables (Laden der Verbrauchsmaterialien) **Load reagents and buffers** (Reagenzien und Puffer laden).

Die Gerätetüren werden automatisch entriegelt und das System zeigt Informationen zum Laden der Reagenzien- und Pufferkartuschen an.
3. Entfernen Sie die benutzten Reagenzien- und Pufferkartuschen. Siehe [Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien auf Seite 85](#) für Anweisungen zum Recycling der Reagenzien- und Pufferkartuschen.
4. Überprüfen Sie die Folien der Pufferkartusche auf Undichtigkeiten.
5. Laden Sie die Kartuschen wie folgt.
 - Setzen Sie die Pufferkartusche in die linke Position.

- Setzen Sie die Reagenzienkartusche in die rechte Position, sodass das Illumina-Etikett zu Ihnen zeigt.



6. Leeren Sie die Flaschen für benutzte Reagenzien. Weitere Informationen finden Sie unter [Leeren der Flaschen für benutzte Reagenzien auf Seite 79](#).
7. Nachdem Sie die Flaschen für benutzte Reagenzien geleert haben, wählen Sie **Confirm** (Bestätigen).
8. Schließen Sie die Fächer für Reagenzien und benutzte Reagenzien und schließen Sie dann die Gerätetüren.
Das NovaSeq X Series zeigt Informationen aus den gescannten Verbrauchsmaterialien nach 1 Minute an.
9. Nachdem alle Verbrauchsmaterialien geladen wurden, wählen Sie **Verify** (Überprüfen).
10. Überprüfen Sie die Laufdetails und wählen Sie dann **Start Run** (Lauf starten).
Nach dem Start eines Laufs werden die Gerätetüren automatisch verriegelt.

Leeren der Flaschen für benutzte Reagenzien

Leeren Sie vor jedem Sequenzierungs- und Wartungswaschlauf die Flaschen für benutzte Reagenzien wie nachfolgend beschrieben. Der optionale externe Abfallbehälter sammelt verbrauchte Pufferreagenzien, die sonst in die große Flasche für verbrauchte Reagenzien wandern würden. Wenn der externe Abfallbehälter installiert ist, müssen Sie den Inhalt der kleinen Flasche für Reagenzien trotzdem entleeren.

Informationen zum Recycling der benutzten Reagenzienkartusche und Pufferflaschen finden Sie unter [Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien auf Seite 85](#).

! Diese Reagenzien enthalten potenziell gesundheitsschädliche Chemikalien. Personen können sich durch Einatmen, Verschlucken oder durch Kontakt mit der Haut oder den Augen verletzen. Die Belüftung sollte für den Umgang mit gefährlichen Materialien in Reagenzien geeignet sein. Tragen Sie eine dem Expositionsrisiko entsprechende Schutzausrüstung, insbesondere Schutzbrille, Handschuhe und Laborkittel. Verbrauchte Reagenzien sind als chemische Abfälle zu behandeln. Entsorgen Sie sie daher gemäß den geltenden regionalen, nationalen und lokalen Gesetzen und Vorschriften. Zusätzliche umwelt-, gesundheits- und sicherheitsbezogene Informationen finden Sie in den Sicherheitsdatenblättern (SDB) unter support.illumina.com/sds.html.

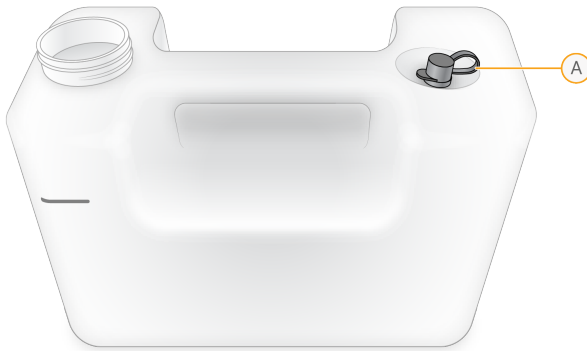
Leeren der kleinen Flasche für benutzte Reagenzien

1. Entfernen Sie die kleine Flasche für benutzte Reagenzien über die Rückseite des Fachs für benutzte Reagenzien. Fassen Sie die Flasche an den Seiten.
2. Entfernen Sie die Schraubkappe von der Kappenhalterung hinter den Flaschen für benutzte Reagenzien.
3. Verschließen Sie die Flaschenöffnung mit der Kappe, damit während des Transports nichts verschüttet werden kann.
4. Halten Sie den Inhalt vom Inhalt der großen Flasche getrennt und entsorgen Sie ihn gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften.
5. Positionieren Sie die Flasche ohne Kappe wieder in das Fach für benutzte Reagenzien. Bewahren Sie die Kappe auf der Kappenhalterung auf.



Leeren der großen Flasche für benutzte Reagenzien

1. Verwenden Sie den oberen Griff, um die große Flasche für benutzte Reagenzien über die Vorderseite des Fachs für benutzte Reagenzien zu entfernen.
2. Entfernen Sie die Schraubkappe von der Kappenhalterung hinter den Flaschen für Reagenzienabfälle.
3. Verschließen Sie die Flaschenöffnung mit der Kappe, damit während des Transports nichts verschüttet werden kann.
4. Öffnen Sie die Entlüftung (A).
Das Öffnen der Entlüftung trägt dazu bei, Verschüttungen an den Seiten der Flasche zu minimieren.



5. Entfernen Sie die Kappe von der Flaschenöffnung.
6. Entsorgen Sie den Inhalt durch die Öffnung der Flasche gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften. Halten Sie beim Entleeren beide Griffe fest.
7. Verschließen Sie die Entlüftung mit der Kappe, nachdem die Flasche geleert wurde.
8. Setzen Sie die Flasche ohne Schraubkappe mit verschlossener Entlüftung in das Abfallfach zurück. Bewahren Sie die Schraubkappe auf der Kappenhalterung auf.



9. Ziehen Sie ein neues Paar ungepuderter Handschuhe an.

Selbsttests

Selbsttests umfassen Überprüfungen des Softwaresystems, des Geräts, der Ausrichtung (Alignment) und des Fluidiksystems.

1. Warten Sie etwa 35 Minuten, bis die Selbsttests abgeschlossen sind.
Nach Abschluss der Selbsttests startet der Lauf automatisch.
2. Um die Selbsttests zu stoppen, wählen Sie **Cancel** (Abbrechen) und dann **Yes, cancel checks** (Ja, Selbsttests abbrechen) zur Bestätigung.
 - ! | Fließzelle und Pufferkartusche können nach Beginn der Fluidikprüfung nicht wiederverwendet werden.
3. Wenn ein Fehler auftritt, wählen Sie **Retry** (Wiederholen), um die Prüfung erneut durchzuführen.
Bei Fehlern, die nicht wiederholt werden können, wird keine Wiederholungsoption angezeigt.
4. Bei Auftreten eines Fluidikfehlers bitte an den technischen Support von Illumina wenden. Sie können Fluidikprüfungen nicht wiederholen.

Überwachen des Lauffortschritts

Sie können auf dem Bildschirm „Sequencing“ (Sequenzierung) den Lauffortschritt überwachen, einen Lauf abbrechen oder einen neuen Lauf starten. Sie können den Lauffortschritt auf dem Gerät oder über

einen Computer mit Internetverbindung überwachen. Wenn die Cloud-Laufüberwachung aktiviert ist, können Sie den Lauffortschritt im BaseSpace Sequence Hub anzeigen. Um zusätzliche Laufdetails und den Laufstatus anzuzeigen, siehe [Laufverwaltung auf Seite 17](#).

Um zusätzliche Metriken und Visualisierungen anzuzeigen, können Sie den Sequenzierungsanalyse-Viewer (SAV) verwenden. Weitere Informationen zum SAV finden Sie auf der [Sequenzierungsanalyse-Viewer Support-Seite im Internet](#).

Wird der Lauf zu irgendeinem Zeitpunkt abgebrochen, wird automatisch ein Nachwaschlauf durchgeführt. Wenn ein Nachwaschlauf fehlschlägt oder aufgrund eines Fehlers nicht durchgeführt wird, führen Sie einen Wartungswaschlauf durch, bevor Sie mit einem neuen Sequenzierungslauf beginnen. Anweisungen finden Sie unter [Durchführen eines Wartungswaschlaufs auf Seite 104](#).

- Überwachen Sie den Laufstatus auf dem Bildschirm „Sequencing“ (Sequenzierung) oder unter der Registerkarte „Active“ (Aktiv) auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe).
Der Bildschirm „Sequencing“ (Sequenzierung) enthält die geschätzte Uhrzeit für den Abschluss des Laufs. Zur genauen Berechnung der Abschlusszeit sind 10 bereits abgeschlossene Läufe erforderlich.
Die Registerkarte „Active“ (Aktiv) auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe) enthält die Zeit, zu der der Prozess gestartet wurde, und zusätzliche Informationen zum Status des Laufs. Der Status gibt an, welche der folgenden Aktivitäten ausgeführt werden:
 - Sequenzierung
 - Übertragung von Sequenzierungsdaten an externen Speicher
 - Externe Dateiübertragung
 - Sekundäranalyse
 - Übertragung von Sekundäranalysedaten an externen Speicher
- Überwachen Sie die folgenden Metriken auf dem Bildschirm „Sequencing“ (Sequenzierung) oder „Runs“ (Läufe).
 - **% ≥ Q30**: Der durchschnittliche Prozentsatz von Base-Calls mit einem Q-Score ≥ 30.
 - **Yield** (Ausbeute): Die erwartete Anzahl von Base-Calls für den Lauf.
 - **Total Reads PF** (PF-Reads insgesamt): Anzahl der Paired-Ends-Reads (falls zutreffend) nach Filterung (in Millionen).
- Um weitere Laufdetails anzuzeigen, wählen Sie den Laufnamen auf dem Bildschirm Sequencing (Sequenzierung) oder die Registerkarte Active (Aktiv) auf dem Bildschirm Runs (Läufe).
- Nach Abschluss des Laufs können Sie zusätzliche Laufergebnisse anzeigen. Wählen Sie den Laufnamen im Bildschirm Sequencing (Sequenzierung) oder die Registerkarte Completed (Abgeschlossen) im Bildschirm Runs (Läufe).
- Lassen Sie die Verbrauchsmaterialien im Gerät. Entfernen Sie sie nicht, bis Sie bei Ihrer nächsten Laufeinrichtung dazu aufgefordert werden.

Gestaffelter Start von Läufen

Sie können zu bestimmten Zeiten während eines einseitigen Laufs auf der nicht benutzten Seite des NovaSeq X Series-Geräts einen Lauf einrichten und starten. Das System zeigt die nächste verfügbare Startzeit für die nicht benutzte Seite des Geräts an, die gesperrt bleibt, es sei denn, Sie fordern einen Start an. Wenn keine Informationen zum gestaffelten Start verfügbar sind, ist die Funktion nicht mit der aktuell verwendeten Rezeptur kompatibel. Wenn auf der nicht benutzten Seite des Geräts ein Wartungswaschlauf erforderlich ist, können Sie keinen gestaffelten Start anfordern.

Nach dem Anfordern eines gestaffelten Starts hält die Software den Lauf, der gerade ausgeführt wird, automatisch an, um die Konfiguration eines neuen Laufs zu ermöglichen. Die Seite mit dem angehaltenen Lauf wird in einen sicheren Zustand versetzt und automatisch fortgesetzt.

i | Wenn ein gestaffelter Lauf beginnt, kann sich die geschätzte Laufzeit für den Lauf, der zuvor ausgeführt wurde, ändern. Überprüfen Sie die aktuellen Zeitschätzungen.

Die folgende Tabelle zeigt die ungefähre Zeit, zu der ein gestaffelter Start zum ersten Mal für einen Lauf in Bearbeitung verfügbar ist. Zusätzliche Pausenpunkte stehen am Ende jedes Zyklus zur Verfügung.

Fließzellentyp	Zeit (Stunden)
1,5 B (600 Zyklen)	~8
25 B	~6,5
10 B, 5 B, 1,5 B (100, 200 oder 300 Zyklen)	~6

! | Wenn Sie die Konfiguration eines Laufs nach einer Pause abbrechen oder die Pause nach 30 Minuten abläuft, ohne dass die Konfiguration eines Laufs gestartet wurde, können Sie erneut einen gestaffelten Start anfordern. Das mehrfache Anhalten eines Laufs kann sich jedoch negativ auf die Qualität der Laufdaten auswirken.

Gehen Sie wie folgt vor, um einen gestaffelten Start einzuleiten.

1. Wählen Sie im Bildschirm Sequencing (Sequenzierung) die Option **Request** (Anfrage) auf der nicht benutzten Seite des Geräts aus.
Wenn der Lauf, der gerade ausgeführt wird, anhält, wird die Option zum Starten eines neuen Laufs auf der zuvor gesperrten Seite angezeigt.
2. Wählen Sie **Start** (Starten).
3. Konfigurieren Sie einen Sequenzierungslauf. Anweisungen finden Sie unter [Einen Sequenzierungslauf starten auf Seite 73](#).
Nach Abschluss der Laufkonfiguration und der Selbsttests startet der neue Lauf und der angehaltene Lauf wird fortgesetzt.

! | Vermeiden Sie Verzögerungen während der Konfiguration eines Laufs. Das Anhalten eines Laufs über einen längeren Zeitraum kann sich negativ auf die Qualität der Laufdaten auswirken.

An- und Abmelden

Sie werden nach 30 Minuten Inaktivität oder nach Ablauf der festgelegten Abmeldezeit automatisch von der Steuerungssoftware abgemeldet. Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um sich anzumelden und manuell abzumelden.

Anmelden

Nachdem Sie sich abgemeldet haben, klicken Sie zum Anmelden auf eine beliebige Stelle. Je nach Gerätekonfiguration können Anmeldeinformationen variieren.

- Wenn Sie nicht mit der Cloud verbunden sind, melden Sie sich mit dem Benutzernamen und Kennwort Ihres lokalen Kontos an.
- Wenn Sie mit der Cloud verbunden sind, melden Sie sich mit Ihrem BaseSpace Sequence Hub Benutzernamen und Kennwort an und wählen Sie dann Ihre Arbeitsgruppe aus. Sie können nur geplante Läufe auswählen, die von Benutzern in der ausgewählten Arbeitsgruppe erstellt wurden. Alternativ können Sie **Sign in to local instrument** (Auf einem lokalen Gerät anmelden) auswählen und sich mit Ihrem lokalen Konto anmelden.
- Wenn Sie sich zum ersten Mal anmelden, geben Sie das von Ihrem Administrator erstellte temporäre Kennwort ein. Nach erfolgreicher Anmeldung werden Sie aufgefordert, ein neues Kennwort zu erstellen.

Auf Systemebene kann jeweils nur ein Benutzer angemeldet sein, aber es kann für jede Seite ein Benutzer bestimmt werden, der einen Lauf auswählt.

Abmelden

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um sich vor der automatischen Abmeldung abzumelden:

Sie können die Standard-Abmeldezeit auf dem Bildschirm „Password Policy“ (Kennwortrichtlinie) unter „Settings“ (Einstellungen) anpassen. Anweisungen finden Sie unter [Kennworteinstellungen bearbeiten auf Seite 49](#).

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Profile** (Profil) und dann **Sign out** (Abmelden).
Nach der Abmeldung schließt die Steuerungssoftware das Profile (Profil)-Menü und wechselt zum Bildschirm Sequencing (Sequenzierung).

Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien

Gehen Sie wie folgt vor, um den Vorladepuffer, den Puffer für anwendungsspezifische Primer, die Reagenzienkartusche, den Bibliotheksrohrchenstreifen, der Lyo-Rasteinsatz und die Pufferkartusche zu recyceln: Die Fließzelle ist nicht recycelbar.

Recycling der Puffer

Gehen Sie wie folgt vor, um den Vorladepuffer, den Puffer für anwendungsspezifische Primer und die Pufferkartusche zu recyceln.

Den Vorladepuffer und den Puffer für anwendungsspezifische Primer recyceln

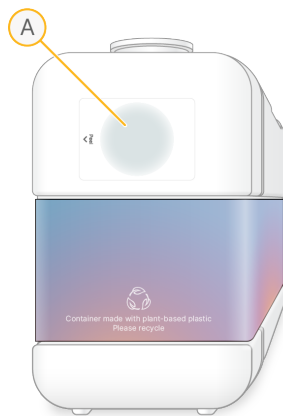
Die Röhrchen für den Vorladepuffer und den Puffer für anwendungsspezifische Primer bestehen aus Polypropylen-Kunststoff (PP). Die Röhrchenkappen für den Vorladepuffer und den Puffer für anwendungsspezifische Primer bestehen aus Polyethylen-Kunststoff hoher Dichte (HDPE).

1. Spülen Sie die Röhrchen für den Vorladepuffer und den Puffer für anwendungsspezifische Primer.
2. Recyceln Sie die Röhrchen und Kappen gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

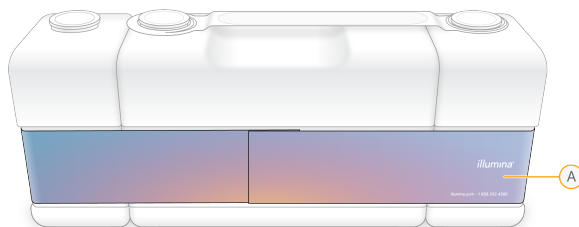
Recycling der Pufferkartusche

Die Pufferkartuschenflaschen und der Griff bestehen aus Polyethylen-Kunststoff hoher Dichte (HDPE). Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um die Pufferkartusche zu recyceln.

1. Entfernen Sie die Pufferkartusche aus dem Gerät.
2. Entfernen und entsorgen Sie die Folien.
3. Leeren Sie die Pufferkartusche gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften.
4. Entfernen und entsorgen Sie das RFID-Etikett (A) und die RFID.



5. Stellen Sie die Pufferkartusche auf eine flache Oberfläche und entfernen Sie dann das Halteband (A), um die drei Pufferflaschen zu trennen.



- Spülen Sie die Pufferflaschen und recyceln Sie sie gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

Recycling der Reagenzienkartusche

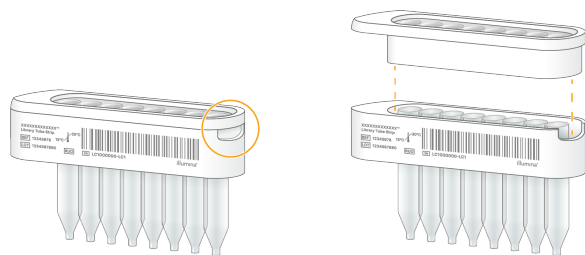
Führen Sie nach dem Entfernen der Reagenzienkartusche aus dem Gerät die folgenden Schritte durch, um den Bibliotheksröhrchenstreifen, den Lyo-Rasteinsatz und die Reagenzienkartusche zu recyceln: Die Vertiefungen an den Positionen Nr. 3 und Nr. 8 enthalten Formamid. Nehmen Sie diese Vertiefungen aus der Reagenzienkartusche und entsorgen Sie sie separat.

⚠ | Diese Reagenzien enthalten potenziell gesundheitsschädliche Chemikalien. Personen können sich durch Einatmen, Verschlucken oder durch Kontakt mit der Haut oder den Augen verletzen. Die Belüftung sollte für den Umgang mit gefährlichen Materialien in Reagenzien geeignet sein. Tragen Sie eine dem Expositionsrisiko entsprechende Schutzausrüstung, insbesondere Schutzbrille, Handschuhe und Laborkittel. Verbrauchte Reagenzien sind als chemische Abfälle zu behandeln. Entsorgen Sie sie daher gemäß den geltenden regionalen, nationalen und lokalen Gesetzen und Vorschriften. Zusätzliche umwelt-, gesundheits- und sicherheitsbezogene Informationen finden Sie in den Sicherheitsdatenblättern (SDB) unter support.illumina.com/sds.html.

Recycling des Bibliotheksröhrchenstreifens und des Adapters

Der Bibliotheksröhrchenstreifen besteht aus Polypropylen-Kunststoff (PP). Der Adapter für Bibliotheksröhrchenstreifen besteht aus Polyethylen-Kunststoff hoher Dichte (HDPE).

- Trennen Sie den Bibliotheksröhrchenstreifen von der Reagenzienkartusche, indem Sie den Bibliotheksröhrchenstreifen nach oben drücken.
- Entfernen und entsorgen Sie den Deckel des Bibliotheksröhrchenstreifens.



- Entfernen und entsorgen Sie das RFID-Etikett (A) und die RFID, die sich unter dem Bibliotheksröhrchenstreifen befinden.



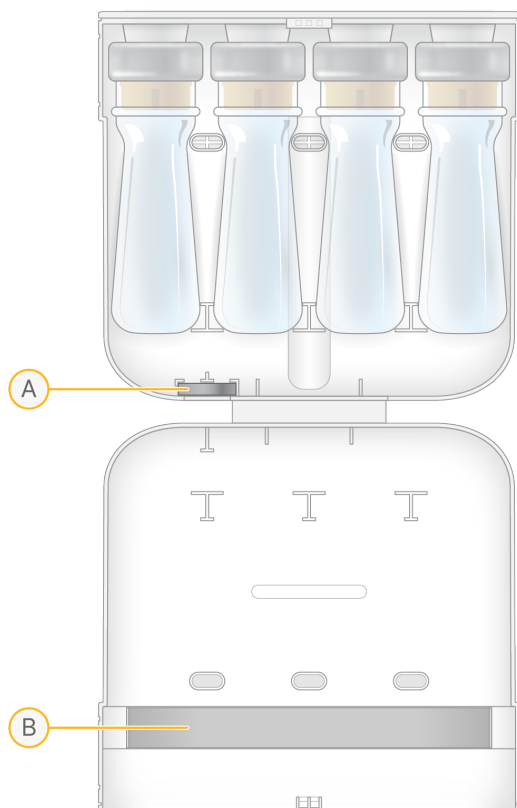
- Spülen Sie den Bibliotheksröhrchenstreifen und recyceln Sie ihn gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

- Recyceln Sie den Adapter für Bibliotheksrohrchenstreifen gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

Recycling des Lyo-Rasteinsatzes

Die Lyo-Rasteinsatz-Abdeckung besteht aus Polypropylen-Kunststoff (PP). Die Fläschchen für lyophilisierte Reagenzien sind nicht recycelbar.

- Trennen Sie den Lyo-Rasteinsatz von der Reagenzienkartusche, indem Sie auf das Etikett des Lyo-Rasteinsatzes drücken und dann nach oben schieben.
- Entfernen und entsorgen Sie das Etikett auf der Oberseite des Lyo-Rasteinsatzes.
- Zum Öffnen der Lyo-Rasteinsatz-Abdeckung die Seiten des Lyo-Rasteinsatzes zusammendrücken.
- Entfernen und entsorgen Sie die Fläschchen für lyophilisierte Reagenzien gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.
- Entfernen und entsorgen Sie RFID und Schaumstreifen.



A. RFID

B. Schaumstreifen

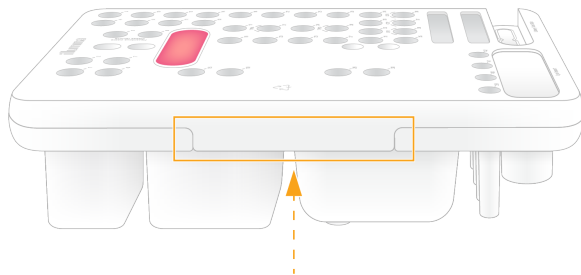
- Recyceln Sie die Lyo-Rasteinsatz-Abdeckung gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

Recycling der Reagenzienkomponenten

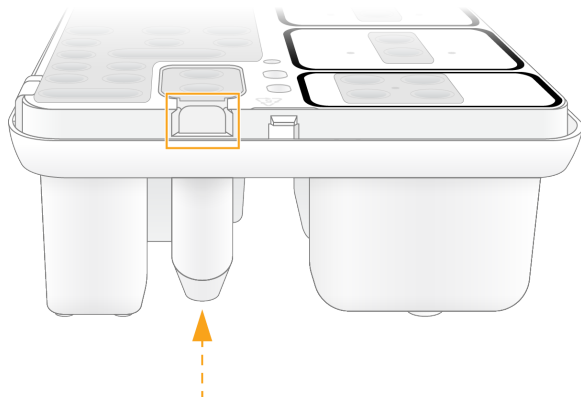
Sie können die Vertiefungen der Positionen Nr. 3, Nr. 8 und SBS vor dem Recycling von der Reagenzienkartusche trennen. Die Abdeckung der Reagenzienkartusche, die zerlegte Reagenzienkartusche und die Vertiefungen der Positionen Nr. 3, Nr. 8 und SBS Nr. 3 bestehen aus Polypropylen-Kunststoff (PP). Die SBS-Vertiefungen Nr. 1 und Nr. 2 bestehen aus Polyethylenterephthalat-Kunststoff (PET).

1. Entfernen Sie die Abdeckung der Reagenzienkartusche, indem Sie die Laschen an den Seiten der Abdeckung nach außen ziehen und dann nach oben heben.

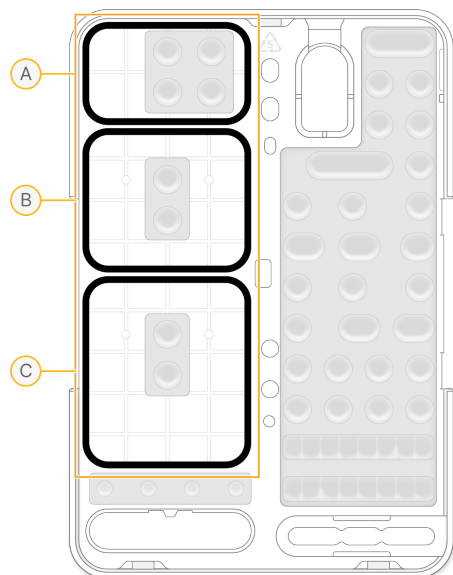
Ein hörbares Klicken gibt an, dass die Abdeckung der Reagenzienkartusche getrennt wurde.



2. Um die Vertiefungen der Positionen Nr. 3 und Nr. 8 von der Reagenzienkartusche zu lösen, drücken Sie den Halter und schieben Sie dann die Vertiefung nach oben.

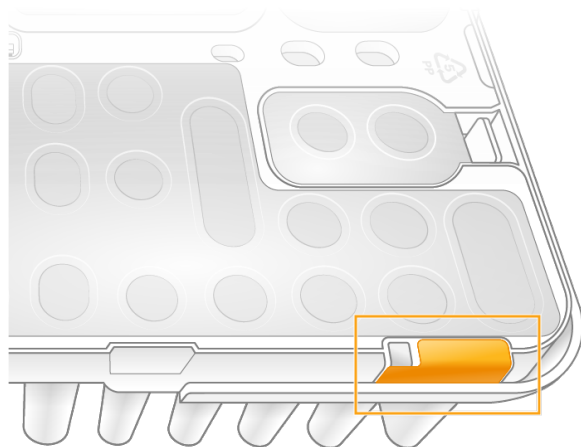


3. Recyceln Sie die Vertiefungen der Positionen Nr. 3 und Nr. 8 gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.
4. Um die drei SBS-Vertiefungen von der Reagenzienkartusche zu trennen, die Seiten der Vertiefungen zusammendrücken und dann die Vertiefung nach oben schieben.



- A. SBS-Vertiefung Nr. 1 – Polyethylenterephthalat-Kunststoff (PET)
- B. SBS-Vertiefung Nr. 2 – Polyethylenterephthalat-Kunststoff (PET)
- C. SBS-Vertiefung Nr. 3 – Polypropylen-Kunststoff (PP)

5. Recyceln Sie die SBS-Vertiefungen gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.
6. Entfernen und entsorgen Sie alle Folien, das RFID-Etikett und das RFID.



7. Spülen Sie die zerlegte Reagenzienkartusche sowie die Abdeckung und recyceln Sie sie dann gemäß den für Ihre Region geltenden Vorschriften.

Sequenzierungsausgabe

Nach dem Starten eines Sequenzierungslaufs beginnt die Real-Time Analysis automatisch. Sie können RTA4-Metriken auf dem Bildschirm Sequencing (Sequenzierung) oder Runs (Läufe) anzeigen. Um Sequenzierungs- und Sekundäranalyse-Ergebnisse anzuzeigen, wählen Sie den Laufnamen auf der Registerkarte „Completed“ (Abgeschlossen) auf dem Bildschirm „Runs“ (Läufe). Die Laufergebnisse umfassen detaillierte Sequenzierungsmetriken, Sekundäranalyse-Metriken und DRAGEN-Anwendungsberichte auf Proben- und Laufebene.

Sie können Ausgabedateien auch am angegebenen Standard-Ausgabeordner-Speicherort finden.

Real-Time Analysis

Auf der NovaSeq X Series wird RTA4, eine Implementierung der Real-Time Analysis-Software, auf der Datenverarbeitungs-Engine (CE) des Geräts ausgeführt. RTA4 extrahiert Intensitäten aus Bildern, die von der Kamera empfangen werden, führt Base-Calling durch, weist Base-Calls einen Qualitäts-Score zu, richtet sich an PhiX aus und meldet Daten in InterOp-Dateien zur Ansicht in der NovaSeq X Series Control Software.

Zur Optimierung der Verarbeitungszeit legt RTA4 die Informationen im Speicher ab. Wenn RTA4 beendet wird, wird die Verarbeitung nicht wieder aufgenommen, und alle Laufdaten, die im Speicher verarbeitet werden, gehen verloren.

RTA4-Eingaben

RTA4 benötigt zur Verarbeitung Teilsegmentbilder, die im lokalen Systemspeicher enthalten sind. RTA4 empfängt Laufinformationen und Befehle von der Steuerungssoftware.

RTA4-Ausgaben

Bilder von jedem Farbkanal werden gespeichert und als Teilsegmente an RTA4 übergeben. RTA4 gibt aus diesen Bildern mehrere qualitativ benotete Base-Call-Dateien und Filterdateien aus. Alle anderen Ausgaben sind ergänzende Ausgabedateien.

Dateityp	Beschreibung
Base-Call-Dateien	Die einzelnen analysierten Teilsegmente sind in einer verketteten Base-Call-Datei (*.cbcl) enthalten. Teilsegmente derselben Lane oder Oberfläche werden in einer .cbcl-Datei für die jeweilige Lane und Oberfläche aggregiert.

Dateityp	Beschreibung
Filterdateien	Die einzelnen Teilsegmente produzieren jeweils eine Filterdatei (*.filter), die angibt, ob ein Cluster Filter passiert.
Clusterpositionsdateien	Clusterpositionsdateien (*.locs) enthalten die X,Y-Koordinaten aller Cluster in einem Teilsegment. Für jeden Lauf wird eine Clusterpositionsdatei generiert.
InterOp-Dateien	Binäre Berichtsdateien, die für den Sequenzierungsanalyse-Viewer verwendet werden. InterOp-Dateien werden während des Laufs aktualisiert.

Ausgabedateien werden für die nachgeschaltete Analyse verwendet.

Qualitäts-Scores

Ein Qualitäts-Score (Q-Score) ist eine Prognose über die Wahrscheinlichkeit eines falschen Base-Calls. Je höher der Q-Score ist, desto höher ist die Qualität des Base-Calls und die Wahrscheinlichkeit, dass dieser korrekt ist. Nachdem der Q-Score ermittelt wurde, werden die Ergebnisse in Base-Call-Dateien (*.cbcl) gespeichert.

Der Q-Score kommuniziert kurz und bündig kleine Fehlerwahrscheinlichkeiten. Qualitäts-Scores werden als Q(X) dargestellt, wobei X der Score-Wert ist. Die folgende Tabelle zeigt die Beziehung zwischen einem Qualitäts-Score und der Fehlerwahrscheinlichkeit:

Q-Score Q(X)	Fehlerwahrscheinlichkeit
Q40	0,0001 (1 von 10.000)
Q30	0,001 (1 zu 1000)
Q20	0,01 (1 zu 100)
Q10	0,1 (1 zu 10)

Qualitätsbewertung und Berichterstellung

Die Qualitätsbewertung berechnet für jeden Base-Call mehrere Fehlerwahrscheinlichkeiten und ermittelt anhand der Prognosewerte den Q-Score aus einer Qualitätstabelle. Qualitätstabellen werden erstellt, um optimale Qualitätsprognosen für Läufe zu liefern, die auf spezifisch konfigurierten Sequenzierungsplattformen mit bestimmten Chemie-Versionen durchgeführt werden.

 Die Qualitätsbewertung basiert auf einer geänderten Version des Phred-Algorithmus.

Zur Generierung der Q-Tabelle für das NovaSeq X Series wurden anhand des Clusterings dieser spezifischen Prognosefunktionen drei Gruppen von Base-Calls ermittelt. Im Anschluss an die Gruppierung der Base-Calls wurde die mittlere Fehlerrate für jede der drei Gruppen empirisch

berechnet und die entsprechenden Q-Scores wurden gemeinsam mit den zu den Gruppen gehörigen Prognosefunktionen in die Q-Tabelle aufgenommen. Daher sind bei RTA4 nur drei Q-Scores möglich. Diese Q-Scores entsprechen der durchschnittlichen Fehlerrate der Gruppe. Alles in allem ergibt sich hieraus eine vereinfachte, jedoch hochpräzise Qualitätsbewertung. Die drei Gruppen in der Qualitätstabelle stehen für Base-Calls geringer (< Q18), mittlerer (Q18 bis Q29) und hoher Qualität (> Q29). Den Gruppen werden jeweils spezifische Scores wie 9, 24 bzw. 41 zugewiesen. Zusätzlich erhalten No-Calls, die in die BCL-Dateien geschrieben werden, den Score 0. Nachdem BCL-Dateien in das FASTQ-Format konvertiert wurden, wird No-Calls ein Score von 2 zugewiesen. Dieses Berichterstellungsmodell für Q-Score verringert die Speicherplatz- und Bandbreitenanforderungen, ohne dabei die Genauigkeit oder die Performance zu beeinträchtigen.

Ausgabedateien der Sequenzierung

Dateityp	Dateibeschriftung, Speicherort und Name
Base-Call-Dateien	Jedes analysierte Cluster wird in eine Base-Call-Datei aufgenommen, zusammengefasst in einer Datei pro Zyklus, Lane und Oberfläche. Die zusammengefasste Datei enthält den Base-Call und den codierten Qualitäts-Score für jeden Cluster. Data\Intensities\BaseCalls\L001\C1.1 L[Lane]_[surface].cbcl, z. B. L001_1.cbcl
Clusterpositionsdateien	Für jede Fließzelle enthält eine binäre Clusterpositionsdatei die XY-Koordinaten für jeden Cluster in einer Platte. Eine sechseckige Anordnung, die der Nanowell-Anordnung der Fließzelle entspricht, definiert die Koordinaten vor. Data\Intensities s_[lane].locs
Filterdateien	Die Filterdatei gibt an, ob ein Cluster die Filter passiert hat. Filterdateien werden bei Zyklus 26 generiert und verwenden 25 Datenzyklen. Für jedes Teilsegment wird eine Filterdatei erstellt. Data\Intensities\BaseCalls\L001 s_[lane]_[tile].filter
Laufinformationsdatei	Enthält den Namen des Laufs, die Anzahl der Zyklen in jedem Read, die Angabe, ob der Read ein Index-Read ist, sowie die Anzahl der Bildstreifen und Teilsegmente auf der Fließzelle. Die Laufinformationsdatei wird am Anfang des Laufs generiert. [Root folder], RunInfo.xml

Ordnerstruktur der Ausgabedaten

Das NovaSeq X Series generiert standardmäßig Ausgabedateien in dem auf der Registerkarte Settings (Einstellungen) gewählten externen Speicher.

Auf hoher Ebene sind die Ausgabedaten in folgender Struktur organisiert:

```
/usr/local/illumina/runs/<run_id>/
```

 **Analysis (Sekundäranalyse-Dateien)**

 **Data (Primäranalyse-BCL-Dateien)**

 **InstrumentAnalyticsLogs**

 **InterOp**

 **Logs (Protokolle)**

 RTA.cfg

 RTAComplete.txt

 CopyComplete.txt

 RunCompletionStatus.xml

 RunInfo.xml

 RunParameters.xml

 SampleSheet.csv

 Manifest.tsv

Die Manifestdatei enthält eine Datenintegritätsprüfsumme für Dateien, die in den Ausgabeordner kopiert werden. Eine zyklische 32-Bit-Redundanzprüfung (CRC-32) generiert die Prüfsumme.

DRAGEN erzeugt nicht nur anwendungsspezifische Dateien, sondern stellt auch Metriken aus der Analyse auf Probenbasis und in aggregierten Berichten zur Verfügung. In Abhängigkeit von den Betriebsarten können zusätzliche Metrikdateien in der Ausgabe enthalten sein. Weitere Informationen zu den verschiedenen Ebenen der Berichte finden Sie unter [NovaSeq X Series Berichte der Sekundäranalyse auf Seite 95](#).

Weitere Informationen zu DRAGEN Sekundäranalyse-Ausgabedateien und -metriken finden Sie auf der [Illumina DRAGEN Bio-IT Platform Support-Website](#).

Datenausgabe und -speicherung

Die folgenden Tabellen enthalten Beispielspeicherdaten. Bevor Sie den Speicherbedarf berechnen, prüfen Sie die Bedingungen, da die tatsächliche Datenaufbewahrung lokalen Richtlinien unterliegt. Weitere Informationen finden Sie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite](#) verfügbar sind.

 | Laufgrößen und andere Details variieren abhängig von mehreren Faktoren. Die bereitgestellten Zahlen sollen als Anhaltspunkt für die relative Reichweite des Daten-Fußabdrucks dienen.

Tabelle 7 Datenausgabe für duale Fließzellen

Funktionen	Dateityp	25-B-Fließzelle (TB)	10-B-Fließzelle (TB)	5-B-Fließzelle (TB)	1,5-B-Fließzelle (TB)
Real-Time Analysis	BCL	11,1	4,2	2,1	0,6
	Interop	0,03	0,01	0,01	0,01
FASTQ	GZIP	14,5	5,8	2,9	0,9
	ORA	2,9	1,2	0,6	0,2
Map/Align	BAM	12,7	5,1	2,6	0,8
	CRAM	4,9	2,0	1,0	0,3
Varianten-Calling	GVCF + VCF	1,1	0,4	0,2	0,1

Tabelle 8 Datenausgabe für einzelne Fließzellen

Funktionen	Dateityp	25-B-Fließzelle (TB)	10-B-Fließzelle (TB)	5-B-Fließzelle (TB)	1,5-B-Fließzelle (TB)
Real-Time Analysis	BCL	5,2	2,1	1,1	0,3
	Interop	0,01	0,01	0,01	0,01
FASTQ	GZIP	7,2	2,9	1,5	0,4
	ORA	1,4	0,6	0,3	0,1
Map/Align	BAM	6,3	2,5	1,3	0,4
	CRAM	2,5	1,0	0,5	0,1
Varianten-Calling	GVCF + VCF	0,5	0,2	0,1	0,0

NovaSeq X Series Berichte der Sekundäranalyse

Wählen Sie auf dem Bildschirm „Sequencing complete“ (Sequenzierung abgeschlossen) den Laufnamen aus, um die Ergebnisse des Laufs anzuzeigen. Navigieren Sie zum unteren Rand des Bildschirms „Run details“ (Laufdetails) und wählen Sie **View DRAGEN Report** (DRAGEN-Bericht anzeigen), um die Ergebnisse der Sekundäranalyse anzuzeigen. Alternativ können Sie über das globale Menü zum Bildschirm „Runs“ (Läufe) navigieren und einen abgeschlossenen Lauf auswählen.

Sie können DRAGEN-Berichtsergebnisse auf den folgenden Ebenen anzeigen:

- **Run (Lauf):** Die Lauf-Zusammenfassung verlinkt zu den Workflow-Berichten, einschließlich eines Demultiplex-Berichts, und bietet einen Überblick über die folgenden Informationen:
 - Versionsnummer
 - Gesamtzahl der Proben

- Anzahl der abgeschlossenen Proben
- Anzahl der Fehler
- **Workflow** (Arbeitsablauf): Workflow-Berichte aggregieren Daten aus allen Proben, die in dieser DRAGEN-Anwendung enthalten sind, und verlinken sie mit den Berichten zu den einzelnen Proben.
- **Sample** (Probe): Probenberichte enthalten detaillierte Metriken für Read 1 und Read 2 einer einzelnen Probe.

Die Metriken, die auf Workflow- und Probenebene verfügbar sind, variieren je nach Bericht. Die Definitionen der Metriken finden Sie im Bericht auf dem Gerät.

Wartung

In diesem Abschnitt werden die erforderlichen Maßnahmen zur Wartung des NovaSeq X Series erläutert.

Freimachen von Speicherplatz auf der Festplatte

Wenn nicht genügend Speicherplatz vorhanden ist, wird während der Selbsttests eine Warnmeldung angezeigt. Sie können den verfügbaren Platz und den Platz, der von Läufen oder Ressourcen eingenommen wird, überprüfen. Führen Sie die folgenden Schritte aus, um Speicherplatz freizugeben, indem Sie abgeschlossene Läufe und installierte Ressourcen aus einem Geräte-Laufordner löschen.

Löschen eines Laufs

Verwenden Sie nur die NovaSeq X Series Control Software, um Läufe zu löschen. Löschen Sie Läufe nie manuell über das Betriebssystem. Das manuelle Löschen von Läufen kann die Steuerungssoftware beeinträchtigen. Sie können einen gelöschten Lauf nicht in die Warteschlange zurückstellen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Runs** (Läufe).
3. Wählen Sie für den Lauf, den Sie löschen möchten, das Auslassungszeichen in der Spalte Action (Aktion).
4. Wählen Sie eine der folgenden Optionen:
 - **Delete run data** (Laufdaten löschen): Löscht die Sequenzierungs- und Analyse-Ausgabeordner, entfernt den Lauf jedoch nicht von der Registerkarte Completed (Abgeschlossen). Sie können die Laufdetails aber nicht den Bericht der DRAGEN-Sekundäranalyse anzeigen.
 - **Delete run** (Lauf löschen): Löscht die Laufdaten und entfernt den Lauf von der Registerkarte „Completed“ (Abgeschlossen).
5. Bestätigen Sie im Dialogfeld die Löschung des Laufs.
6. Wiederholen Sie die Schritte 3–5 für jeden Lauf, den Sie löschen möchten.

Ressourcen entfernen

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um Referenzgenome oder Referenzdateien zu entfernen. Ab NovaSeq X Series Control Software Version 1.4 können Sie Ressourcen auch im Illumina Software Update Manager (ISUM) entfernen. Siehe [Software-Updates auf Seite 98](#).

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Resource files** (Ressourcendateien).

3. Wählen Sie die Registerkarte **Genomes** (Genome) oder die Registerkarte **Reference files** (Referenzdateien).
4. Wählen Sie für das Genom oder die Referenzdatei, die Sie entfernen möchten, das Löschsymbol.
5. Wählen Sie im Dialogfeld zur Bestätigung **Yes, remove** (Ja, entfernen).
6. Wiederholen Sie die Schritte 4 und 5 für jedes Genom oder jede Referenzdatei, die Sie entfernen möchten.

Software-Updates

Alle Benutzer können die installierte Software anzeigen, auf Updates prüfen und Updates herunterladen, Softwareaktualisierungen können jedoch nur von Administratoren durchgeführt werden. Durch die Aktualisierung der Software ist gewährleistet, dass das System über alle aktuellen Funktionen und Problembehebungen verfügt. Software-Updates werden in einem digitalen Paket gebündelt, das die folgenden Assets enthalten kann:

- System Suite Installer (SSI):
 - NovaSeq X Series Control Software
 - NovaSeq X Series-Rezepturen
 - Universal Copy Service
 - Real-Time Analysis
 - Illumina Run Manager
- Verbrauchsmaterialien-Paket
- OS-Patches
- DRAGEN
- DRAGEN-Anwendungen
- Genomdateien

Wenn das System über einen Internetzugang verfügt, kann es automatisch oder auf Anfrage nach Software-Updates suchen. Wenn das System keinen Internetzugang hat, laden Sie Installationsprogramme manuell herunter, um das Software-Update durchzuführen.

 Wenn Ihr System die NovaSeq X Series Control Software Version 1.3 oder eine frühere Version verwendet, wenden Sie sich an Ihren Vertreter von Illumina, um Software-Updates durchzuführen. Überprüfen Sie im [Illumina Product Security Portal](#), ob OS-Patches verfügbar sind.

Software-Update mit Internetzugang

1. Stellen Sie sicher, dass die folgenden Aktivitäten nicht ausgeführt werden:
 - Sequenzierungslauf
 - Sekundäranalyse

- Dateiübertragung
 - DRAGEN-Installation
 - DRAGEN-Lizenzinstallation
 - DRAGEN-Selbsttest
2. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
 3. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Software updates** (Software-Updates).
Die aktuellen Versionen der Software werden angezeigt.
 4. Überprüfen Sie je nach Systemkonfiguration die verfügbaren Updates:
 - Wenn das System so konfiguriert ist, dass es automatisch nach Software-Updates sucht, wird die Anzahl der verfügbaren Updates beim Laden der Seite angezeigt.
 - Wenn das System nicht so konfiguriert ist, dass es automatisch nach Software-Updates sucht, wählen Sie **Check for updates** (Nach Updates suchen).
 5. Wählen Sie **View updates** (Updates anzeigen) aus.
 6. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für jedes Update, das Sie installieren möchten, einschließlich Software, Anwendungen, Genome oder Referenzdateien.

 Um Festplattenspeicherfehler während der Installation zu vermeiden, wählen Sie nur die Genome aus, die für Ihre DRAGEN-Anwendungen und Workflows relevant sind. Weitere Informationen finden Sie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite](#) verfügbar sind.
 7. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.
Es wird eine Liste ausgewählter Updates zur Überprüfung angezeigt.
 8. **[Optional]** Laden Sie die Updates herunter und schließen Sie die Installation später wie folgt ab.
 - a. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Download only** (Nur herunterladen).
Die Download-Option ist aufgrund von Größenbeschränkungen nicht für Genome verfügbar.
 - b. Wählen Sie **Download** (Herunterladen).
 - c. Kehren Sie nach Abschluss des Downloads zum Softwareaktualisierungsbildschirm zurück.
 - d. Wählen Sie **View downloads** (Downloads anzeigen) aus.
Die heruntergeladenen Updates stehen zur Überprüfung zur Verfügung und Sie können mit der Installation fortfahren.
 9. Wählen Sie **Install** (Installieren).
Eine Fortschrittsleiste zeigt die ungefähr verbleibende Zeit an.
 10. Wählen Sie **Restart software** (Software neu starten), um das Update abzuschließen.

Software-Update ohne Internetzugang

1. Wenn das Gerät keinen Internetzugang hat, laden Sie das Installationsprogramm (*.ipb2) vom entsprechenden Speicherort herunter:
 - Laden Sie die digitalen Paket-Installationsprogramme von der [NovaSeq X Series Support-Seite im Internet](#) herunter.
 - Laden Sie Installationsprogramme, die nur Betriebssystem-Patchdateien enthalten, aus dem [Illumina Product Security Portal](#) herunter.

 Wenn das Dateiformat für das Installationsprogramm IRES oder IAPP ist, beachten Sie die Anweisungen für [DRAGEN-Versionen installieren oder deinstallieren auf Seite 101](#) bzw. [DRAGEN-Anwendungen verwalten auf Seite 55](#).
2. Speichern Sie das Installationsprogramm lokal oder auf einem Netzlaufwerk.
3. Stellen Sie sicher, dass die folgenden Aktivitäten nicht ausgeführt werden:
 - Sequenzierungslauf
 - Sekundäranalyse
 - Dateiübertragung
 - DRAGEN-Installation
 - DRAGEN-Lizenzinstallation
 - DRAGEN-Selbsttest
4. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
5. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Software updates** (Software-Updates). Die aktuellen Versionen der Software werden angezeigt.
6. Wählen Sie **Select folder...** (Ordner auswählen ...) unter „browse for software updates“ (nach Software-Updates suchen).
7. Navigieren Sie zu Ihrer Installationsprogramm-Datei und wählen Sie dann **Select** (Auswählen). Das System prüft an diesem Ordnerspeicherort auf Updates und zeigt die Anzahl der verfügbaren Updates an.
8. Wählen Sie **View updates** (Updates anzeigen) aus.
9. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für jedes Update, das Sie installieren möchten, einschließlich Software, Anwendungen, Genome oder Referenzdateien.

 Um Festplattenspeicherfehler während der Installation zu vermeiden, wählen Sie nur die Genome aus, die für Ihre DRAGEN-Anwendungen und Workflows relevant sind. Weitere Informationen finden Sie in den Versionshinweisen zu DRAGEN auf NovaSeq X Series, die auf der [NovaSeq X Series Support-Seite](#) verfügbar sind.
10. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.

Es wird eine Liste ausgewählter Updates zur Überprüfung angezeigt.

11. **[Optional]** Laden Sie die Updates herunter und schließen Sie die Installation später wie folgt ab.
 - a. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Download only** (Nur herunterladen).
Die Download-Option ist aufgrund von Größenbeschränkungen nicht für Genome verfügbar.
 - b. Wählen Sie **Download** (Herunterladen).
 - c. Kehren Sie nach Abschluss des Downloads zum Softwareaktualisierungsbildschirm zurück.
 - d. Wählen Sie **View downloads** (Downloads anzeigen) aus.
Die heruntergeladenen Updates stehen zur Überprüfung zur Verfügung und Sie können mit der Installation fortfahren.
12. Wählen Sie **Install** (Installieren).
Eine Fortschrittsleiste zeigt die ungefähr verbleibende Zeit an.
13. Wählen Sie **Restart software** (Software neu starten), um das Update abzuschließen.

Software deinstallieren

Befolgen Sie die nachstehenden Anweisungen, um Software oder Ressourcen wie Genome und Referenzdateien zu deinstallieren.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Software updates** (Software-Updates).
Die aktuellen Versionen der Software werden angezeigt.
3. Wählen Sie **Uninstall** (Deinstallieren).
4. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für alle zu deinstallierenden DRAGEN-Komponenten.
5. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.
6. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für alle zu deinstallierenden Genome.
7. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.
8. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für alle zu deinstallierenden Referenzdateien.
9. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.
Es wird eine Liste ausgewählter Dateien zur Überprüfung angezeigt.
10. Wählen Sie **Uninstall** (Deinstallieren).
Eine Fortschrittsleiste zeigt die ungefähr verbleibende Zeit an.
11. Wählen Sie **Close** (Schließen).

DRAGEN-Versionen installieren oder deinstallieren

Administratoren können mehrere DRAGEN-Versionen installieren oder deinstallieren. Wenn Sie die neueste DRAGEN-Version deinstallieren, werden alle Versionen aus dem Sequenzierungssystem deinstalliert.

DRAGEN-Versionen installieren

1. Wenn eine neue DRAGEN Version verfügbar ist, laden Sie das DRAGEN-Installationsprogramm (*.ires) von der [NovaSeq X Series-Support-Website](#) herunter. Speichern Sie das Installationsprogramm lokal oder auf einem Netzlaufwerk.



Wenn das Dateiformat für das Installationsprogramm IPB2 ist, siehe die Anweisungen für [Software-Updates auf Seite 98](#).

2. Stellen Sie sicher, dass derzeit weder ein Sequenzierungslauf noch eine Sekundäranalyse im Gerät durchgeführt wird.
3. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
4. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **DRAGEN**.
5. Wählen Sie auf der Registerkarte „Versions“ (Versionen) die Option **Install version** (Version installieren).
6. Navigieren Sie zum Installationsprogramm und wählen Sie dann **Open** (Öffnen).
7. Wählen Sie **Install** (Installieren).
Eine Meldung zeigt an, ob die Installation erfolgreich war oder fehlgeschlagen ist.

DRAGEN-Versionen deinstallieren

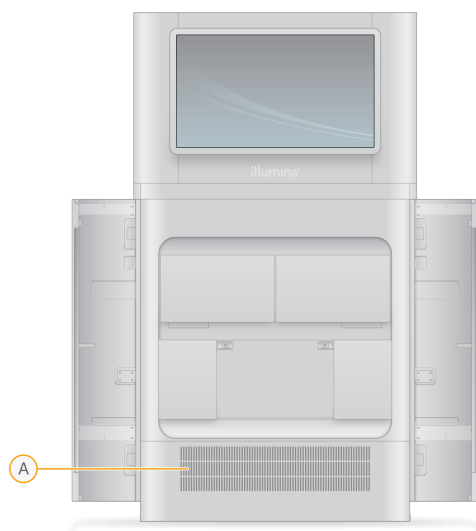
1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **DRAGEN**.
3. Um eine frühere DRAGEN-Version zu deinstallieren, gehen Sie wie folgt vor.
 - a. Wählen Sie auf der Registerkarte „Versions“ (Versionen) das Auslassungszeichen in der Spalte „Actions“ (Aktionen).
 - b. Wählen Sie **Uninstall** (Deinstallieren).
 - c. Wählen Sie **Yes, uninstall** (Ja, deinstallieren).
4. Um die neueste DRAGEN-Version zu deinstallieren, gehen Sie wie folgt vor.
 - a. Wählen Sie auf der Registerkarte „Versions“ (Versionen) das Auslassungszeichen in der Spalte „Actions“ (Aktionen).
 - b. Wählen Sie **Uninstall all** (Alle deinstallieren).
 - c. Wählen Sie **Yes, uninstall all** (Ja, alle deinstallieren).

Austausch des Luftfilters

Der Luftfilter ist nur zum Einmalgebrauch vorgesehen und bedeckt den Lüfter im unteren Fach an der Vorderseite des Geräts. Dies sorgt für die erforderliche Kühlung und verhindert, dass Fremdkörper in das System eindringen. Das Gerät wird mit einem Luftfilter und vier Ersatzluftfiltern geliefert. Zusätzliche Ersatzteile sind in einem gültigen Gerätewartungsvertrag enthalten oder sind bei Illumina erhältlich.

Gehen Sie folgendermaßen vor, um alle 3 Monate den abgelaufenen Luftfilter zu ersetzen: Setzen Sie nach dem Austausch des Luftfilters das Ablaufdatum des Luftfilters zurück.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Unlock doors** (Türen entriegeln).
3. Wählen Sie auf dem NovaSeq X Plus beide Seiten aus.
Für NovaSeq X werden beide Seiten automatisch entriegelt.
4. Wählen Sie **Unlock doors** (Türen entriegeln).
Die Gerätetüren werden entriegelt und Sie können auf das Luftfilterfach (A) auf der Unterseite des Geräts zugreifen.



5. Halten Sie die Verriegelung unter dem Luftfilterfach gedrückt.
6. Ziehen Sie das Filterfach heraus.
7. Entfernen und entsorgen Sie den gebrauchten Luftfilter.
8. Setzen Sie den neuen Luftfilter so ein, dass das Etikett zu Ihnen zeigt.
9. Halten Sie die Verriegelung unter dem Luftfilterfach gedrückt.
10. Schließen Sie das Filterfach.
11. Wählen Sie auf dem Bildschirm Unlock doors (Türen entriegeln) die Option **Reset filter expiry** (Filter-Ablaufdatum zurücksetzen).
12. Stellen Sie sicher, dass die Gerätetüren geschlossen sind, und wählen Sie dann **Lock doors** (Türen verriegeln).

Präventive Wartung

Illumina empfiehlt, jährlich eine präventive Wartung durchführen zu lassen. Wenn Sie keinen Servicevertrag abgeschlossen haben, wenden Sie sich an den für Ihre Region zuständigen Kundenbetreuer oder an den technischen Support von Illumina, um einen Termin für eine kostenpflichtige präventive Wartung zu vereinbaren.

Durchführen eines Wartungswaschlaufs

Ein Wartungswaschlauf ist alle 14 Tage erforderlich. Darüber hinaus ist ein Wartungswaschlauf erforderlich, wenn eine Nachwaschung fehlschlägt, unvollständig ist oder ein kritischer Systemfehler einen Lauf stoppt.

Beim Wartungswaschlauf wird das System mit vom Benutzer bereitzustellenden Verdünnungen aus Tween 20 und NaOCl gespült. Die Verdünnungen werden aus den Waschlaufkartuschen in die Fließzelle, in die Flaschen für benutzte Reagenzien sowie in alle Kartuschenbehälter gepumpt, um alle Sipper zu waschen. Der Waschlauf dauert etwa 3 Stunden.

Ein Wartungswaschlauf erfordert eine Waschlauf-Reagenzienkartusche, eine benutzte Pufferkartusche und entweder die bereitgestellte Waschlauf-Fließzelle oder eine benutzte Sequenzierungsfließzelle mit 8 Lanes, die nicht aus dem System entfernt wurde. Sie können mit dem 2-Lane-NovaSeq X Series 1,5-B-Fließzelle keine Wartungswaschläufe durchführen.

Lagern Sie die Waschlauf-Fließzelle bei Nichtgebrauch bei Raumtemperatur in der Originalverpackung, einschließlich Kunststoffablage und Beutel. Entsorgen Sie die Waschlauf-Fließzelle nach 20 Verwendungen oder dem Verfallsdatum auf der Verpackung, je nachdem, was zuerst eintritt.

Waschlösung und NaOCl vorbereiten

1. Geben Sie 400 ml Wasser in Laborqualität in eine Zentrifugenflasche mit einer Kapazität von 500 ml.
2. Geben Sie 200 µl 100 % Tween 20 oder ein entsprechendes Volumen einer verdünnten Tween-Lösung hinzu. Zum Beispiel 1 ml 20 % Tween 20 in Laborwasser.
Verwenden Sie eine frisch vorbereitete Tween 20-Verdünnung, um das Eindringen biologischer Verunreinigungen in das Fluidiksystem zu begrenzen.
3. Invertieren Sie sie zum Mischen.
4. Mischen Sie folgende Volumina in einem 50-ml-Zentrifugenröhrchen, um 49 ml analysenreine NaOCl-Lösung mit einer Konzentration von 0,12 % vorzubereiten:
 - Deionisiertes Wasser (48 ml)
 - 5%ige analysenreine NaOCl-Lösung (1,2 ml)

 | Verwenden Sie ausschließlich analysenreine NaOCl-Lösung. Verwenden Sie keine Allzweckbleichprodukte, da diese Ammoniakverbindungen enthalten können, die dazu führen könnten, dass Läufe nur wenige Reads nach Filterung ergeben.
5. Invertieren Sie sie zum Mischen.

Laden der Waschlauf-Verbrauchsmaterialien

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um die Verbrauchsmaterialien für den Wartungswaschlauf in das Gerät zu laden.

Starten eines Wartungswaschlaufs

1. Um einen Wartungswaschlauf zu starten, wählen Sie **Start** (Starten) und dann **Wash** (Waschlauf).
2. Wählen Sie am NovaSeq X Plus eine Geräteseite für einen einseitigen Waschlauf oder beide Seiten für einen doppelseitigen Waschlauf.
Wenn ein Wartungswaschlauf auf einer oder beiden Seiten erforderlich ist, werden die Seiten standardmäßig ausgewählt.
3. Fahren Sie mit [Laden der Waschlaufließzellen auf Seite 105](#) fort.

Laden der Waschlaufließzellen

Führen Sie einen Wartungswaschlauf entweder mit einer bereits in das Gerät geladenen und nicht entfernten, gebrauchten Sequenzierungsfließzelle mit 8 Lanes oder mit einer neu geladenen Waschlaufließzelle durch. Wenn Sie einen Wartungswaschlauf durchführen, nachdem ein kritischer Systemfehler einen Lauf unterbrochen hat, verwenden Sie eine neu geladene Waschlaufließzelle.

Wenn Sie einen Wartungswaschlauf mit der verwendeten Sequenzierungsfließzelle aus dem vorherigen Sequenzierungslauf durchführen, ist die Fließzelle bereits in das Gerät geladen. Fahren Sie mit [Laden der Waschlaufließzellen-Reagenzienkartusche auf Seite 106](#) fort.

Um eine neu geladene Waschflusszelle zu verwenden, gehen Sie wie folgt vor:

1. Aktivieren Sie auf dem Bildschirm für den Wartungswaschlauf das Kontrollkästchen **Load wash flow cell** (Waschlaufließzelle laden), um die benutzte Sequenzierungsfließzelle durch eine Waschlaufließzelle zu ersetzen.
2. Wählen Sie **Load wash flow cell** (Waschlaufließzelle laden).
Nach der Auswahl hebt sich der Monitor an und die Fließzellentür öffnet sich. Die Fließzellenleuchte zeigt die Geräteseite an, auf der der Waschlauf durchgeführt wird.
3. Reinigen Sie den Fließzellentisch wie folgt.
 - a. Benetzen Sie ein Polynit-Heatseal-Tuch mit Isopropylalkohol (70 %).
 - b. Reinigen Sie die Oberfläche des Fließzellentisches vorsichtig. Nur in Längsrichtung wischen. Vermeiden Sie es, außer im Fall von Verunreinigungen, die Manifolds zu berühren.
 - c. Wiederholen Sie die Schritte **a** und **b**, bis die Oberflächen frei von Verunreinigungen sind.
 - d. Mit einem neuen Polynit-Heatseal-Tuch oder einer unbenutzten Seite des verwendeten Tuchs abtrocknen, um eine Kontamination zu vermeiden.
4. Ziehen Sie ein neues Paar ungepudertes Handschuhe an, um eine Kontamination der Glasoberfläche der Fließzelle zu vermeiden.
5. Halten Sie die Folienverpackung der Waschlaufließzelle über eine ebene Oberfläche und reißen Sie die Folie von der Ecklasche aus auf.
6. Nehmen Sie die Waschlaufließzelle aus der Verpackung. Halten Sie die Waschlaufließzelle an den Seiten, um das Glas oder die Dichtungen an der Unterseite nicht zu berühren.

7. Reinigen Sie die Waschlaufließzelle wie folgt.
 - a. Benetzen Sie ein Polynit-Heatseal-Tuch mit Isopropylalkohol (70 %).
 - b. Reinigen Sie die Oberfläche der Fließzelle vorsichtig. Nur in Längsrichtung wischen.
 - c. Wiederholen Sie die Schritte [a](#) und [b](#), bis die Oberflächen frei von Verunreinigungen sind.
 - d. Mit einem neuen Polynit-Heatseal-Tuch oder einer unbenutzten Seite des verwendeten Tuchs abtrocknen, um eine Kontamination zu vermeiden.
8. Entsorgen Sie die Verpackung ordnungsgemäß.
9. Setzen Sie die Waschlaufließzelle so in den Fließzellentisch, dass die Oberseite nach oben zeigt.
10. Nachdem die Fließzelle geladen wurde, wählen Sie **Close flow cell door** (Fließzellentür schließen). Die Steuerungssoftware zeigt Informationen aus der gescannten Fließzelle nach 1 Minute an.
11. Fahren Sie mit [Laden der Waschlaufl-Reagenzienkartusche auf Seite 106](#) fort.

Laden der Waschlaufl-Reagenzienkartusche

Verwenden Sie die folgenden Anweisungen, um die Waschlaufl-Reagenzienkartusche in das Gerät zu laden: Sie brauchen die Pufferkartusche nicht zu wechseln, um einen Wartungswaschlauf durchzuführen. Stellen Sie sicher, dass Sie die Waschlaufl-Reagenzienkartusche zur Wiederverwendung ordnungsgemäß reinigen und aufbewahren. Die Waschlaufl-Reagenzienkartusche ist auch zur Reinigung im Autoklaven geeignet.

1. Spülen Sie die Waschlaufl-Reagenzienkartusche zweimal mit Laborwasser und trocknen Sie dann die Unterseite der Kartusche mit einem Papiertuch ab.
Die Innenseite der Kartuschenvertiefungen nicht abtrocknen. Das Trocknen der Reagenzienkartuschen-Waschlauflvertiefungen kann den Waschlauf beeinträchtigen.
2. Geben Sie 380 ml Waschlösung in die Waschlösungsvertiefung auf der Reagenzienkartusche.
3. Geben Sie 49 ml 0,12-%iges analysenreines NaOCl in die Bleichlösungsvertiefung auf der Waschlaufl-Reagenzienkartusche.
4. Wählen Sie im Bildschirm Wash (Waschlaufl) die Option **Load wash cartridges** (Waschlauflkartuschen laden).
Die Gerätetüren werden automatisch entriegelt und das System zeigt Informationen zum Laden der Waschlauflreagenzien- und Pufferkartuschen an.
5. Entfernen Sie die benutzte Sequenzierungsreagenzienkartusche. Siehe [Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien auf Seite 85](#) für Anweisungen zum Recycling der Reagenzienkartuschen.
6. Laden Sie die Waschlaufl-Reagenzienkartusche in die rechte Position, sodass das Illumina-Etikett zu Ihnen zeigt.
7. Schließen Sie die Reagenzienfächer und die Gerätetüren.
8. Wählen Sie **Verify wash reagents** (Waschlauflreagenzien überprüfen).
9. Leeren Sie die Flaschen für benutzte Reagenzien. Weitere Informationen finden Sie unter [Leeren der Flaschen für benutzte Reagenzien auf Seite 79](#).

10. Nachdem alle Verbrauchsmaterialien geladen wurden, wählen Sie **Start wash** (Waschlauf starten). Nach dem Start des Waschlaufs werden die Gerätetüren automatisch verriegelt. Nach Abschluss des Waschlaufs werden die Türen entriegelt, und es wird wieder der Startbildschirm aufgerufen.
11. Um die Waschlauf-Reagenzienkartusche für mehrere Anwendungen instandzuhalten, spülen Sie sie zweimal mit Laborwasser ab und lagern Sie sie umgekehrt.

Leeren der Flaschen für benutzte Reagenzien

Leeren Sie vor jedem Sequenzierungs- und Wartungswaschlauf die Flaschen für benutzte Reagenzien wie nachfolgend beschrieben. Der optionale externe Abfallbehälter sammelt verbrauchte Pufferreagenzien, die sonst in die große Flasche für verbrauchte Reagenzien wandern würden. Wenn der externe Abfallbehälter installiert ist, müssen Sie den Inhalt der kleinen Flasche für Reagenzien trotzdem entleeren.

Informationen zum Recycling der benutzten Reagenzienkartusche und Pufferflaschen finden Sie unter [Recycling von benutzten Verbrauchsmaterialien auf Seite 85](#).

! | Diese Reagenzien enthalten potenziell gesundheitsschädliche Chemikalien. Personen können sich durch Einatmen, Verschlucken oder durch Kontakt mit der Haut oder den Augen verletzen. Die Belüftung sollte für den Umgang mit gefährlichen Materialien in Reagenzien geeignet sein. Tragen Sie eine dem Expositionsrisiko entsprechende Schutzausrüstung, insbesondere Schutzbrille, Handschuhe und Laborkittel. Verbrauchte Reagenzien sind als chemische Abfälle zu behandeln. Entsorgen Sie sie daher gemäß den geltenden regionalen, nationalen und lokalen Gesetzen und Vorschriften. Zusätzliche umwelt-, gesundheits- und sicherheitsbezogene Informationen finden Sie in den Sicherheitsdatenblättern (SDB) unter support.illumina.com/sds.html.

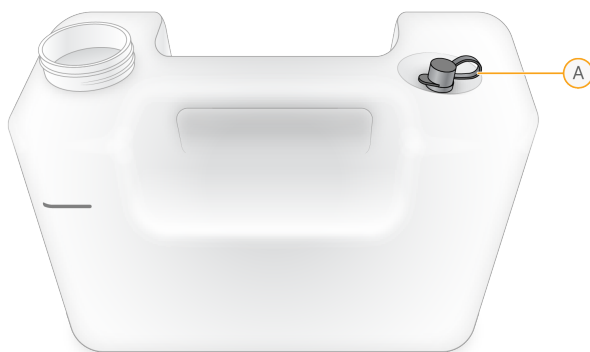
Leeren der kleinen Flasche für benutzte Reagenzien

1. Entfernen Sie die kleine Flasche für benutzte Reagenzien über die Rückseite des Fachs für benutzte Reagenzien. Fassen Sie die Flasche an den Seiten.
2. Entfernen Sie die Schraubkappe von der Kappenhalterung hinter den Flaschen für benutzte Reagenzien.
3. Verschließen Sie die Flaschenöffnung mit der Kappe, damit während des Transports nichts verschüttet werden kann.
4. Halten Sie den Inhalt vom Inhalt der großen Flasche getrennt und entsorgen Sie ihn gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften.
5. Positionieren Sie die Flasche ohne Kappe wieder in das Fach für benutzte Reagenzien. Bewahren Sie die Kappe auf der Kappenhalterung auf.



Leeren der großen Flasche für benutzte Reagenzien

1. Verwenden Sie den oberen Griff, um die große Flasche für benutzte Reagenzien über die Vorderseite des Fachs für benutzte Reagenzien zu entfernen.
2. Entfernen Sie die Schraubkappe von der Kappenhalterung hinter den Flaschen für Reagenzienabfälle.
3. Verschließen Sie die Flaschenöffnung mit der Kappe, damit während des Transports nichts verschüttet werden kann.
4. Öffnen Sie die Entlüftung (A).
Das Öffnen der Entlüftung trägt dazu bei, Verschüttungen an den Seiten der Flasche zu minimieren.



5. Entfernen Sie die Kappe von der Flaschenöffnung.

6. Entsorgen Sie den Inhalt durch die Öffnung der Flasche gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften. Halten Sie beim Entleeren beide Griffe fest.
7. Verschließen Sie die Entlüftung mit der Kappe, nachdem die Flasche geleert wurde.
8. Setzen Sie die Flasche ohne Schraubkappe mit verschlossener Entlüftung in das Abfallfach zurück. Bewahren Sie die Schraubkappe auf der Kappenhalterung auf.



9. Ziehen Sie ein neues Paar ungepuderter Handschuhe an.

Fehlerbehebung

Dieser Abschnitt enthält schrittweise Anleitungen zum Abbrechen eines Laufs, zum Herunterfahren und Neustarten des Geräts, zur Durchführung einer Systemprüfung sowie zu weiteren Fehlerbehebungsfunktionen. Weitere Informationen zu spezifischen Fehlerbehebungsproblemen finden Sie in den [NovaSeq X Series Artikeln zur Fehlerbehebung](#) auf Illumina Knowledge.

Beenden eines Laufs

Sie können einen Sequenzierungslauf am Gerät beenden. Das Beenden eines Laufs auf dem NovaSeq X Series ist endgültig. Die Software kann den Lauf nicht fortsetzen oder Sequenzierungsdaten speichern und Verbrauchsmaterialien können nicht wiederverwendet werden.

1. Navigieren Sie zum Bildschirm „Sequencing“ (Sequenzierung).
2. Wählen Sie **Cancel Run** (Lauf abbrechen), um den Lauf zu beenden.
Je nach aktuellem Status des Laufs stehen möglicherweise zusätzliche Optionen zum Abbrechen des Hochladens der Daten auf Ihren Speicherort oder zum Abbrechen der Analyse zur Verfügung.
3. Wählen Sie **Yes, cancel run** (Ja, Lauf abbrechen), um das Beenden des Laufs zu bestätigen.
Nachdem Sie den Lauf beendet haben, wird der Lauf auf der Registerkarte Completed (Abgeschlossen) mit dem Status Canceled (Abgebrochen) angezeigt.

Sekundäranalyse wieder in die Warteschlange stellen

Sie können während der Sekundäranalyse den Lauf wieder in die Warteschlange stellen, um die DRAGEN-Analyse am Gerät erneut durchzuführen. Sie können einen Lauf nicht wieder in die Warteschlange stellen, wenn ein Sequenzierungslauf läuft oder wenn die Laufdaten aus dem Gerät entfernt wurden. Weitere Informationen darüber, wie Sie eine Sekundäranalyse für einen in BaseSpace Sequence Hub geplanten Lauf anfordern können, finden Sie auf der [BaseSpace Sequence Hub Support-Website](#).

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Runs** (Läufe) und navigieren Sie dann zur Registerkarte Completed (Abgeschlossen).
3. Wählen Sie den Lauf, der wieder in die Warteschlange gestellt werden soll.
4. Wählen Sie unter secondary analysis (Sekundäranalyse) **Requeue analysis** (Analyse wieder in die Warteschlange stellen).
5. Wenn die Analyse in der Warteschlange für einen lokalen Lauf bestimmt ist, wählen Sie eine der folgenden Warteschlangenoptionen aus:

- **Requeue analysis from this run** (Analyse aus diesem Lauf zurück in die Warteschlange stellen): Zurückstellen in die Warteschlange unter Verwendung der Dateien, die im ausgewählten Lauf generiert wurden. Sie können einen Ordner auswählen, in den die in die Warteschlange gestellten Analysedateien gegeben werden sollen.
- **Requeue analysis from a sample sheet** (Zurückstellen in die Warteschlange unter Verwendung eines Probenblatts): Laden Sie ein Probenblatt hoch, um die Warteschlange zurückzustellen. Das Zurückstellen in die Warteschlange verwendet die Analysekonfigurationen, die im Probenblatt angegeben sind.

Um einen lokalen Lauf mit 12 Indexzyklen wieder in die Warteschlange zu stellen, müssen Sie die Analyse aus einem Probenblatt wieder in die Warteschlange stellen.

6. Wenn die Analyse in der Warteschlange für einen manuellen Lauf bestimmt ist, wählen Sie **Requeue analysis from sample sheet** (Zurückstellen in die Warteschlange unter Verwendung eines Probenblatts) und laden Sie ein Probenblatt hoch.
7. **[Optional]** Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Skip sample sheet validation** (Probenblattvalidierung überspringen).
Um die Validierung zu überspringen, muss das Probenblatt korrekt formatiert sein.
8. Geben Sie einen Sequenzierungsdateipfad ein.
Dieser Pfad bestimmt den externen Speicherort für den Lauf der in die Warteschlange zurückgestellten Analyse.
9. Geben Sie eine Beschreibung für das Zurückstellen in die Warteschlange in das Feld Reason (Grund) ein.
10. Wählen Sie **Requeue analysis** (Analyse wieder in die Warteschlange stellen), wenn Sie fertig sind.
11. Führen Sie eine der folgenden Aktionen durch:
 - Um eine Konfiguration aus dem Zurückstellen in die Warteschlange auszuschließen, wählen Sie **Delete** (Löschen) neben dem Konfigurationsnamen.
 - Um Konfigurationsinformationen zu ändern, wählen Sie **Edit** (Bearbeiten) neben dem Konfigurationsnamen.
 - Um zusätzliche Konfigurationen einzuschließen, wählen Sie **Add configuration** (Konfiguration hinzufügen).
12. Wählen Sie **Requeue analysis** (Analyse wieder in die Warteschlange stellen), wenn Sie fertig sind.

Dateiübertragung neu starten

Die Dateiübertragung muss gestartet worden sein, damit diese Funktion verfügbar ist. Wenn die Übertragung abgeschlossen wurde, verwenden Sie Dateiübertragung neu starten, um Dateien an einen anderen Ausgabespeicherort zu kopieren.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Runs** (Läufe) und navigieren Sie dann zur Registerkarte Completed (Abgeschlossen).
3. Wählen Sie den Lauf mit der Dateiübertragung aus, der neu gestartet werden soll.

4. Wählen Sie in den Laufdetails **Show more** (Mehr anzeigen).
5. Wählen Sie **Restart file transfer** (Dateiübertragung neu starten).
6. Wählen Sie die zu übertragenden Datendateien aus.
7. Wählen Sie einen Speicherort für den Kopierausgabeordner aus.
8. Wählen Sie **Restart** (Neu starten).

Herunterfahren bzw. Neustarten des Geräts

Wenn keine Sequenzierungsläufe oder Sekundäranalysen im Gange sind, können Sie das Gerät sicher herunterfahren oder neu starten. Softwaremeldungen zeigen an, wann das Gerät heruntergefahren und neu gestartet werden muss, um einen Fehler oder eine Warnung zu beheben. Wenn das System nicht heruntergefahren wird, wenden Sie sich an den technischen Kundendienst von Illumina.

Ausschalten des Geräts

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Shut Down** (Herunterfahren).
3. Wenn Sie dazu aufgefordert werden, wählen Sie **Yes, shut down instrument** (Ja, Gerät herunterfahren) aus.

 Um eine Beschädigung der Datenverarbeitungs-Engine zu verhindern, benutzen Sie nicht den Kippschalter auf der Rückseite des Geräts, es sei denn, Sie werden vom technischen Support von Illumina dazu aufgefordert.
4. Warten Sie nach dem Herunterfahren des Geräts ca. 15 Minuten, bevor Sie das Gerät mit der Ein-/Aus-Taste starten. Wenn die Ein/Aus-Taste pulsiert, drücken Sie sie.

Starten Sie das Gerät neu.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Restart instrument** (Gerät neu starten).
3. Wenn Sie dazu aufgefordert werden, wählen Sie **Yes, restart** (Ja, neu starten).
Der Neustart des Geräts dauert ca. 45 Minuten.
4. Melden Sie sich nach Abschluss des Neustarts und dem Laden des Betriebssystems beim System an.

Längere Ausschaltperiode

Wenn Sie das Gerät für mindestens 14 Tage ausschalten, bereiten Sie sich wie folgt auf eine längere Ausschaltperiode vor:

1. Entfernen Sie nach Abschluss des Nachwaschlaufs bitte nicht die Sequenzierungsverbrauchsmaterialien, auch nicht die verwendete Fließzelle und Reagenzienkartusche.
2. Entfernen und entsorgen Sie Abfall. Anweisungen finden Sie in [Leeren der Flaschen für benutzte Reagenzien auf Seite 79](#).
3. **[Optional]** Schalten Sie das Gerät aus. Anweisungen finden Sie in [Ausschalten des Geräts auf Seite 112](#).
4. Führen Sie vor der nächsten Sequenzierung einen Wartungswaschlauf durch. Weitere Informationen finden Sie unter [Durchführen eines Wartungswaschlaufs auf Seite 104](#).

Durchführen von Systemprüfungen

Systemprüfungen sind für den normalen Betrieb oder die Gerätewartung nicht erforderlich. Die Mitarbeiter des technischen Supports von Illumina bitten Sie jedoch möglicherweise, zu Fehlerbehebungs Zwecken Systemprüfungen durchzuführen. Anhand der Tests wird bestätigt, dass die Komponenten ordnungsgemäß ausgerichtet sind und funktionieren.

Wenn Sie eine oder mehrere Prüfungen auswählen, wird eine geschätzte Zeit bis zum Abschluss angegeben. Diese Zeit wird nach Abschluss der Prüfungen aktualisiert. Die Testergebnisse werden im Ordner `system-checks` unter `/usr/local/illumina/system-checks` ausgegeben.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **System Checks** (Systemprüfungen).
3. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen für die Systemprüfungen, die Sie durchführen möchten.
 - **Fluidik Seite A:** Überprüft die Leistung des Fluidiksystems auf Seite A.
 - **Fluidik Seite B:** Überprüft die Leistung des Fluidiksystems auf Seite B.
 - **Präzisionsbewegung:** Prüft die Bewegungsgrenzen und die Leistung des z- und des xy-Tisches.
 - **RBA-Bewegung:** Überprüft die Funktionalität des RBA-Mechanismus.

Für die Fluidik- und RBA-Bewegungsprüfungen sind Waschlauf-Verbrauchsmaterialien erforderlich.

4. Bei Durchführung einer Fluidikprüfung wird die verwendete Pufferkartusche wie folgt vorbereitet:
 - a. Leeren Sie die Pufferkartusche gemäß den in Ihrer Region geltenden Vorschriften.
 - b. Spülen Sie die mittlere Vertiefung der Pufferkartusche mit Wasser in Laborqualität.



Das Spülen der Pufferkartusche verhindert Schäden am Sensor, der während der Fluidikprüfung verwendet wird.

- c. Füllen Sie die mittlere Vertiefung zur Hälfte mit Wasser in Laborqualität.
5. Laden Sie die Waschlauf-Verbrauchsmaterialien bei Bedarf wie folgt:
 - a. Wählen Sie **Load consumables** (Laden der Verbrauchsmaterialien).
 - b. Stellen Sie sicher, dass Sie die folgenden Waschlauf-Verbrauchsmaterialien verwenden:

- Waschlauf-Fließzelle oder gebrauchte Sequenzierungsfließzelle mit 8 Lanes, die nach dem vorherigen Lauf nicht aus dem Gerät entfernt wurde
- Leere Waschlaufkartusche
- **[Nur RBA-Bewegung]** Leere Pufferkartusche
- **[Fluidik]** Vorbereitete Pufferkartusche

Wenn Sie Systemprüfungen sowohl für die RBA-Bewegung als auch für die Fluidik durchführen, verwenden Sie eine vorbereitete Pufferkartusche.

Weitere Informationen zum Laden von Waschlauf-Verbrauchsmaterialien finden Sie unter [Laden der Waschlauf-Verbrauchsmaterialien auf Seite 104](#).

- c. Wählen Sie **Back to checks** (Zurück zu Prüfungen).

6. Wählen Sie **Start checks** (Prüfungen starten).

DRAGEN-Selbsttest durchführen

Sie können einen Selbsttest durchführen, um festzustellen, ob Analysefehler als Ergebnis eines oder mehrerer Ihrer DRAGEN FPGA-Chips auftreten.

Sie können keinen Selbsttest durchführen, wenn Sie eine Analyse durchführen.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **DRAGEN**.
3. Wählen Sie auf der Registerkarte „Versions“ (Versionen) das Auslassungszeichen in der Spalte „Actions“ (Aktionen) für eine bestimmte DRAGEN-Version aus.
4. Wählen Sie **Run self test** (Selbsttest ausführen).

Der Selbsttest dauert mindestens 45 Minuten. Nachdem der Selbsttest abgeschlossen ist, zeigt eine Meldung an, ob die Version bestanden oder nicht bestanden hat.

5. Wenn der Selbsttest fehlschlägt, wählen Sie in der Spalte „Actions“ (Aktionen) das Auslassungszeichen und dann **Show self test log** (Selbsttestprotokoll anzeigen), um die Protokollinformationen zu überprüfen.

DRAGEN-Lizenz installieren

Die DRAGEN-Lizenz ist auf Ihrem Gerät vorinstalliert. Sie brauchen Ihre DRAGEN-Lizenz nicht zu installieren, es sein denn, Sie führen eine Fehlerbehebung bei Lizenzfehlern aus.

Nur Administratoren können die DRAGEN-Lizenz neu installieren.

DRAGEN-Lizenz online installieren

Wenn das NovaSeq X Series mit dem Internet verbunden ist, können Sie DRAGEN-Lizenzen direkt in der NovaSeq X Series Control Software installieren.

1. Wählen Sie in der Steuerungssoftware das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **DRAGEN**.
3. Wählen Sie auf der Registerkarte License (Lizenz) die Option **Update from license server** (Vom Lizenzserver aktualisieren).
Die aktualisierte Lizenz wird vom License Update Server (Lizenzaktualisierungsserver) abgerufen.
4. Nachdem die neue Lizenz installiert wurde, wählen Sie „Run Self Test“ (Selbsttest ausführen). Siehe [DRAGEN-Selbsttest durchführen auf Seite 114](#).

DRAGEN-Lizenz offline installieren

1. Wenn Ihre Lizenzdateien beschädigt sind, wenden Sie sich an den technischen Kundendienst von Illumina, um eine neue Lizenz zu erhalten.
2. Wählen Sie in der Steuerungssoftware das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
3. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **DRAGEN**.
4. Wählen Sie auf der Registerkarte License (Lizenz) die Option **Update from file** (Von Datei aktualisieren).
5. Navigieren Sie zur Datei Ihrer Lizenz (*.zip) und wählen Sie dann **Open** (Öffnen).
6. Nachdem die neue Lizenz installiert wurde, wählen Sie „Run Self Test“ (Selbsttest ausführen). Siehe [DRAGEN-Selbsttest durchführen auf Seite 114](#).

Prüfprotokoll überprüfen

Administratoren können das Geräteprüfprotokoll am Gerät oder auf einem Computer mit Internetverbindung überprüfen. Das Prüfprotokoll zeichnet alle Aktionen auf, die ein Benutzer auf dem System durchführt.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und dann **Audit log** (Prüfprotokoll).
3. Verwenden Sie die folgenden Filter, um die Prüfprotokoll-Ergebnisse weiter einzugrenzen:
 - **Date** (Datum): Filtern Sie Aktionen nach Datumsbereich, indem Sie das Kalendersymbol auswählen oder die Daten manuell in die Felder „From“ (Von) und „To“ (Bis) im Format JJJJ-MM-TT eingeben.
 - **Action type** (Aktionstyp): Filtern Sie nach dem durchgeführten Aktionstyp, indem Sie die Aktion in das Feld „Type“ (Typ) eingeben.
 - **User** (Benutzer): Filtern Sie nach dem Benutzer, der die Aktion durchgeführt hat, indem Sie den Namen des Benutzers in das Feld „Who“ (Wer) eingeben.
 - **Description** (Beschreibung): Filtern Sie nach zusätzlichen Details, indem Sie eine Beschreibung der Aktion in das Feld „Description“ (Beschreibung) eingeben.

4. Wählen Sie **Filter** (Filter), um Filter anzuwenden.
5. Um eine PDF-Datei des Prüfprotokolls zu exportieren, wählen Sie **Export log** (Protokoll exportieren).

Protokolle exportieren

Der technische Support von Illumina kann Protokolldateien anfordern, um beim Beheben von Problemen zu helfen. Exportieren Sie Protokolldateien wie folgt.

1. Wählen Sie das Gerätesymbol, um das globale Navigationsmenü zu öffnen.
2. Wählen Sie **Settings** (Einstellungen) und wählen Sie dann **Export logs** (Protokolle exportieren).
3. Wählen Sie die zu exportierenden Protokolldateien oder Sequenzierungsläufe aus.
Standardprotokolle sind immer im Export enthalten.
4. **[Optional]** Wählen Sie **Include image files** (Bilddateien einschließen) für die ausgewählten Sequenzierungsläufe.
5. Wählen Sie **Next** (Weiter) aus.
6. Wählen Sie den Dateiausgabeort und dann **Export** (Exportieren).

Ressourcen und Verweise

Auf den [NovaSeq X Series Support-Seiten im Internet](#) finden Sie weitere Ressourcen. Vergewissern Sie sich stets auf den Support-Websites, dass Sie über die aktuellen Versionen verfügen.

Dunkelzyklus-Sequenzierung

In diesem Abschnitt wird die Verwendung der Dunkelzyklus-Sequenzierung in der Rezeptur beschrieben.

Bei der Dunkelzyklus-Sequenzierung werden lediglich die Chemieschritte eines Sequenzierungszyklus durchgeführt. Prüfen Sie auf der [Illumina Support-Seite im Internet](#) auf der Seite Compatible Products (Kompatible Produkte) für Ihr Bibliotheksvorbereitungskit, ob Dunkelzyklus-Sequenzierung erforderlich ist.

Verwenden Sie die folgenden Schritte für die Dunkelzyklus-Sequenzierung.

1. Wenden Sie sich an den Illumina technischen Support, um die entsprechende XML-Rezepturdatei zur Bearbeitung anzufordern.
2. Bearbeiten Sie die XML-Datei mit der Rezeptur.
 - a. Navigieren Sie zum Abschnitt `<ReadDefinitions>` in der Rezeptdatei und identifizieren Sie dann die Abschnitte `<ReadDefinition Name="Read 1">` und `<ReadDefinition Name="Read 2">`.
 - b. Fügen Sie unter `<ReadDefinition Name="Read 1">` den folgenden Dunkelzyklus-Schritt vor `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read1Imaging"/>` und nach `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>` in einer neuen Zeile hinzu:

```
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>.
```
 - c. Fügen Sie in `<ReadDefinition Name="Read 2">` den Dunkelzyklus-Schritt vor `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read4Imaging"/>` und nach `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>` in eine neue Zeile ein.
3. Speichern Sie die XML-Rezepturdatei.

Im Folgenden finden Sie ein Beispiel für eine Rezeptur mit dem Dunkelzyklus-Schritt:

```

...
<ReadDefinitions>
<ReadDefinition Name="Read 1">
<CycleStepCollection Name="Cycle1" Cycles="1">
<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>
<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read1Imaging"/>
</CycleStepCollection>
<CycleStepCollection Name="CompleteCycle" Cycles="read1cycles-1">
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>
<ImagingRef ImagingName="CompleteCycleImaging" />
</CycleStepCollection>
</ReadDefinition>
...
<ReadDefinition Name="Read 2">
<CycleStepCollection Name="Cycle1" Cycles="1">
<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>
<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read4Imaging" />
</CycleStepCollection>
<CycleStepCollection Name="CompleteCycle" Cycles="read2cycles-1">
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>
<ImagingRef ImagingName="CompleteCycleImaging" />
</CycleStepCollection>
</ReadDefinition>
</ReadDefinitions>
...

```

Ressourcen Probenblatt v2

Weitere Informationen zur Verwendung von v2-Probenblattdateien (*.csv) mit Illumina-Geräten, -Plattformen und -Analysepipelines finden Sie auf der [Support-Webseite Ressourcen Probenblatt v2](#).

Versionsverlauf

Dokument	Datum	Beschreibung der Änderung
Dokument-Nr. 200027529 v10	Mai 2026	Folgende Informationen wurden hinzugefügt: • Warnung zu entflammbarem Kältemittel • Warnung zu Kennworteinstellungen • Anweisungen zum gestaffelten Start • Anweisungen zum Software Update Manager • Anweisungen zum Exportieren von Protokollen • Zusätzliche Geräteeinstellungen für Bibliotheksröhrchendiskrepanzen, Standard-Read-Längen bei manuellen Läufen, automatische Erkennung von Indexinformationen und Ausgabedatei-Einstellungen für den Lauf. • Katalognummern für NovaSeq X Series 5-B-Reagenzienkits (300 Zyklen, 200 Zyklen, 100 Zyklen) • Katalognummer für NovaSeq X Series 1,5-B-Reagenzienkit (600 Zyklen) • Informationen zum selbstverschlüsselnden Laufwerk • Manifestdateispeicherort in der Ausgabeordnerstruktur • Beispieldatenausgabe für jeden Fließzellentyp • Verweis auf Fehlerbehebungsdetails auf Illumina Knowledge • Verweise auf das Illumina Product Security Portal Folgende Informationen wurden aktualisiert: • Die obere Temperaturgrenze für Umgebungsspezifikationen wurde auf 25 °C geändert. • Der Q-Score für qualitativ hochwertige Base-Calls wurde auf 41 geändert. • UPS-Spezifikationen und länderspezifische Modelle • Anweisungen für die Verbindung mit der Remote-Gerätekontrollsoftware, einschließlich der Installation eines CA-Zertifikats • Anweisungen zum Laden von Bibliotheksröhrchenstreifen, um sicherzustellen, dass die Volumina in den Probenvertiefungen konsistent sind • Anweisungen zum Starten eines Laufs, um die Änderungen an der Benutzeroberfläche widerzuspiegeln • Anweisungen zum Leeren von Flaschen für benutzte Reagenzien zur Klarstellung • Anweisungen für Systemprüfungen mit seitenspezifischen Fluidikprüfungen

Dokument	Datum	Beschreibung der Änderung
Dokument-Nr. 200027529 v09	Juni 2025	Aktualisierte Anleitung zur Reinigung der Fließzelle und des Fließzellentisches vor dem Laden von Verbrauchsmaterialien. Administratorberechtigungen geklärt. Korrektur des Q-Scores für die Gruppe von geringer Qualität auf 9.
Dokument-Nr. 200027529 v08	November 2024	Folgende Informationen wurden hinzugefügt: • Vertiefungspositionen, die Formamid enthalten • Informationen für das NovaSeq X Sequenzierungssystem im Vergleich zum Novaseq X Plus Sequenzierungssystem • NovaSeq X Series 25-B-Reagenzienkit (200 Zyklen, 100 Zyklen) – Teilenummern • Einschränkungen bei der Verwendung der Waschlaufließzelle • Verwendung von Kontrollkästchen für anwendungsspezifische Primer bei der Laufeinrichtung • Durchführen einer Systemprüfung • Aktivieren von Firewall-Einstellungen zur Unterstützung von Fernzugriffsfunktionen • Löschen sekundärer Analysedateien nach der Übertragung • Hochladen von sekundären Zwischendateien (BAM/CRAM/FASTQ) in die Cloud • Dateiübertragung wird neu gestartet Folgende Informationen wurden aktualisiert: • Anzahl der unterstützten Analyseanwendungs- und Referenzgenomkombinationen aktualisiert auf 12 mit 32 unterstützten Kit- oder Einstellungskonfigurationen • Anweisungen zu Netzwerkeinstellungen • Starten Sie die Anweisungen neu, um die neue Funktion zu berücksichtigen • Detaillierte Informationen zu den Ausgabedateien der DRAGEN-Sekundäranalyse, der Ausgabeordnerstruktur und den Analyseinstellungen wurden durch Verweise auf die Support-Site für weitere Informationen ersetzt • Anweisungen zum Deaktivieren des FSE-Zugriffs entfernt

Dokument	Datum	Beschreibung der Änderung
Dokument-Nr. 200027529 v07	Juni 2024	Anleitung zum Herunterfahren des Geräts aktualisiert. Anweisungen zu den Netzwerkeinstellungen hinzugefügt. Denaturierungs- und Verdünnungsanweisungen in den Denaturierungs- und Verdünnungsprotokollgenerator verschoben. Neustrukturierte Anweisungen für die Planung eines Laufs.
Dokument-Nr. 200027529 v06	März 2024	Warnung zu beweglichen Teilen hinzugefügt.
Dokument-Nr. 200027529 v05	Oktober 2023	Der Bereich der Umgebungsspezifikationen für die relative Luftfeuchtigkeit wurde aktualisiert. Aktualisierte Qualitätsbewertungen für geringfügige, mittlere und hochwertige Base-Calls. Die Aussage, dass die optimale Ladekonzentration für identische Bibliothekstypen gilt, wurde entfernt. Anweisungen zur Konfiguration der Analyse von DRAGEN Somatic und DRAGEN Methylation wurden hinzugefügt.
Dokument-Nr. 200027529 v04	Oktober 2023	Aktualisiert für NovaSeq X Series 25-B-Reagenzien-Kit und NovaSeq X Series 1,5-B-Reagenzien-Kit. Aktualisierung der Anweisungen zur Analyse in der Warteschlange im Gerät. Aktualisierung der Anweisungen zum Aus- und Einschalten. Diese enthalten nun eine erweiterte Anleitung zum Herunterfahren. Aktualisierung der Benutzerberechtigungen. Informationen zur Unterstützung mehrerer Versionen von DRAGEN wurden hinzugefügt. Ausgabeinformationen für DRAGEN Methylation und DRAGEN Somatic wurden hinzugefügt. Anweisungen für neue Systemkonfigurationseinstellungen wurden hinzugefügt. Anweisungen für die Konfiguration des Gerätenetzwerks wurden entfernt.

Dokument	Datum	Beschreibung der Änderung
Dokument-Nr. 200027529 v03	Juni 2023	Aktualisierung des Wartungswaschlaufs. Aktualisierung der Benutzerberechtigungen. Aktualisierung der NCC-Compliance in Taiwan und der Compliance in Korea. Aktualisierung der Anweisungen zum Aus- und Einschalten. Aktualisierung der IP-Konfigurationseinstellungen. Aktualisierung der Leitlinien zur Denaturierung und Verdünnung. Manueller Betriebsmodus mit lokaler Analyse hinzugefügt. Anweisungen zum Erneuern von TLS-Zertifikaten und zum Hinzufügen eines Netzwerkzeitprotokollservers hinzugefügt. Anweisungen zur Installation von DRAGEN Versionen hinzugefügt. Anleitung zum erneuten Einfrieren aufgetauter Verbrauchsmaterialien hinzugefügt.
Dokument-Nr. 200027529 v02	Februar 2023	Folgende Informationen wurden für NovaSeq X Plus hinzugefügt: • Protokoll • Hardwarekomponenten • Verbrauchsmaterialien und Ausstattung • Software- und Systemeinstellungen • Anwendungsspezifische Primer • Sequenzierungs-Ausgabedateien und Struktur • Wartung und Fehlerbehebung • Japan – Compliance Folgende Informationen wurden aktualisiert: • Laser-Sicherheitshinweise • Inhalt der Transportkiste und Lieferanforderungen • Anforderungen an die Netzwerkverbindung
Dokument-Nr. 200027529 v01	November 2022	Abmessungen für Sequenzierungs-Verbrauchsmaterialien-Boxen hinzugefügt. Verdeutlichung der RFID-Positionen und Anweisungen zum Öffnen der Lyo-Rasteinsatz-Abdeckung. Verdeutlichung der Abmessungen und Netzwerkanforderungen des Geräts.
Dokument-Nr. 200027529 v00	September 2022	Erste Version.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
92122 San Diego, California, USA
+1.800.809.ILMN (4566)
+1.858.202.4566 (außerhalb von Nordamerika)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.

© 2026 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten.

illumina®