



NovaSeq X Series

Documentación del producto

PROPIEDAD EXCLUSIVA DE ILLUMINA

N.º de documento 200027529 v10

Mayo de 2026

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.

Este documento y su contenido son propiedad exclusiva de Illumina, Inc. y sus empresas vinculadas ("Illumina"), y están previstos solamente para el uso contractual de sus clientes en relación con el uso de los productos descritos en él y no para ningún otro fin. Este documento y su contenido no se utilizarán ni distribuirán con ningún otro fin ni tampoco se comunicarán, divulgarán ni reproducirán de ninguna otra forma sin el consentimiento previo por escrito de Illumina. Illumina no transfiere mediante este documento ninguna licencia bajo sus derechos de patente, marca comercial, autor ni consuetudinarios o derechos similares de terceros.

Para garantizar el uso correcto y seguro de los productos descritos en este documento, el personal cualificado y adecuadamente capacitado debe seguir las instrucciones incluidas en él de manera rigurosa y expresa. Se debe leer y entender por completo todo el contenido de este documento antes de usar estos productos.

SI NO SE LEE COMPLETAMENTE EL DOCUMENTO Y NO SE SIGUEN EXPRESAMENTE TODAS LAS INSTRUCCIONES DESCRITAS EN ESTE, PODRÍAN PRODUCIRSE DAÑOS EN EL PRODUCTO, LESIONES PERSONALES (TANTO EN LOS USUARIOS COMO EN OTRAS PERSONAS) Y DAÑOS EN OTROS BIENES, Y QUEDARÁ ANULADA TODA GARANTÍA APLICABLE AL PRODUCTO.

ILLUMINA NO ASUME RESPONSABILIDAD ALGUNA DERIVADA DEL USO INCORRECTO DE LOS PRODUCTOS AQUÍ DESCRITOS (LO QUE INCLUYE LAS PIEZAS O EL SOFTWARE).

© 2026 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea obtener información concreta sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.

Índice

Cumplimiento y seguridad	1
Consideraciones de seguridad y marcas	1
Marcas normativas y de cumplimiento del producto	4
Descripción general del sistema	7
Descripción general de la secuenciación	7
Flujo de trabajo de secuenciación	9
Componentes del instrumento	9
Software integrado	13
Preparación del centro	20
Requisitos del laboratorio	21
Preparación del laboratorio para procedimientos de PCR	24
Requisitos eléctricos	24
Sistema de alimentación ininterrumpida	28
Consideraciones medioambientales	29
Conexiones de red	32
Seguridad	34
Consumibles y equipos	35
Consumibles de secuenciación	35
Consumibles y equipos suministrados por el usuario	42
Configuración del sistema	45
Cuentas de usuario	46
Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive	50
Ajustes de red	51
Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada	53
Administración de aplicaciones de DRAGEN	55
Importación de archivos de recursos	56
Importación de kits de adaptadores de índice y de preparación de genotecas personalizadas	58
Personalización de los ajustes del sistema	59
Cebadores personalizados	61
Preparación y adición de cebadores personalizados	62
Protocolo	64

Planificación de un experimento de secuenciación	64
Descongelación de consumibles	68
Genotecas de desnaturalización y dilución	70
Carga del inserto liofilizado y la gradilla de tubos de la genoteca	71
Inicio de un experimento de secuenciación	72
Carga de los consumibles	76
Comprobaciones previas al experimento	81
Supervisión del progreso del experimento	81
Inicio escalonado de experimentos	83
Inicio y cierre de sesión	84
Reciclaje de los consumibles utilizados	85
Resultados de secuenciación	91
Real-Time Analysis	91
Archivos de resultados de secuenciación	93
Estructura de la carpeta de resultados	93
Generación y almacenamiento de datos	94
Informes de análisis secundarios de NovaSeq X Series	95
Mantenimiento	97
Liberación de espacio en el disco duro	97
Actualizaciones de software	98
Instalación o desinstalación de versiones de DRAGEN	101
Sustitución del filtro de aire	102
Mantenimiento preventivo	103
Realización de un lavado de mantenimiento	104
Solución de problemas	110
Finalización de un experimento	110
Recolocación del análisis secundario en la cola	110
Reiniciar transferencia de archivos	111
Apagado o reinicio del instrumento	112
Realización de comprobaciones del sistema	113
Realización de una prueba automática de DRAGEN	114
Instalación de la licencia de DRAGEN	114
Revisión del registro de auditoría	115
Exportar registros	116
Recursos y referencias	117
Secuenciación mediante ciclo de oscuridad	117

Recursos de las hojas de muestras v2	118
Historial de revisiones	119

Cumplimiento y seguridad

Esta sección proporciona información de seguridad importante relativa a la instalación, el mantenimiento y el funcionamiento de los sistemas de secuenciación. En esta sección, se incluyen enunciados sobre el cumplimiento y los aspectos normativos del producto. Lea esta sección antes de realizar cualquier procedimiento en el sistema.

El país de origen y la fecha de fabricación del sistema se muestran impresos en la etiqueta del instrumento.

Consideraciones de seguridad y marcas

En esta sección se identifican los peligros potenciales asociados a la instalación, el mantenimiento y el funcionamiento del instrumento. No utilice el instrumento ni interactúe con este de manera que le exponga a cualquiera de estos peligros.

Advertencias de seguridad general

Asegúrese de que todo el personal haya recibido formación sobre el funcionamiento correcto del instrumento y sobre cualquier posible consideración de seguridad.



Siga todas las instrucciones de funcionamiento cuando trabaje en las zonas marcadas con esta etiqueta con el fin de reducir al mínimo los riesgos para el personal o el instrumento.

Advertencia de seguridad mecánica



Piezas móviles: El instrumento tiene piezas móviles motorizadas que pueden aplastar o cortar. Manténgase alejado cuando los componentes estén en movimiento.

Advertencia de refrigerante inflamable

El sistema de refrigeración que contiene este instrumento no puede ser reparado por el usuario. El personal autorizado del fabricante debe realizar cualquier reparación.



Asegúrese de que las aberturas de ventilación no estén obstruidas.

Riesgo de incendio o explosión. Deseche correctamente de conformidad con las normativas federales y locales. Refrigerante inflamable utilizado.

Este equipo está diseñado para su uso en instalaciones comerciales, industriales o institucionales según se define en la Norma de seguridad para sistemas de refrigeración, ANSI/ASHRAE 15.



Gas extremadamente inflamable. Contiene gas bajo presión; puede explotar si se calienta. Manténgalo alejado del calor, chispas, llamas abiertas y superficies calientes. No fumar.

Fuego de fugas de gas: No lo extinga a menos que la fuga se pueda detener de forma segura. Elimine todas las fuentes de ignición si es seguro hacerlo. Almacene el producto en un lugar bien ventilado.

Advertencia de seguridad del láser



Los NovaSeq X Series son productos láser de clase 1 que incluyen dos láseres de clase 4.

Los láseres de clase 4 presentan riesgo ocular por reflexión directa y difusa. Evite la exposición de los ojos o la piel a la radiación láser de clase 4 directa o reflejada. Los láseres de clase 4 pueden provocar la combustión de materiales inflamables, además de quemaduras y lesiones graves en la piel como consecuencia de la exposición directa.

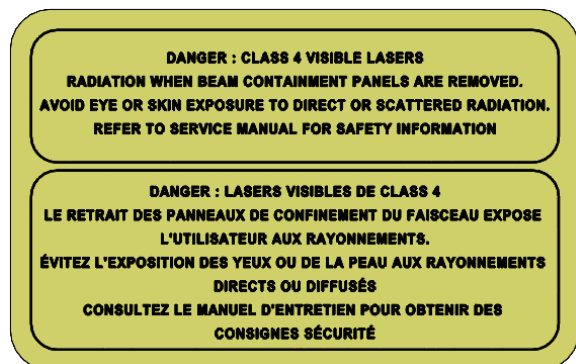
Cuando se abre el compartimento de la celda de flujo o se retira el interbloqueo de sellado del haz, los conmutadores de interbloqueo de seguridad bloquean el haz del láser.

Figura 1 Advertencias sobre el láser de clase 4





Figura 2 Etiqueta de advertencia láser del ingeniero de servicio de campo (FSE) de Illumina



Toma a tierra de protección



El instrumento se conecta a una toma a tierra de protección a través de la carcasa.

La toma a tierra de seguridad del cable de alimentación devuelve la toma a tierra de protección a una referencia segura. La conexión de toma a tierra de protección del cable de alimentación debe estar en condiciones óptimas de funcionamiento cuando se utilice este dispositivo.

Advertencia de seguridad de superficie caliente



No utilice el instrumento si se ha retirado alguno de los paneles.

No toque la estación de temperatura del compartimento de la celda de flujo. El calentador utilizado en esta zona suele tener una temperatura controlada que va de una temperatura ambiente (22 °C) a 60 °C. La exposición a temperaturas en el extremo superior de este intervalo puede provocar quemaduras.

Advertencia de seguridad de objeto pesado



El instrumento pesa aproximadamente 722 kg (1591 lb) en el envío y aproximadamente 588 kg (1296 lb) una vez instalado, y podría provocar lesiones graves si se cae o se maneja de forma indebida.

No utilice el instrumento si se ha retirado alguno de los paneles. No toque ninguna pieza móvil dentro del instrumento.

Marcas normativas y de cumplimiento del producto

Declaración de conformidad simplificada

Por el presente documento, Illumina, Inc. declara que el NovaSeq X Series cumple las siguientes directivas:

- Directiva de compatibilidad electromagnética [2014/30/UE]
- Directiva de baja tensión [2014/35/UE]
- Directiva de equipos radioeléctricos [2014/53/UE]

Por el presente documento Illumina, Inc. declara que el servidor informático cumple las siguientes directivas:

- Directiva de restricción de sustancias peligrosas (RoHS) [2011/65/EU] modificada por EU 2015/863

El texto completo de la declaración de conformidad con las normativas de la UE se encuentra disponible en la dirección siguiente de Internet: support.illumina.com/certificates.html.

Restricción de sustancias peligrosas (RoHS)



Esta etiqueta indica que el instrumento cumple la directiva sobre residuos de aparatos eléctricos y electrónicos (RAEE).



Visite support.illumina.com/weee-recycling.html para obtener instrucciones sobre el reciclado del equipo.

Exposición humana a radiofrecuencia

Este equipo cumple los límites máximos de exposición permitida (MPE) para la población general de acuerdo con el artículo 47 de la CFR § 1.1310, tabla 1.

Este equipo cumple los límites de exposición humana a campos electromagnéticos (CEM) para dispositivos que funcionen dentro del intervalo de frecuencia de 0 Hz a 10 GHz, que se emplea en la identificación de radiofrecuencia (RFID) dentro de un entorno laboral o profesional. (EN 50364:2010, sección 4.0)

Para más información sobre el cumplimiento de la RFID, consulte *Guía de cumplimiento del lector de RFID* (n.º de documento 1000000002699).

Consideraciones sobre la compatibilidad electromagnética

Este equipo se ha diseñado y probado de conformidad con la norma CISPR 11, clase A. En un entorno doméstico, podría producir perturbaciones radioeléctricas. Si esto ocurriera, podría tener que mitigarlas.

No utilice el dispositivo cerca de fuentes de radiación electromagnética intensa, ya que pueden interferir en el funcionamiento correcto del sistema.

Declaraciones reglamentarias y de cumplimiento

Cumplimiento de las normas de la FCC

Este dispositivo cumple el artículo 15 de las normas de la FCC. El funcionamiento está sujeto a estas dos condiciones:

1. Este dispositivo no puede causar interferencias dañinas.
2. Este dispositivo debe aceptar cualquier interferencia recibida, incluidas aquellas que puedan derivar en un funcionamiento no deseado.

 Los cambios o las modificaciones realizados en esta unidad que no haya aprobado de manera expresa la parte responsable del cumplimiento normativo podrían anular la autorización del usuario para utilizar el equipo.

 Este equipo se ha probado y se ha determinado que cumple los límites de un dispositivo digital de clase A conforme al artículo 15 de las normas de la FCC. Estos límites se han diseñado para ofrecer una protección adecuada frente a interferencias perjudiciales cuando el equipo se utilice en un entorno comercial.

Este equipo genera, utiliza y puede irradiar energía de radiofrecuencia y, si no se instala ni utiliza de acuerdo con el manual del instrumento, puede causar interferencias perjudiciales en las comunicaciones por radio. Es probable que el funcionamiento de este equipo en una zona residencial produzca interferencias perjudiciales, en cuyo caso se solicitará a los usuarios que corrijan dichas interferencias por sus propios medios.

Cables apantallados de acuerdo con la FCC

Con esta unidad, debe utilizar cables apantallados para garantizar el cumplimiento de los límites de la clase A de la FCC.

Cumplimiento de las normas de la IC

Este aparato digital de clase A cumple todos los requisitos de la normativa canadiense relativa a equipos que producen interferencias.

Este dispositivo cumple las normas de RSS para dispositivos exentos de licencia de Industry Canada. El funcionamiento está sujeto a estas dos condiciones:

1. Este dispositivo no puede causar interferencias.
2. Este dispositivo debe aceptar cualquier interferencia, incluidas aquellas que puedan derivar en un funcionamiento no deseado del dispositivo.

Cumplimiento de las normas de Corea

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.

Cumplimiento de las normas de Tailandia

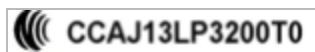
Este equipo de telecomunicaciones cumple los requisitos técnicos de NTC/NBTC.

Cumplimiento de las normas de Nigeria

La Comisión de Comunicaciones de Nigeria permite la conexión y el uso de este equipo de comunicaciones.

Cumplimiento de las normas NCC de Taiwán

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。

Cumplimiento de las normas de Japón

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。

Descripción general del sistema

La serie NovaSeq™ X incluye Sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus. Esta sección ofrece una descripción general de los sistemas, lo que incluye información del hardware, el software, el análisis de datos y la gestión de experimentos. Para obtener especificaciones detalladas, hojas de datos, aplicaciones y productos relacionados, consulte la [página del sitio de asistencia de NovaSeq X Series](#).

Prestaciones

- Alto rendimiento y precisión
 - Proporciona información genómica significativa a escala mediante secuenciación de última generación (NGS) de alto rendimiento.
 - Utiliza el proceso químico XLEAP-SBS, una actualización del proceso químico Illumina SBS.
 - Permite realizar un análisis completo y eficiente de los datos de NGS mediante procesos de análisis de datos facilitados por DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina.
- Productividad
 - Permite múltiples configuraciones de celdas de flujo para generar entre ~165 Gb y 16 Tb de datos de secuenciación y hasta 104 000 millones de lecturas de extremos emparejados por experimento. Los resultados se pueden ajustar para adaptarse a las necesidades del flujo de trabajo de secuenciación.
 - Proporciona flujos de trabajo de análisis de datos y compresión de datos sin pérdidas con tecnología de DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina en el propio sistema y basados en la nube.
- Sostenibilidad
 - Se envía a temperatura ambiente (sin bolsas de hielo ni hielo seco) utilizando reactivos liofilizados, lo que reduce el volumen del cartucho, el peso de embalaje y la cantidad de materiales de envío utilizados.
 - Reduce la masa plástica del instrumento al proporcionar plásticos reciclables y cartuchos de tampones fabricados con biopolímeros de origen vegetal.

Descripción general de la secuenciación

La información siguiente incluye datos adicionales sobre el flujo de trabajo de secuenciación de Sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus.

Generación de grupos

Durante la generación de grupos, las moléculas únicas de ADN se unen a la superficie de la celda de flujo¹ y, a continuación, se amplifican para formar grupos.

Secuenciación

Se adquieren imágenes de los grupos con procesos químicos de dos canales, un canal verde y un canal azul, para codificar los datos para los cuatro nucleótidos. Tras la adquisición de imágenes de una placa en la celda de flujo, se procede a la adquisición de imágenes de la placa siguiente. El proceso se repite para cada ciclo de secuenciación (5 minutos aproximadamente por ciclo).

Análisis principal

Después del análisis de imágenes, el software Real-Time Analysis (RTA4) ejecuta las llamadas de bases², el filtrado y la puntuación de calidad³. A medida que el experimento avanza, el NovaSeq X Series Control Software transfiere de forma automática archivos de llamadas de bases⁴ (*.CBCL) a la ubicación de salida especificada para el análisis de los datos. Para ver las métricas de calidad generadas por RTA4 en tiempo real, use el NovaSeq X Series Control Software, Sequencing Analysis Viewer (SAV) o BaseSpace Sequence Hub.

El análisis secundario comienza una vez finalizada la secuenciación. El método de análisis de datos secundario depende de la configuración del sistema y de la aplicación.

Análisis secundario

BaseSpace Sequence Hub y Illumina Connected Analytics (ICA) son los entornos informáticos basados en la nube de Illumina para el análisis de datos, el almacenamiento y la supervisión de experimentos. La supervisión de experimentos solo es visible en el BaseSpace Sequence Hub. BaseSpace Sequence Hub aloja las aplicaciones DRAGEN y BaseSpace Sequence Hub, que admiten métodos de análisis comunes para la secuenciación. Illumina Connected Analytics aloja DRAGEN para los procesos ICA. Puede utilizar procesos ICA prediseñados o crear procesos personalizados utilizando sus datos de secuenciación y análisis.

¹Un portaobjetos de vidrio con carriles separados físicamente. Los carriles están recubiertos de oligonucleótidos complementarios a las secuencias del adaptador de la genoteca, lo que permite que la genoteca se adhiera para un experimento de secuenciación.

²Determinación de una base (A, C, G o T) para cada grupo de una placa determinada en un ciclo específico.

³Permite predecir la probabilidad de obtener una llamada de bases incorrecta. Una puntuación Q alta indica una llamada de bases fiable.

⁴Contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad asociada para cada grupo de cada ciclo de secuenciación.

Si se analizan datos de secuenciación en la nube, los datos CBCL se cargan automáticamente en la nube y estarán disponibles en el BaseSpace Sequence Hub y ICA. El análisis comienza automáticamente una vez que se completa la carga de datos.

Si está realizando el análisis de los datos de secuenciación de forma local, el análisis secundario de DRAGEN se realiza en el instrumento y los archivos de resultados se almacenan en una carpeta de resultados seleccionada.

- Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la [página de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).
- Para obtener más información sobre DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina, consulte la [página de asistencia de DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina](#) y las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).
- Para obtener más información sobre Illumina Connected Analytics, consulte la [página de asistencia de Illumina Connected Analytics](#).
- Para ver una descripción general de todas las aplicaciones, consulte [Aplicaciones del BaseSpace Sequence Hub](#).

Flujo de trabajo de secuenciación

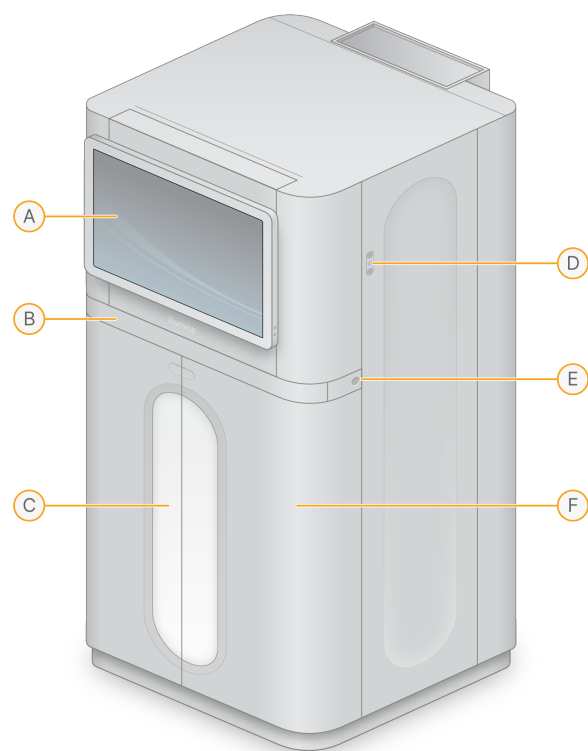
El diagrama siguiente ilustra el protocolo de secuenciación para el NovaSeq X Series.



Componentes del instrumento

El sistema NovaSeq X Series consta de un monitor de pantalla táctil, una barra de estado, un botón de encendido con puertos USB adyacentes y compartimentos de consumibles.

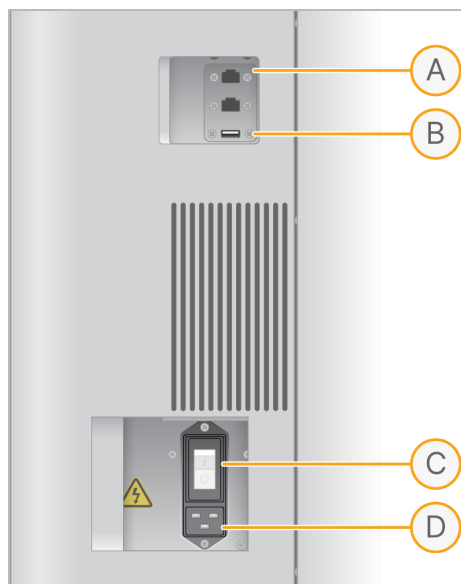
Componentes externos



- A. **Monitor con pantalla táctil:** permite la configuración integrada en el instrumento y el ajuste mediante el uso de la interfaz de NovaSeq X Series Control Software. Para ajustar la altura del monitor de pantalla táctil, use los botones situados en el lateral del monitor.
- B. **Bandeja del teclado y panel táctil:** bandeja extensible para el teclado y el panel táctil. Empuje la bandeja hacia dentro para abrirla.
- C. **Barra de estado:** el color de la luz progresa a medida que el sistema avanza por el flujo de trabajo. El azul indica carga de consumibles, el azul y el violeta indican comprobaciones previas al experimento y el multicolor indica secuenciación. Un color rojo fijo indica errores críticos. El rojo y el blanco indican otros errores.
- D. **Puertos USB 2.0 (3):** proporcionan acceso a las conexiones USB para los componentes periféricos.
- E. **Botón de encendido:** controla el encendido del instrumento e indica si el sistema está activado (encendido), desactivado (apagado) o desactivado con alimentación de CA (parpadea).
- F. **Compartimento de líquidos:** contiene cartuchos de reactivos y de tampones, y botellas para los reactivos usados.

Conexiones de alimentación y auxiliares

La parte posterior del instrumento cuenta con dos puertos Ethernet para una conexión Ethernet, y el interruptor y la entrada que controla la alimentación al instrumento. Utilice el puerto USB 2.0 para conectar el SAI.



- A. **Puertos Ethernet (2):** conexión opcional del cable Ethernet.
- B. **Puerto USB 2.0:** conexión USB para el SAI.
- C. **Interruptor de alimentación:** enciende y apaga el instrumento.
- D. **Entrada de alimentación:** conexión del cable de alimentación.

Compartimento de la celda de flujo

El compartimento de la celda de flujo contiene la platina de la celda de flujo, que incluye la celda de flujo A en el lado izquierdo y la celda de flujo B en el derecho. El compartimento está ubicado detrás del monitor del instrumento. Al cargar la celda de flujo, el Software de control eleva automáticamente el monitor.

Un objetivo de alineación óptica montado sobre la platina de la celda de flujo diagnostica y corrige los problemas ópticos. Cuando el Software de control así lo indica, el objetivo de alineación óptica alinea de nuevo el sistema y ajusta el enfoque de la cámara con el fin de mejorar los resultados de secuenciación.

El Software de control controla la apertura y el cierre de la puerta del compartimento de la celda de flujo. La puerta se abre automáticamente para cargar una celda de flujo.

⚠ | El instrumento incluye puntos de agarre. Las piezas móviles pueden aplastar o cortar. Manténgase alejado de la puerta móvil.

Después de la carga, el software cierra la puerta del compartimento, mueve la celda de flujo a su sitio, sella al vacío y acopla las abrazaderas. Los sensores verifican la presencia y la compatibilidad de la celda de flujo.

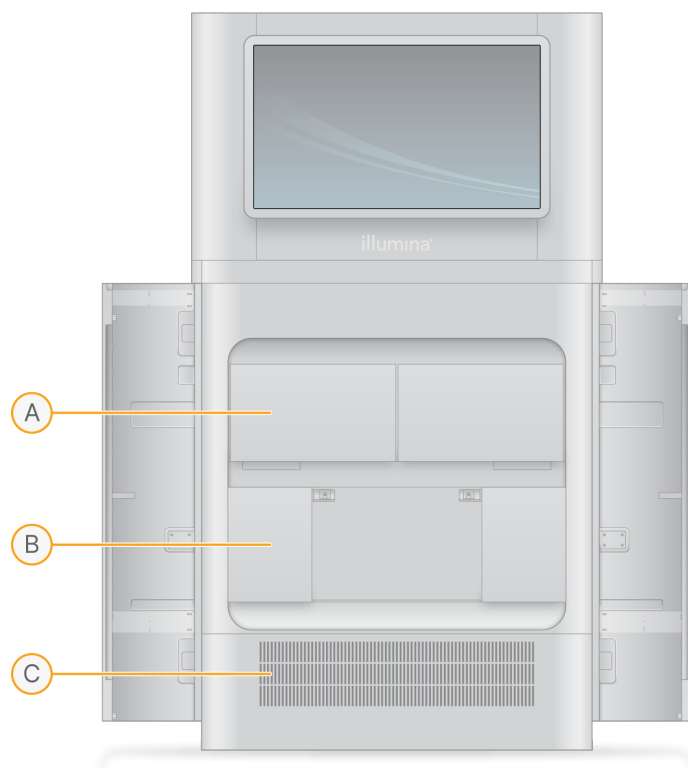
Compartimento de líquidos

Para iniciar un experimento, hay que acceder al compartimento de líquidos para cargar reactivos y tampones, y vaciar las botellas de reactivos usados. El compartimento de líquidos, que se divide en dos lados iguales para el lado A y el lado B, se cierra con dos puertas.

El filtro de aire cubre el ventilador en el cajón inferior de la parte delantera del instrumento. Mantenga la parte delantera del instrumento despejada de obstrucciones y el suelo limpio para evitar que se obstruya el filtro de aire. Consulte [Preparación del centro, en la página 20](#) para obtener más información sobre la colocación.

Los cajones tienen luces interiores que indican cuándo retirar los cartuchos y botellas usados. Las luces se apagan después de cerrar los cajones.

Las puertas del instrumento se desbloquean automáticamente al cargar la secuenciación o los consumibles de lavado durante la configuración de lavado de mantenimiento o del experimento. Cuando el instrumento no está secuenciando, puede desbloquear manualmente las puertas del instrumento para cambiar el filtro de aire o para vaciar los residuos de reactivos fuera de la configuración del experimento. Para obtener más información, consulte [Sustitución del filtro de aire, en la página 102](#).



- A. **Cajones de reactivos:** contienen los cartuchos de tampones y reactivos.
- B. **Cajón de reactivos usados:** contiene las botellas de reactivos usados grande y pequeña.
- C. **Compartimento del filtro de aire:** ofrece acceso al filtro de aire que se puede sustituir.

Reactivos usados

El sistema de fluídica está diseñado para enviar los reactivos de los cartuchos de reactivos, que son potencialmente peligrosos, a la botella pequeña de reactivos usados. Los reactivos del cartucho de tampones pasan a la botella grande de reactivos usados. Sin embargo, puede producirse contaminación cruzada entre los flujos de reactivos usados. Por motivos de seguridad, se presupone que ambas botellas de reactivos usados contienen sustancias químicas potencialmente peligrosas. Para obtener información detallada de la composición química, consulte la hoja de datos de seguridad (SDS) en support.illumina.com/sds.html.

Software integrado

El paquete de software del sistema incluye aplicaciones integradas que realizan experimentos de secuenciación y análisis.

- **NovaSeq X Series Control Software:** controla el funcionamiento del instrumento y ofrece una interfaz para configurar el sistema, configurar un experimento de secuenciación, supervisar las estadísticas del experimento conforme avanza la secuenciación y ver los datos de DRAGEN. Puede acceder al Software de control en el instrumento o a través de un ordenador conectado a una red local.
- **Real-Time Analysis (RTA4):** lleva a cabo el análisis de imágenes y la llamada de bases durante el experimento. Para obtener más información, consulte [Real-Time Analysis, en la página 91](#).
- **Universal Copy Service (UCS):** copia archivos de resultados en la carpeta de resultados durante un experimento. Si es aplicable, el servicio también transfiere datos a BaseSpace Sequence Hub o Illumina Connected Analytics (ICA).
- **DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina:** realiza análisis secundarios acelerados por hardware para un menú selecto de aplicaciones.

El NovaSeq X Series Control Software es interactivo y ejecuta procesos en segundo plano automatizados. RTA4 y UCS solo ejecutan procesos en segundo plano.

Información del sistema

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione el icono **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **About** (Acerca de) para ver la información de contacto de Illumina y la información siguiente del sistema:
 - Versión de NovaSeq X Series Control Software
 - Nombre del ordenador

- Versión de la imagen del sistema operativo (SO)
- Número de serie del instrumento
- Recuento total de experimentos

Notificaciones y alertas

Para ver todas las notificaciones del sistema, haga lo siguiente.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Notifications** (Notificaciones).

La pantalla Notifications (Notificaciones) contiene las siguientes pestañas:

- **Errors and warning history** (Historial de errores y advertencias): muestra una lista de errores y advertencias históricos.
- **Notifications** (Notificaciones): muestra una lista de notificaciones actuales.

Cuando se produce un error o advertencia, el NovaSeq X Series Control Software muestra una alerta durante la acción.

- Los errores críticos del sistema requieren atención inmediata para apagar el instrumento y ponerse en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina con el fin de obtener ayuda.
- Los errores del sistema no críticos requieren una acción antes de iniciar o continuar con el experimento. Dependiendo del error, el NovaSeq X Series Control Software indica la acción adecuada para resolver el error.
- Las advertencias no requieren actuar antes de iniciar o continuar con el experimento. Cuando se produce una advertencia, el NovaSeq X Series Control Software indica la acción adecuada para resolver la advertencia.
- Las notificaciones proporcionan información sobre eventos que no están relacionados con la acción actual. El número de notificaciones actuales se muestra en el icono Notifications (Notificaciones) del menú de navegación global. Descarte las notificaciones o resuelva la notificación en la pestaña Notifications (Notificaciones).

Minimización o salida del software de control

Minimice o salga del software de control para acceder a otras aplicaciones. Por ejemplo, para acceder a otras aplicaciones del instrumento con el fin de realizar operaciones fuera del Software de control (p. ej., localizar la hoja de muestras en el explorador de archivos).

1. En el NovaSeq X Series Control Software, seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Minimize software** (Minimizar software) para minimizar el software de control o **Exit software** (Salir del software) para cerrar el software de control.

Si sale del software de control, deberá iniciar sesión de nuevo al volver a abrirlo.

3. Para maximizar o abrir el software de control, seleccione **NovaSeq X Series Control Software** en la barra de herramientas.

Uso del NovaSeq X Series Control Software remoto

Para acceder a NovaSeq X Series Control Software fuera del instrumento, use un ordenador conectado a la red local utilizada con su sistema de secuenciación.

Acceso al NovaSeq X Series Control Software remoto

Para acceder al Software de control de forma segura desde un navegador, debe instalar un certificado de autoridad de certificación (CA). Dependiendo de su política de seguridad, su organización puede requerir aprobaciones de configuración y seguridad adicionales. Consulte a su representante de TI antes de realizar cualquier actualización.

Consulte la documentación proporcionada por el fabricante de su sistema operativo para obtener más información.

Para configurar el acceso remoto son necesarias credenciales de administrador para su sistema de secuenciación y ordenador.

1. Para ver el nombre y la dirección IP del host del instrumento, haga lo siguiente.
 - a. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
 - b. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Network Settings** (Ajustes de red). Se muestran el nombre de host, la dirección IP y los ajustes de red actuales.
2. Asegúrese de que la configuración del cortafuegos esté habilitada.
Consulte las instrucciones del cortafuegos en [Ajustes de red, en la página 51](#).
3. Trabaje con su representante de TI para configurar su sistema de nombres de dominio (DNS) y establecer el acceso remoto.
Consulte [Ajustes de red, en la página 51](#) para obtener más información sobre la configuración del DNS.
4. Desde un ordenador conectado a su red local, abra un navegador e introduzca `https://<instrument host name>`.
Si tiene algún problema, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para resolver el nombre del host.
5. Seleccione **Download certificate** (Descargar certificado).
Después de descargar el certificado, la instalación del certificado CA raíz varía en función del sistema operativo de su ordenador.
6. Para Windows, haga doble clic en el certificado descargado y siga las indicaciones de instalación.
Asegúrese de seleccionar las siguientes configuraciones:
 - Ubicación de la tienda: **Máquina local**

- Almacén de certificados: **Coloque todos los certificados en el siguiente almacén**
 - Ubicación: **Almacén Trusted Root Certification Authorities** (Entidades de certificación raíz de confianza)
7. Para Mac, ejecute el siguiente comando:


```
sudo security add-trusted-cert -d -r trustRoot -k
/Library/Keychains/System.keychain
<ruta completa del certificado CA raíz>
```
 8. Para Linux, hay varias versiones distribuidas y cada una puede tener una forma diferente de instalar el certificado CA raíz. Los pasos siguientes corresponden a las versiones de Red Hat Enterprise Linux (RHEL):
 - a. Copie el certificado descargado en el almacén de certificados: `/etc/pki/ca-trust/source/anchors`.
 - b. Para confiar en el certificado CA raíz, ejecute el siguiente comando:


```
sudo update-ca-trust extract
```
 9. Después de instalar el certificado CA raíz, abra un navegador y, a continuación, introduzca `https://<instrument hostname>`.
Como alternativa, puede introducir el nombre de dominio totalmente cualificado (FQDN).
 10. Confirme que hay un icono de seguridad a la izquierda de la barra de direcciones que indique que la conexión es segura.
 11. Marque la página para acceder fácilmente a ella en el futuro.

Navegación por el NovaSeq X Series Control Software remoto

Después de iniciar sesión en NovaSeq X Series Control Software desde un ordenador conectado a la red local, la pantalla Runs (Experimentos) se abre automáticamente.

Para acceder a funciones adicionales, abra el menú desplegable de la esquina superior izquierda. Puede volver a la pantalla Runs (Experimentos) seleccionando **Close** (Cerrar) en cualquier pantalla.

Las funciones siguientes están disponibles. Consulte [Permisos de usuario, en la página 46](#) para obtener información sobre los permisos disponibles para cada grupo de usuarios.

- **Runs** (Experimentos): realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Planifique nuevos experimentos de secuenciación. Para obtener más información, consulte [Crear un experimento planificado, en la página 65](#).
 - Supervise el progreso de un experimento activo. Para obtener más información, consulte [Supervisión del progreso del experimento, en la página 81](#).
 - Edite y elimine experimentos planificados localmente. Para obtener más información, consulte [Gestión de experimentos, en la página 17](#).

- **Users** (Usuarios): añada y gestione usuarios. Para obtener más información, consulte [Cuentas de usuario, en la página 46](#).
- **Password policy** (Política de contraseñas): vea y edite los ajustes de las contraseñas. Para obtener más información, consulte [Edición de los ajustes de la contraseña, en la página 49](#).
- **Applications** (Aplicaciones): vea y gestione las aplicaciones DRAGEN. Para obtener más información, consulte [Administración de aplicaciones de DRAGEN, en la página 55](#).
- **Resources** (Recursos): importe y gestione genomas y archivos de referencia. Para obtener más información, consulte [Importación de archivos de recursos, en la página 56](#).
- **DRAGEN**: actualice la licencia de DRAGEN y realice una prueba automática de DRAGEN. Consulte [Instalación de la licencia de DRAGEN, en la página 114](#) y [Realización de una prueba automática de DRAGEN, en la página 114](#) para obtener más información.
- **Custom kits** (Kits personalizados): añada y gestione kits de adaptadores de índice y de preparación de genotecas personalizados. Para obtener más información, consulte [Importación de kits de adaptadores de índice y de preparación de genotecas personalizados, en la página 58](#).
- **Audit log** (Registro de auditoría): revise el registro de auditoría. Para obtener más información, consulte [Revisión del registro de auditoría, en la página 115](#).
- **Cloud settings** (Ajustes de la nube): configure los ajustes de la nube. Para obtener más información, consulte [Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive, en la página 50](#).
- **External storage** (Almacenamiento externo): configure las opciones de almacenamiento externo. Para obtener más información, consulte [Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada, en la página 53](#).
- **About** (Acerca de): vea información de contacto de Illumina y del sistema. Consulte [Información del sistema, en la página 13](#).

Gestión de experimentos

La pantalla Runs (Experimentos) muestra la lista de experimentos planificados, experimentos activos y experimentos terminados. Cada experimento se identifica con el nombre del experimento. Para buscar un experimento, use el nombre del experimento, el ID de la gradilla de tubos de la genoteca y la primera aplicación de DRAGEN añadida al experimento. También puede ver la cantidad de almacenamiento de datos del instrumento consumida por todos los experimentos y la cantidad de espacio de almacenamiento aún disponible. Consulte [Liberación de espacio en el disco duro, en la página 97](#) para obtener información sobre cómo eliminar experimentos.

En el Software de control remoto, puede exportar la hoja de muestras de un experimento. Seleccione el nombre del experimento y, a continuación, seleccione **Sample Sheet** (Hoja de muestras). Seleccione **Save as** (Guardar como) para guardar la hoja de muestras.

Experimentos planeados

La pestaña Planned (Planificados) muestra los experimentos planificados de forma local o en la nube. Puede planificar experimentos a nivel local en el instrumento NovaSeq X Series o en un ordenador conectado a la red. Para planificar los experimentos en la nube, utilice BaseSpace Sequence Hub.

Puede editar o eliminar experimentos planificados localmente en la pestaña Planned (Planificados). Para editar un experimento planificado, seleccione el experimento en la pestaña Planned (Planificados). Para eliminar un experimento planificado, seleccione el icono de la papelera de la columna Actions (Acciones).

La pestaña Planned (Planificados) muestra la información siguiente:

- **Status** (Estado): el estado del experimento de secuenciación. Los experimentos planificados pueden existir en uno de los estados siguientes:
 - **Planned** (Planificado): el experimento está disponible para seleccionarlo para secuenciación.
 - **Draft** (Borrador): el experimento no está disponible para seleccionarlo para secuenciación.
 - **Needs attention** (Necesita atención): el experimento no está disponible debido a un error (p. ej., se ha interrumpido la conexión con la nube). Puede revisar el error en la pantalla Run details (Detalles del experimento).
- **Run name** (Nombre del experimento): el nombre del experimento.
- **Application** (Aplicación): las aplicaciones de análisis secundarios de DRAGEN asociadas con el experimento. Para obtener más información sobre la instalación de aplicaciones, consulte [Administración de aplicaciones de DRAGEN, en la página 55](#).
- **Last modified** (Última modificación): la fecha y la hora en que el experimento se editó por última vez.

Experimentos activos

La pestaña Active (Activos) muestra cualquier experimento en curso, incluidos los experimentos planificados y los experimentos creados manualmente. La pestaña Active (Activos) incluye la fecha de comienzo de la secuenciación, el lado del instrumento, el estado de la secuenciación y las métricas de % ≥Q30, el rendimiento y el total de lecturas PF.

En la pestaña Active (Activos), puede cancelar la carga de datos en su ubicación de almacenamiento o cancelar el análisis secundario. Para obtener más información, consulte [Finalización de un experimento, en la página 110](#). La cancelación de un experimento durante la secuenciación no está disponible en la pestaña Active (Activos).

Seleccione el nombre del experimento para desplazarse a la página Run details (Detalles del experimento) y ver detalles adicionales sobre el experimento. Seleccione el menú desplegable junto al experimento para ver detalles adicionales sobre el estado de secuenciación y las aplicaciones de DRAGEN asociadas.

Para obtener más información sobre las métricas y el estado del experimento, consulte [Supervisión del progreso del experimento](#), en la página 81.

Experimentos terminados

La pestaña Completed (Terminados) muestra experimentos que han finalizado la secuenciación y el análisis, se cancelaron o no completaron la secuenciación o el análisis. Puede ver la ubicación de los datos de secuenciación y de resultados del análisis, las métricas de secuenciación y la cantidad de almacenamiento de datos del instrumento consumida por el experimento. Puede ver las aplicaciones de DRAGEN asociadas con el experimento, el % $\geq$ Q30, el rendimiento, el total de lecturas PF y el espacio de disco que el experimento ocupa en el instrumento. Cuando los datos de secuenciación se eliminan o se transfieren fuera del instrumento, la métrica de espacio muestra 0 GB.

Para ver resultados de experimentos adicionales, como métricas de la secuenciación detallada y del análisis secundario, seleccione el experimento.

Para eliminar un experimento, seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Action (Acción). Puede eliminar el experimento o eliminar solo los datos de este. La eliminación de los datos del experimento elimina las carpetas de secuenciación y análisis generadas por el experimento, pero conserva los detalles básicos de este y no elimina el experimento de la pestaña Completed (Terminados). Al eliminar el experimento, este se elimina por completo.

Preparación del centro

En esta sección, se proporcionan especificaciones y directrices para la preparación de un centro para la instalación y el funcionamiento de Sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus.

Entrega e instalación

Un representante de Illumina entrega el sistema, desembala los componentes y coloca el instrumento. Asegúrese de que el espacio del laboratorio esté preparado antes de la entrega.

El instrumento embalado requiere al menos 160 cm (63 in) de espacio libre para la puerta y el ascensor. El instrumento sin embalar requiere al menos 89 cm (35 in) de espacio libre para la puerta y el ascensor. Si el espacio libre en la puerta o el ascensor es inferior al requerido, póngase en contacto con su representante de Illumina.

Los riesgos de carga sobre el suelo relacionados con la instalación del instrumento deben ser evaluados y abordados por el personal de las instalaciones del edificio.

 Solo el personal autorizado de Illumina puede desembalar, instalar o mover el instrumento. La manipulación incorrecta del instrumento puede afectar a la alineación o dañar sus componentes.

Un representante de Illumina instala y prepara el instrumento. Al conectar el instrumento a un sistema de gestión de datos o a una ubicación remota de red, la ruta de almacenamiento de datos debe estar seleccionada antes de la fecha de instalación. El representante de Illumina puede probar el proceso de transferencia de datos durante la instalación.

 Una vez que el representante de Illumina haya instalado y preparado el instrumento, *no* lo cambie de lugar. Si lo mueve de forma incorrecta, la alineación óptica podría verse afectada y comprometer la integridad de los datos. Si debe cambiar la posición del instrumento, póngase en contacto con el representante de Illumina.

Si conserva los embalajes para reutilizarlos para la reubicación o para la devolución del instrumento, póngase en contacto con su representante de Illumina para confirmar que los embalajes tienen las etiquetas adecuadas para el envío.

Dimensiones y contenido del embalaje

El sistema de secuenciación y los componentes se envían en dos embalajes. Utilice las dimensiones siguientes para determinar el ancho de puerta mínimo necesario para que puedan pasar los embalajes de envío.

 Para el embalaje n.º 1, los puntos de acceso para la carretilla elevadora se encuentran en el lado de la profundidad del embalaje. Asegúrese de comprobar el espacio libre en la puerta y el ascensor cuando transporte el instrumento en el embalaje.

Tabla 1 Dimensiones del embalaje

Medidas	Embalaje n.º 1	Embalaje n.º 2
Altura	175,90 cm (69,25 in)	121,92 cm (48 in)
Anchura	109,22 cm (43 in)	91,44 cm (36 in)
Profundidad	154,76 cm (60,93 in)	101,6 cm (40 in)
Peso	722 kg (1591 lb)	238 kg (525 lb)

Cada embalaje incluye lo siguiente:

El embalaje n.º 1 contiene el instrumento.

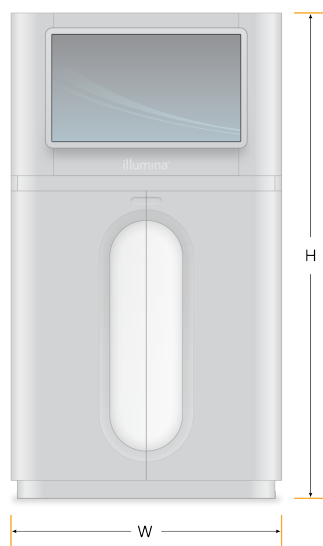
El embalaje n.º 2 contiene cinco cajas con el contenido siguiente.

- Caja: sistema de alimentación ininterrumpida (SAI), peso 46 kg (100 lb)
- Caja: paquete de los accesorios del kit, peso 12 kg (26 lb)
- Caja: accesorios de alimentación y visualización, peso 13 kg (30 lb)
 - Monitor
 - Portacables del monitor
 - Cable Ethernet
 - Cable de alimentación específico para la región
 - Teclado
- Caja: accesorios, peso 10 kg (22 lb):
 - Adaptador para chimenea
 - Repuestos de filtro de aire (4)
 - Conjunto del kit de tubos
 - Cartucho de reactivos de lavado
 - Celda de flujo de lavado
 - Refrigerantes (3)
 - Tapas de residuos (4)
 - Adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca (2)
 - Tubos de reactivos usados externos
 - Eslinga de red
 - Clip de mosquetón

Requisitos del laboratorio

Utilice las especificaciones y los requisitos proporcionados en este apartado para configurar el espacio del laboratorio.

Dimensiones del instrumento



Medidas	Dimensiones del instrumento
Altura	158,8 cm (62,5 in)
Anchura	86,4 cm (34 in)
Profundidad	93,3 cm (36,7 in)
Peso	588 kg (1296 lb)*

* Peso total del instrumento tras la instalación, incluidos el SAI y los consumibles.

Requisitos de colocación

Coloque el instrumento de modo que permita una correcta ventilación, acceso para el mantenimiento del instrumento y acceso al interruptor de alimentación, a la toma de corriente y al cable de alimentación.

- Coloque el instrumento de modo que el personal pueda alcanzar el lado derecho para encender o apagar el interruptor de alimentación. Este interruptor está en el panel trasero junto al cable de alimentación.
- Coloque el instrumento de modo que el personal pueda desconectar con rapidez el cable de alimentación de la toma de corriente.
- Respete las dimensiones siguientes de espacio mínimo de separación para garantizar que se pueda acceder al instrumento desde todos los lados.
- Mantenga la parte delantera del instrumento despejada de obstrucciones y el suelo limpio para evitar que se obstruya el filtro de aire.

- Coloque el SAI en cualquiera de los lados del instrumento. El SAI puede colocarse dentro del espacio mínimo de separación de los laterales del instrumento.

Acceso	Espacio mínimo
Parte delantera	Deje al menos 152,4 cm (60 in) en la parte delantera del instrumento para abrir las puertas delanteras y proporcionar acceso general para el movimiento del personal por el laboratorio.
Laterales	Deje al menos 70 cm (27,5 in) a cada lado del instrumento para permitir el acceso y dejar espacio alrededor del instrumento. Los instrumentos colocados uno al lado del otro solo requieren 70 cm (27,5 in) en total entre los dos instrumentos.
Parte posterior	Deje al menos 30,5 cm (12 in) por detrás del instrumento colocado junto a una pared para permitir la ventilación y el acceso. Deje al menos 61 cm (24 in) entre dos instrumentos colocados parte posterior contra parte posterior.
Parte superior	Asegúrese de que no haya estanterías ni otras obstrucciones sobre el instrumento. Deje un espacio de al menos 80 cm (31,5 in) encima del instrumento.

-  Una colocación incorrecta puede reducir la ventilación. La reducción de la ventilación aumenta la salida de calor y la emisión de ruido, lo que afecta a la integridad de los datos y a la seguridad del personal.

Directrices sobre vibraciones

Mantenga el nivel de vibraciones del suelo del laboratorio conforme al estándar de VC-A de 50 $\mu\text{m/s}$ para frecuencias de banda de tercios de octava de 8 a 80 Hz o menos. Este nivel es el típico para laboratorios. No supere las disposiciones de la norma ISO para salas de operaciones (valor de referencia) de 100 $\mu\text{m/s}$ para frecuencias en banda de tercios de octavas de 8 a 80 Hz.

Durante los experimentos de secuenciación, utilice las siguientes prácticas recomendadas para minimizar las vibraciones y garantizar un rendimiento óptimo:

- Coloque el instrumento en un suelo duro plano y mantenga el área de separación libre de obstáculos.
- No coloque teclados, consumibles utilizados u otros objetos encima del instrumento.
- No instale el instrumento cerca de fuentes de vibración que superen las disposiciones de la norma ISO para quirófanos. Por ejemplo:
 - Motores, bombas, congeladores, centrifugadoras, comprobadores de agitación, comprobadores de fugas y flujos fuertes de aire en el laboratorio.
 - Suelos directamente encima o debajo de ventiladores de sistemas de calefacción y aire acondicionado, así como controladores y helipuertos.
 - Obras de construcción o reparación en el mismo suelo que el instrumento.

- Zonas de elevado tránsito de personas.
- Mantenga las fuentes de vibración, tales como elementos caídos y el movimiento de equipos pesados, a una distancia mínima de 100 cm (39,4 in) del instrumento.
- Utilice solo la pantalla táctil, el teclado y el panel táctil para interactuar con el instrumento. No impacte directamente sobre las superficies del instrumento durante su funcionamiento.

Preparación del laboratorio para procedimientos de PCR

Para algunos métodos de preparación de genotecas es necesario el proceso de reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Establezca zonas dedicadas y procedimientos de laboratorio para evitar la contaminación de productos de PCR antes de comenzar a trabajar en el laboratorio. Los productos de PCR pueden contaminar los reactivos, los instrumentos y las muestras, lo que se traduce en un retraso en las operaciones normales y unos resultados imprecisos.

Zonas previas a la PCR y posteriores a la PCR

Siga estas directrices para evitar la contaminación cruzada.

- Establezca una zona previa a la PCR para los procesos previos a la PCR.
- Establezca una zona posterior a la PCR para procesar los productos de la PCR.
- No utilice el mismo fregadero para lavar los materiales previos a la PCR y posteriores a la PCR.
- Nunca utilice el mismo sistema de purificación de agua en las zonas previas a la PCR y posteriores a la PCR.
- Almacene los suministros usados en protocolos previos a la PCR en la zona previa a la PCR. Transfíeralos a la zona posterior a la PCR según sea necesario.

Equipo y suministros específicos

- No utilice el mismo equipo y los mismos suministros en los procesos previos a la PCR y posteriores a la PCR. Utilice un conjunto independiente de equipo y suministros en cada zona.
- Establezca zonas de almacenamiento dedicadas para los consumibles utilizados en cada zona. Para conocer los requisitos de temperatura de almacenamiento y las dimensiones de los consumibles, consulte [Consumibles de secuenciación, en la página 35](#).

Requisitos eléctricos

No retire los paneles externos del instrumento. No hay componentes que el usuario pueda reparar en el interior del instrumento.

 Poner en funcionamiento el instrumento estando alguno de estos paneles retirado constituye una posible exposición a la tensión de línea, así como a tensiones de CC.

Tabla 2 Características de alimentación

Tipo	Especificación
Tensión de línea	200–240 V CA a 50/60 Hz
Consumo de potencia máximo	2700 W

Conectores

El centro debe estar conectado a una línea de 15 amperios como mínimo con toma de tierra que tenga una tensión adecuada. Los requisitos pueden variar dependiendo de su región. Consulte [Cables de alimentación, en la página 25](#) para conocer los requisitos de alimentación específicos por país. Se necesita una conexión a tierra eléctrica. Si la tensión fluctúa más del 10 %, será necesario un regulador de línea eléctrica.

El instrumento debe estar conectado a un circuito específico que no debe compartirse con ningún otro equipo.

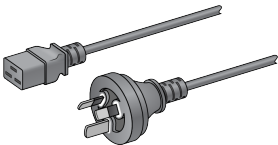
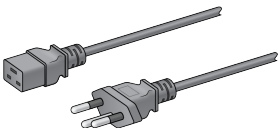
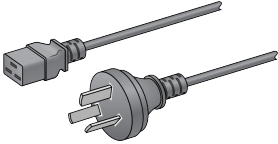
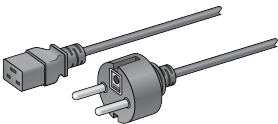
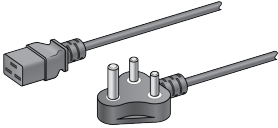
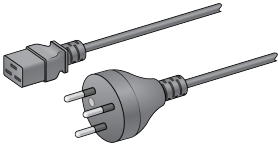
Cables de alimentación

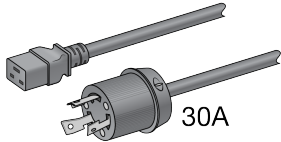
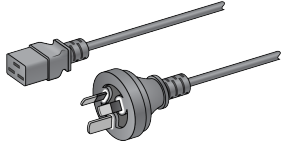
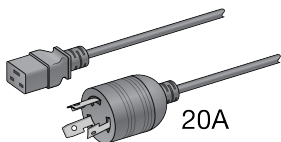
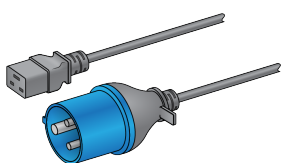
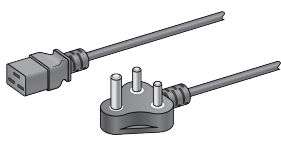
El instrumento se suministra con un conector C20 de conformidad con la norma internacional IEC 60320 y se envía con un cable de alimentación específico de cada región. Para conseguir conectores o cables de alimentación equivalentes que cumplan las normativas locales, consulte a otros proveedores, como Interpower Corporation (www.interpower.com). Todos los cables de alimentación tienen una longitud de 2,5 m (8 ft).

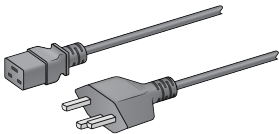
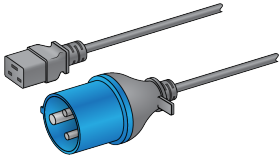
Las tensiones peligrosas solo se eliminan del instrumento cuando se desconecta el cable de alimentación de la fuente de alimentación de CA.

 Nunca utilice un cable alargador para conectar el instrumento a un sistema de alimentación.

Tabla 3 Requisitos de cables de alimentación en las regiones seleccionadas

Región	Cable de alimentación enviado	Suministro eléctrico	Toma de red
Australia	SAA macho AS 3112 a C19, 15 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 15 amperios	15 amperios tipo I
Brasil	Conector NBR14136 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 220 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	NBR 14136 tipo N
China	GB2099 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 220 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	GB 1002, GB 2099, tipo I
Unión Europea*	Schuko CEE 7 (EU1-16p) a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 220–240 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	Schuko CEE 7/3
India	IS1293 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	BS546A tipo M
Israel	IEC 60320 C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	SI 32 16 amperios tipo H

Región	Cable de alimentación enviado	Suministro eléctrico	Toma de red
Japón	NEMA L6-30P, 30 amperios 	Tensión de línea: 200 V CA Amperaje mínimo: 30 amperios	NEMA L6-30R
Nueva Zelanda	SAA macho AS 3112 a C19, 15 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 15 amperios	Dedicada 15 amperios tipo I
Norteamérica	NEMA L6-20P a C19, 20 amperios 	Tensión de línea: <220 V CA Amperaje mínimo: 20 amperios Tensión de línea: ≥220 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	NEMA L6-20R
Singapur	IEC60309 316P6 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 230-250 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	IEC60309 316C6
Sudáfrica	SANS 164-1 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	BS546A tipo M

Región	Cable de alimentación enviado	Suministro eléctrico	Toma de red
Suiza	SEV 1011 tipo 23 clavija J, 16 amperios 	Tensión de línea: 230 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	SEV 1011 tipo 23 toma J
Reino Unido	IEC60309 316P6 a C19, 16 amperios 	Tensión de línea: 240 V CA Amperaje mínimo: 16 amperios	IEC60309 316C6

* Excepto Suiza y el Reino Unido.



Como alternativa, todas las regiones pueden utilizar IEC 60309.

Sistema de alimentación ininterrumpida

Las especificaciones siguientes se aplican al SAI global que se envía con el instrumento.

Para aquellos países que requieren un modelo diferente de SAI y de batería, y alternativas, consulte [Sistema de alimentación ininterrumpida específico por países, en la página 29](#).

- **SAI:** APC Smart-UPS SRT 3000 VA RM 208/230 V IEC, n.º de modelo SRT3000RMXLW-IEC

Especificación	SAI
Potencia de salida máxima	2700 vatios*/3000 VA
Voltaje de entrada	208 V, 230 V
Frecuencia de entrada	40-70 Hz
Conexión de entrada	British BS1363A IEC 60320 C20 Schuko CEE 7/EU1-16P
Duración habitual del experimento (Potencia promedio de 2200 vatios)	5 minutos 44 segundos
Duración habitual del experimento (Potencia máxima de 2700 vatios)	3 minutos 58 segundos
Energía térmica	703 BTU/h

Especificación	SAI
Peso	31,3 kg (69 lb)
Dimensiones (formato torre: alto × ancho × profundidad)	43,2 cm × 63,5 cm × 8,5 cm (17 in × 25 in × 3,4 in)

* El SAI requiere hasta 168 vatios para cargar las baterías y realizar otras funciones internas. Durante este tiempo hay 2700 vatios disponibles para la salida.

Sistema de alimentación ininterrumpida específico por países

Ilumina suministra los siguientes SAI específicos por países.

País	N.º de modelo de SAI
India	N.º de modelo de SAI: SUA3000UXI N.º de modelo de batería: SUA48XLBP SAI alternativo con n.º de modelo de batería: SUA3000I-IND
Japón	SRT5KXLJ
Todos los demás países	SMX3000RMHV2U

Para obtener información adicional sobre las especificaciones, consulte el sitio web de APC (www.apc.com).

i | Las opciones exactas de SAI y baterías están sujetas a disponibilidad y pueden cambiar sin previo aviso.

Ilumina envía a todos los países, excepto Japón, un cable de alimentación de 16 A y 250 VCA con el SAI. Este cable de alimentación conecta el SAI al instrumento. Para Japón, Ilumina envía un cable de alimentación de 30 A y 250 VCA. Japón tiene una entrada de tensión más baja y una mayor capacidad general del SAI, lo que da como resultado una clasificación de corriente mayor que requiere un cable de mayor calibre. La clasificación del cable de alimentación está impresa en el conector del cable.

Consideraciones medioambientales

Tabla 4 Especificaciones medioambientales del instrumento

Elemento	Especificación
Temperatura*	Mantenga una temperatura de entre 15 °C y 25 °C. Durante un experimento, no permita que la temperatura ambiente varíe más de ± 2 °C. Si el instrumento no se pone en funcionamiento dentro del intervalo de temperatura, el rendimiento podría ser inferior o el experimento podría fallar.
Humedad*	Mantenga una humedad relativa sin condensación de entre el 20 % y el 65 %.
Altitud	Coloque el instrumento a una altitud inferior a 2000 metros.

Elemento	Especificación
Calidad del aire	Utilice el instrumento en un entorno interior con niveles de limpieza de las partículas del aire conforme a la norma ISO 9 (aire de sala normal) o mejores. Mantenga el instrumento lejos de las fuentes de polvo.
Vibración	Limite la vibración continua del suelo del laboratorio al nivel ISO para quirófanos (valor de referencia) o un nivel mejor. Durante un experimento de secuenciación, limite las alteraciones o golpes intermitentes en el suelo cerca del instrumento. No supere el nivel ISO para quirófanos.
Ventilación del laboratorio	La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de los materiales peligrosos de los reactivos y conforme con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la SDS en support.illumina.com/sds.html .

* Evite una combinación de alta temperatura y alta humedad. Por ejemplo, 25 °C y una humedad relativa del 65 %.

Tabla 5 Salida de ruido

Salida de ruido	Distancia del instrumento
<75 dB	1 m (3,3 pies)

Tabla 6 Salida de calor

Consumo de potencia	Energía térmica
Máximo: 2700 W Promedio: 2200 W	Máximo: 9200 BTU/h* Promedio: 7507 BTU/h

* Excluye la energía térmica de un SAI.

Ventilación

Una chimenea vertical redonda de 25,4 cm (10 in) ventila el 80 % de la salida de calor del instrumento. Puede ventilar a la sala o conectar la chimenea a un conducto que deberá adquirir usted mismo.

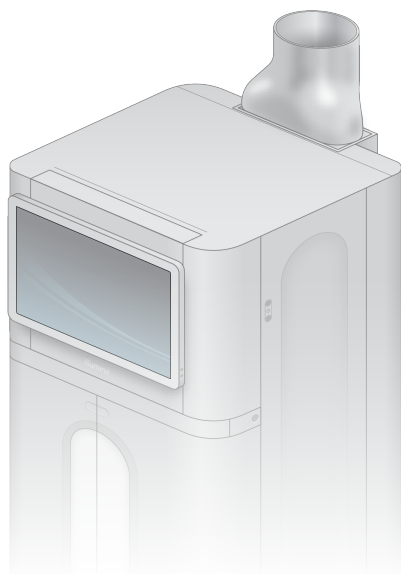
Utilice las directrices siguientes para los conductos de ventilación.

- Es preferible emplear conductos flexibles.
- Evite doblar los conductos flexibles cuando sea posible. Procure mantener los conductos flexibles lo más rectos posible.
- Los conductos flexibles con acodamientos deben mantener el diámetro de 25,4 cm (10 in) de la chimenea en todos los puntos.
- Elimine los acodamientos y cualquier otra restricción del flujo de aire.
- Pueden utilizarse conductos rígidos. El uso de conductos rígidos puede requerir que el personal de Illumina traslade el instrumento al servicio técnico.
- Utilice un conducto de la menor longitud posible.
- Asegúrese de que las aberturas de ventilación no estén obstruidas.
- Diríjalo a un espacio con suficiente ventilación para evitar restricciones en el flujo de aire o su retorno al instrumento.

 El incumplimiento de estas directrices puede influir en el rendimiento del instrumento y provocar fallos en los experimentos.

El flujo de aire en la chimenea es de hasta 764,55 m³/h (450 CFM). La temperatura del aire en la chimenea es hasta 12 °C más alta que la temperatura ambiente.

Figura 3 Colocación de la chimenea para ventilación



Manipulación a granel de reactivos usados

Los sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus están equipados para dispensar un tampón de reactivos usados a un recipiente de gran capacidad suministrado por el cliente para un procesamiento o una manipulación separados. Los conductos externos que se suministran para reactivos usados, incluidos en el kit de accesorios, tienen una longitud de 5 metros y se conectan a la parte posterior izquierda del instrumento.

Illumina solo admite la recogida externa de los reactivos usados con los conductos suministrados. Cada conducto contiene los residuos de tampones de una posición de una celda de flujo individual y debe dirigirse de forma individual al contenedor de gran capacidad.

El contenedor debe colocarse a una distancia máxima de 5 metros del instrumento. La abertura debe estar a una altura máxima de 1000 mm con respecto al suelo.

Conexiones de red

Los sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus requieren una conexión de red específica. Los sistemas no están destinados para almacenar datos de experimentos.

La conexión externa a Internet es opcional. Sin embargo, la carga de los datos de rendimiento del instrumento en Illumina Proactive y la asistencia remota del servicio de asistencia técnica de Illumina requiere una conexión a Internet externa. La carga de datos de secuenciación a BaseSpace Sequence Hub también requiere una conexión a Internet externa.

Illumina no instala ni proporciona asistencia técnica para establecer las conexiones de red. Para conocer las directrices de seguridad de red de los sistemas de Illumina, consulte el [Portal de seguridad de productos de Illumina](#).

Siga estas directrices para instalar y configurar una conexión de red:

- La NovaSeq X Series permite la configuración de red doble. Illumina recomienda las siguientes conexiones:
 - Conecte LAN1 a Internet mediante una conexión Ethernet de 1 gigabit (GbE).
 - Conecte LAN2 a su servidor de red mediante una conexión de 10 GbE.
- Establezca una conexión dedicada entre el instrumento y su sistema de gestión de datos utilizando el cable RJ-45 incluido con el instrumento. Establezca esta conexión directamente o a través de un conmutador de red.
 - Se requiere una conexión de intranet de 10 gigabits (Gb) (instrumento para el almacenamiento en red y firewall de límite) para mantener los tiempos de transferencia de datos. Unas velocidades de conexión más bajas reducen la disponibilidad del instrumento, aumentan los tiempos de transferencia de datos y pueden afectar al rendimiento del experimento de secuenciación.
 - La conexión a Internet es opcional.
- Illumina recomienda conmutadores gestionados.

- Calcule la capacidad total de la carga de trabajo de cada conmutador de red. El número de instrumentos conectados y el equipo auxiliar, como una impresora, pueden afectar a la capacidad.
- Si es posible, aisle el tráfico de secuenciación del resto del tráfico de la red.
- Illumina recomienda el uso de al menos un cable CAT-6. Con el instrumento se proporciona un cable de red sin apantallar que tiene 3 m (9,8 ft) de longitud para las conexiones de red. Se recomienda un cable CAT-6A para cables de más de 50 m (164 ft).
- Para conectarse a redes locales, el instrumento incluye dos interfaces de cobre RJ-45 para utilizar con los cables suministrados. No es posible realizar conexiones directas mediante fibra al instrumento.
- Se necesita una conexión de intranet de 10 gigabits (Gb) al almacenamiento en red. Unas velocidades de conexión más bajas reducen la disponibilidad del instrumento, aumentan los tiempos de transferencia de datos, y pueden afectar también al rendimiento del experimento de secuenciación.
- Los interruptores deben ser no bloqueantes y disponer de puertos dúplex completos, además de tener la autonegociación de velocidad de enlace activada.

Utilice el ancho de banda de red siguiente recomendado por instrumento para conexiones, tomando como base una eficiencia de red del 85-90 %.

- 800 megabits por segundo (Mb/s) (solo análisis primario) o aprox. 3,5 gigabits por segundo (Gb/s) (análisis primario y secundario) de ancho de banda de red sostenido para almacenar datos en el almacenamiento de red local.
- Ancho de banda de red de 800 Mb/s para cargar datos de análisis principales en la nube.
- Ancho de banda de red de 15 Mb/s solo para la supervisión del experimento o la asistencia de Illumina Proactive.

Los archivos de análisis primarios incluyen archivos BCL y archivos auxiliares generados por RTA4. Los archivos del análisis secundario incluyen los archivos de resultados de DRAGEN en el instrumento.

Conexiones internas

Conexión	Valor	Finalidad
Host	https://127.0.0.1	GDS a través de la genoteca de clientes de Kubernetes
Puerto	6443	GDS a través de la genoteca de clientes de Kubernetes

Conexiones de salida

Para obtener una lista de los puntos de conexión necesarios para los servicios en la nube, consulte la documentación disponible en [Portal de seguridad de productos de Illumina](#). Debe iniciar sesión para acceder a la documentación.

Para obtener instrucciones sobre cómo conectarse a servicios basados en la nube en su sistema, consulte [Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive](#), en la página 50.

Conexión	Valor	Finalidad
Puerto	53	Resolución de nombre de dominio con servidores DNS del cliente
Puerto	443	UI de software de control fuera del instrumento o UCS
URL	lus.edicogenome.com*	Servidor de licencias de DRAGEN

* Si lus.edicogenome.com falla, utilice <http://lus.edicogenome.com>.

Conexiones de entrada

Conexión	Valor	Finalidad
Puerto	80	Software de control fuera del instrumento (certificado)
Puerto	443	Software de control fuera del instrumento (UI)

Seguridad

Los Sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus tienen unidades de autocifrado (SED) basadas en hardware que utilizan cifrado de disco completo (FDE) con autenticación previa al arranque. Las claves que se almacenan en las unidades y el controlador del disco cifran los datos en reposo y en tránsito. Este método reduce la presión sobre los recursos del sistema operativo, ya que el cifrado y el descifrado se realizan en el hardware después del descifrado inicial. Para evitar una posible vulnerabilidad de seguridad, las claves no están disponibles para el sistema operativo. Las SED cifran cada vez que se corta la alimentación, por lo que usted no puede extraer físicamente una unidad y montarla en otro lugar para acceder a los datos.

Para obtener directrices detalladas sobre ciberseguridad, consulte [Portal de seguridad de productos de Illumina](#).

Consumibles y equipos

Esta sección enumera todos los componentes incluidos en el kit de reactivos con condiciones de almacenamiento. Asimismo, esta sección detalla los consumibles y equipos auxiliares que debe comprar para llevar a cabo el protocolo, así como la realización de procedimientos de mantenimiento y solución de problemas.

Consumibles de secuenciación

La secuenciación en NovaSeq X o NovaSeq X Plus requiere un kit de reactivos NovaSeq X Series de un solo uso. Para los experimentos de secuenciación bilaterales en NovaSeq X Plus, utilice dos kits de reactivos. Cada componente utiliza identificación de radiofrecuencia (RFID) para un seguimiento y una compatibilidad de los consumibles más precisos. El kit de reactivos contiene los siguientes componentes:

- Cartucho de tampones
- Celda de flujo
- Gradilla de tubos de la genoteca
- Inserto liofilizado
- Tampón de precarga
- Cartucho de reactivos

Los consumibles de NovaSeq X Series se envasan en las siguientes configuraciones.

Nombre del kit	Número de catálogo Illumina
Kit de reactivos NovaSeq X Series 25B	20104706 (300 ciclos)
	20125968 (200 ciclos)
	20125967 (100 ciclos)
Kit de reactivos NovaSeq X Series 10B	20085594 (300 ciclos)
	20085595 (200 ciclos)
	20085596 (100 ciclos)
Kit de reactivos NovaSeq X Series 5B	20145967 (300 ciclos)
	20145966 (200 ciclos)
	20145965 (100 ciclos)
Kit de reactivos NovaSeq X Series 1.5B	20145964 (600 ciclos)
	20104705 (300 ciclos)
	20104704 (200 ciclos)
	20104703 (100 ciclos)

Para garantizar un rendimiento adecuado, cuando reciba el kit, inspeccione visualmente cada componente y almacene sus componentes a la temperatura indicada lo antes posible.

Todos los componentes del kit se envían a temperatura ambiente.

Temperaturas y dimensiones de almacenamiento

Utilice las especificaciones siguientes para determinar los requisitos de almacenamiento. Un experimento de celda de flujo individual requiere uno de cada uno de los elementos siguientes. Un experimento de celda de flujo doble requiere dos de cada elemento. Para garantizar un rendimiento adecuado, cuando reciba el kit, almacene sus componentes a la temperatura indicada lo antes posible.

Elemento	Temperatura de almacenamiento	Dimensiones del consumible	Dimensiones del paquete
Cartucho de reactivos	Entre -25 °C y -15 °C	19,9 cm x 29,3 cm x 8,5 cm (7,8 in x 11,5 in x 3,3 in)	31,2 cm x 23,9 cm x 9,7 cm (12,3 in x 9,4 in x 3,8 in)
Inserto liofilizado	Entre -25 °C y -15 °C	9,1 cm x 2,6 cm x 8,3 cm (3,6 in x 1,0 in x 3,3 in)	14,2 cm x 19,1 cm x 2,5 cm (5,6 in x 7,5 in x 1,0 in)
Tampón de cebadores personalizados*	Entre -25 °C y -15 °C	11,9 cm x 1,8 cm (4,7 in x 0,7 in)	3,8 cm x 4,9 cm x 12,6 cm (1,5 in x 1,9 in x 5,0 in)
Tampón de precarga*	Entre -25 °C y -15 °C	9,2 cm x 1,6 cm (3,6 in x 0,6 in)	3,8 cm x 3,8 cm x 10,2 cm (1,5 in x 1,5 in x 4,0 in)
Celda de flujo	Entre 2 °C y 8 °C	8,2 cm x 10,8 cm x 1,3 cm (3,2 in x 4,3 in x 0,5 in)	15,2 cm x 2,5 cm x 20,1 cm (6,0 in x 1 in x 7,9 in)
Cartucho de tampones	Entre 15 °C y 30 °C	8,0 cm x 30,9 cm x 13,3 cm (3,1 in x 12,2 in x 5,2 in)	31,2 cm x 8,4 cm x 14,0 cm (12,3 in x 3,3 in x 5,5 in)
Gradilla de tubos de la genoteca	Entre 15 °C y 30 °C	9,0 cm x 1,9 cm x 4,1 cm (3,5 in x 0,7 in x 1,6 in)	9,7 cm x 3,8 cm x 5,1 cm (3,8 in x 1,5 in x 2 in)

* Almacene los tampones de precarga y de cebadores personalizados verticalmente y en el envase para evitar fugas.

 Evite que los cartuchos se caigan. Si se caen, podría lesionarse. Si los reactivos se salen de los cartuchos, podría producirse irritación en la piel. Antes de utilizarlos, inspeccione los cartuchos en busca de fisuras.

Sensibilidad a la luz

El cartucho de reactivos, el cartucho de tampones y el inserto liofilizado contienen reactivos que son sensibles a la luz. Mantenga los elementos embalados hasta usarlos y almacénelos en un lugar oscuro sin fuentes de luz.

Detalles de los consumibles

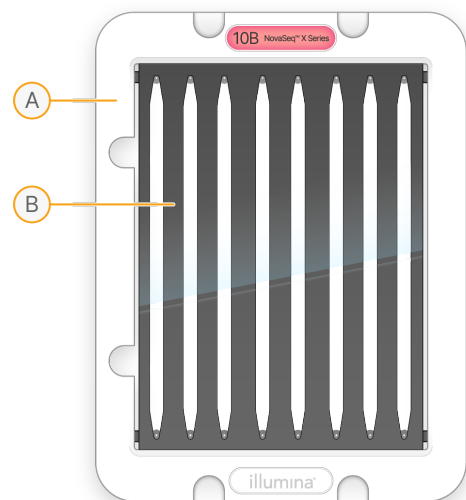
Esta sección incluye información adicional sobre los consumibles suministrados y el adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca.

Celda de flujo

Las celdas de flujo NovaSeq X Series son celdas de flujo de tramas integradas en un cartucho de plástico. La celda de flujo es un sustrato basado en vidrio que contiene miles de millones de nanopocillos en una disposición ordenada, que aumenta el número de lecturas de salida y los datos de secuenciación. Los grupos se generan en los nanopocillos, desde los cuales se lleva a cabo posteriormente la secuenciación.

La Celda de flujo 25B de NovaSeq X Series, la Celda de flujo 10B de NovaSeq X Series y el Kit de reactivos NovaSeq X Series 5B tienen 8 carriles para secuenciar genotecas agrupadas. La Celda de flujo 1.5B de NovaSeq X Series tiene 2 carriles para secuenciar genotecas agrupadas. Las imágenes de cada carril se adquieren en múltiples sectores. Posteriormente, el software divide la imagen de cada sector en secciones de menor tamaño denominadas placas. Para obtener más información, consulte [Real-Time Analysis](#), en la [página 91](#).

Figura 4 Celda de flujo 10B de NovaSeq X Series



- A. Cartucho de la celda de flujo
- B. Celda de flujo de 8 carriles (10B)

Figura 5 Celda de flujo 25B de NovaSeq X Series

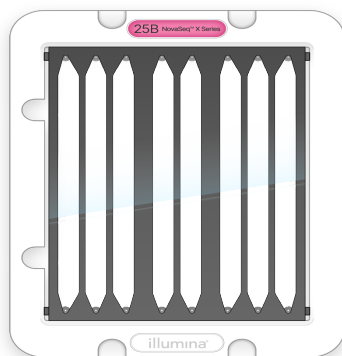


Figura 6 Celda de flujo 5B de NovaSeq X Series

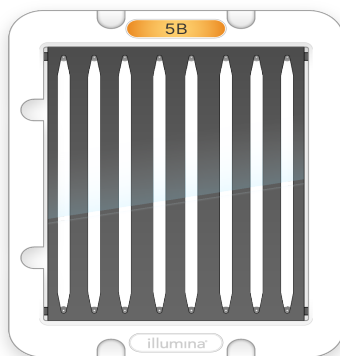
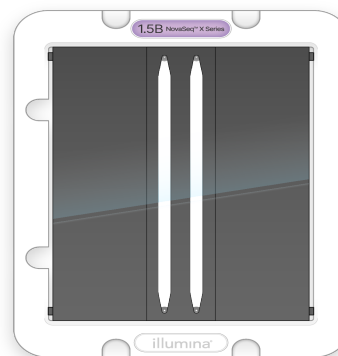


Figura 7 Celda de flujo 1.5B de NovaSeq X Series



Las partes interiores de la Celda de flujo 25B de NovaSeq X Series, la Celda de flujo 10B de NovaSeq X Series y el Kit de reactivos NovaSeq X Series 5B contienen una junta de entrada y ocho juntas de salida. La parte interior de la Celda de flujo 1.5B de NovaSeq X Series contiene una junta de entrada y dos juntas de salida. Los reactivos acceden a los carriles de la celda de flujo a través de la junta del extremo de entrada de la celda de flujo. Los reactivos se expulsan de los carriles a través de las juntas del extremo de salida.

i | No toque las juntas cuando manipule la celda de flujo.

Cartucho de reactivos

El cartucho de reactivos de secuenciación viene precargado con reactivos, tampones y solución de lavado.

El cartucho contiene todos los reactivos para un experimento. La gradilla de tubos de la genoteca y el inserto liofilizado se cargan en el cartucho descongelado, que posteriormente se carga en el instrumento. Una vez iniciado el experimento, los reactivos y la genoteca se transfieren de forma automática del cartucho a la celda de flujo. Cuando los transporte, lleve solo un cartucho cada vez y agarre el cartucho por los lados.

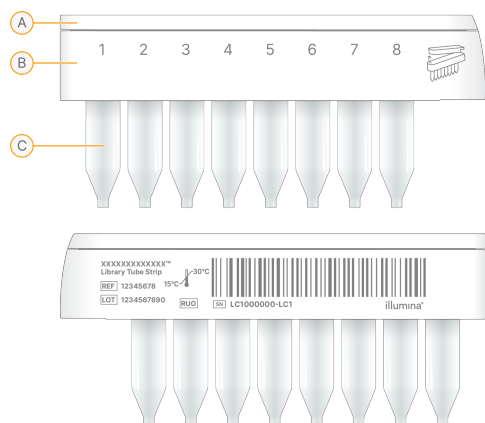
Los pocillos de posición n.º 3 y posición n.º 8 contienen formamida. Para garantizar un desecho seguro de cualquier reactivo no usado tras el experimento de secuenciación, se puede extraer este depósito. Para obtener más información, consulte [Reciclaje del cartucho de reactivos, en la página 86](#).



Gradilla de tubos de la genoteca

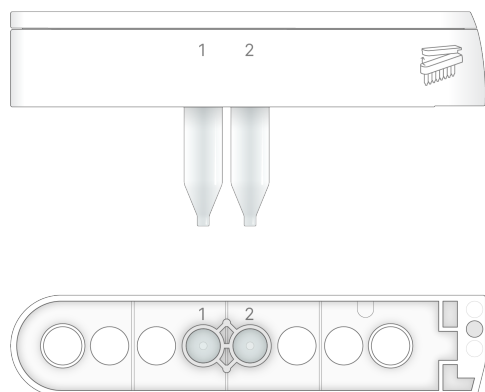
La gradilla de tubos de la genoteca contiene un tubo de muestra de cada carril de la celda de flujo. Cada tubo de muestra está numerado. Durante la planificación de un experimento, introduzca el número del tubo de muestra como el número del carril.

Figura 8 Gradilla de tubos de la genoteca (8 carriles)



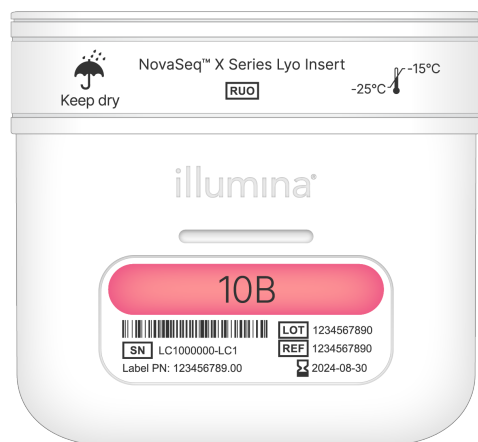
- A. Tapa de la gradilla de tubos de la genoteca
- B. Número de carril de la celda de flujo
- C. Tubo de muestra

Figura 9 Gradilla de tubos de la genoteca (2 carriles)



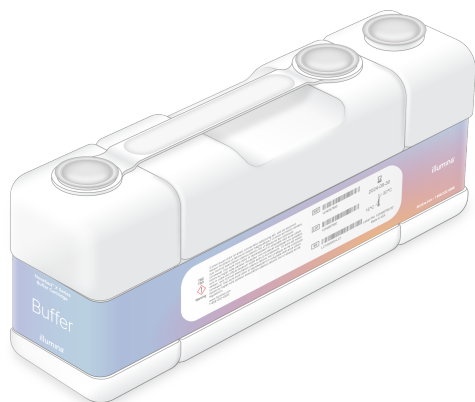
Inserto liofilizado

El inserto liofilizado viene precargado con SBS y reactivos ExAmp preparados. Durante la secuenciación, el instrumento rehidrata automáticamente el reactivo ExAmp y, a continuación, transfiere la mezcla a la celda de flujo.



Cartucho de tampones

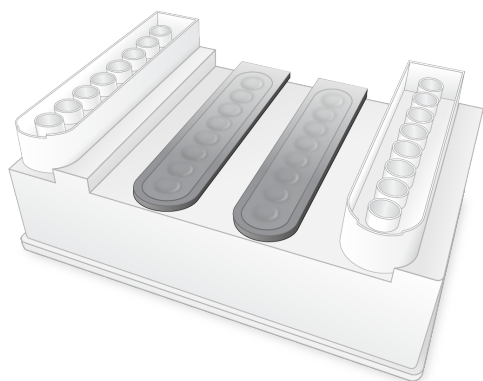
El cartucho de tampones viene precargado con tampones de secuenciación y con un peso de hasta 2,5 kg (5,5 lb). Las hendiduras en la parte inferior permiten que los cartuchos de tampones se apilen. El cartucho de tampones se carga directamente en el instrumento.



Adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca

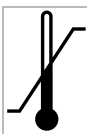
Utilice el adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca al transportar, centrifugar y almacenar la gradilla de tubos de la genoteca. El adaptador incluye ubicaciones para insertar los tubos de muestras de la gradilla de tubos de la genoteca y la tapa. Si se está preparando solo una gradilla de tubos de la genoteca para la secuenciación, asegúrese de equilibrar el adaptador con otra gradilla de tubos de la genoteca llena antes de centrifugar.

Las dimensiones del adaptador son 8,6 cm (3,4 in) x 12,8 cm (5,0 in) x 3,0 cm (1,2 in).



Descripción de símbolos

La tabla siguiente describe los símbolos que aparecen en los consumibles o el embalaje de los consumibles.

Símbolo	Descripción
	La fecha en que caduca el consumible. Para unos resultados óptimos, utilice el consumible antes de esta fecha.
	Indica el fabricante (Illumina).
	Indica el número de referencia para poder identificar el consumible.*
	Indica el código de lote para identificar el lote en que se fabricó el consumible.*
	Indica un peligro para la salud.
	Intervalo de temperatura de almacenamiento en grados Celsius. Almacene el consumible dentro del intervalo indicado.

* REF indica el componente individual, mientras que LOT identifica el lote al que pertenece el componente.

Consumibles y equipos suministrados por el usuario

En las secciones siguientes se proporciona información sobre los consumibles y equipos necesarios suministrados por el usuario. Se necesitan consumibles adicionales suministrados por el usuario para diluir y desnaturalizar genotecas. Para obtener más información, consulte [Generador de protocolos de desnaturalización y dilución](#).

Consumibles

Consumible	Proveedor	Finalidad
Filtro de aire	Illumina, n.º de catálogo 20073109	Sustitución del filtro de aire. NovaSeq X Series se envía con un filtro de aire y cuatro repuestos.
Botella de centrifugado, 500 ml	Proveedor de laboratorio general	Dilución de Tween 20 para un lavado de mantenimiento.
Tubo de centrifugado, 50 ml	Proveedor de laboratorio general	Dilución de NaOCl para un lavado de mantenimiento.
Toallitas termoselladas de Polynit Contec	VWR, n.º de catálogo 68310-176, o equivalente	Limpieza y secado de la celda de flujo y de la platina de la celda de flujo.
Guantes desechables sin talco	Proveedor de laboratorio general	Usos múltiples.
NaOCl para reactivos al 5 %	Sigma-Aldrich, n.º de catálogo 239305	Realización de un lavado de mantenimiento.
Puntas de pipeta 20 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para cargar genotecas.
Puntas de pipeta 200 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para cargar genotecas.
Puntas de pipeta 1000 µl	Proveedor de laboratorio general	Pipeteo para cargar genotecas.
Reactivo o alcohol isopropílico de grado espectrofotométrico (70 %), botella de 100 ml	Proveedor de laboratorio general	Limpieza de la platina de la celda de flujo.
Tween 20	Sigma-Aldrich, n.º de catálogo P7949	Realización de un lavado de mantenimiento.
Agua de laboratorio	Proveedor de laboratorio general	Dilución de Tween 20 e hipoclorito sódico para un lavado de mantenimiento.
Acondicionador de agua	Electron Microscopy Sciences, n.º de catálogo 60502-01, o equivalente	Estabilización de agua en baños de agua y prevención de la proliferación microbiana.

Consumible	Proveedor	Finalidad
[Opcional] EZwaste HD 20 l, HDPE, tapa de 83 mm, 4 racores de 1,59 mm (1/16 in) de D.E., 3 racores de 6,35 mm (1/4 in) de D.E., 1 conector de manguera de 6,35 mm (1/4 in) o 9,53 mm (3/8 in) de D.I. y filtro	VWR, n.º de catálogo 76018-558, o equivalente	Recogida de residuos de tampón de reactivos usados a granel.
[Opcional] Tampón de cebador de NovaSeq X Series personalizado	Illumina, n.º de catálogo 20100055	Realización del flujo de trabajo de cebadores personalizados.
[Opcional] PhiX Control v3	Illumina, n.º de catálogo FC-110-3001	Adición de control PhiX.

Equipo

Elemento	Proveedor
Centrifugadora	Proveedor de laboratorio general
Congelador, entre -25 °C y -15 °C	Proveedor de laboratorio general
Tubo graduado, 500 ml, estéril	Proveedor de laboratorio general
Cubitera	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 20 µl	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 200 µl	Proveedor de laboratorio general
Pipeta 1000 µl	Proveedor de laboratorio general
Frigorífico, entre 2 °C y 8 °C	Proveedor de laboratorio general
Cubo, baños de agua*	Proveedor de laboratorio general

* Utilice un cubo que pueda alojar los cartuchos de reactivos y el nivel de agua apropiado.

Directrices para el agua de laboratorio

Utilice siempre agua de laboratorio o agua desionizada para llevar a cabo los procedimientos del instrumento. No utilice nunca agua corriente. Utilice solamente los siguientes tipos de agua o equivalentes:

- Agua desionizada
- Illumina PW1
- Agua de 18 Megohmios (MΩ)
- Agua Milli-Q
- Agua Super-Q
- Agua de biología molecular

Configuración del sistema

En esta sección, se proporcionan instrucciones para configurar el sistema. Puede editar los ajustes del sistema en el instrumento o en un ordenador conectado a la red.

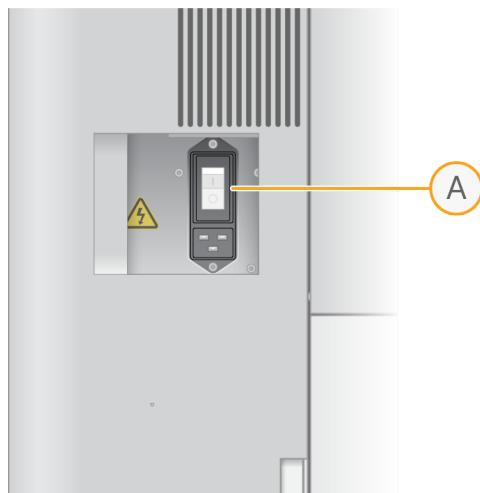
Para obtener información sobre el ordenador de control del instrumento, las cuentas de usuario de Linux, las conexiones de red o los ajustes de seguridad, consulte el [Portal de seguridad de productos de Illumina](#).

Puesta en servicio del instrumento

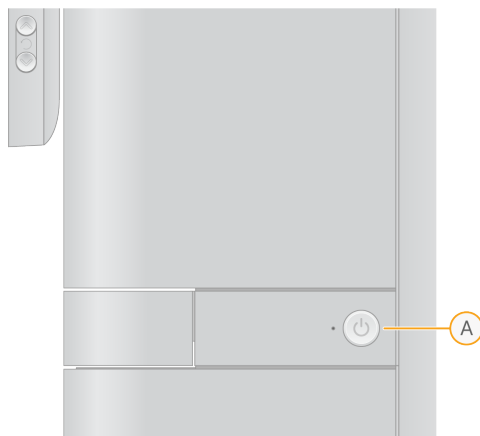
La primera vez que se enciende NovaSeq X Series, el sistema operativo debe inicializar el NovaSeq X Series Control Software.

Encienda el instrumento de la siguiente manera.

1. Pulse el interruptor (A) situado en la parte posterior del instrumento a la posición de encendido (I).



2. Cuando el botón de encendido/apagado (A) en el lado derecho del instrumento parpadee, púselo.



3. Espere hasta que el sistema operativo finalice la inicialización (aprox. 35 minutos).
4. Introduzca su nombre de usuario y contraseña para iniciar sesión en el instrumento.
Para obtener más información, consulte [Inicio y cierre de sesión, en la página 84](#).

Cuentas de usuario

El NovaSeq X Series Control Software tiene los grupos de usuarios siguientes:

- **Sequencer Operators** (Operadores secuenciadores): permite a los usuarios realizar la secuenciación y acceder a todas las funciones de secuenciación. Para acceder al software de control en el instrumento, se debe incluir un usuario en el grupo de operadores secuenciadores.
- **Administrator** (Administrador): permite a los usuarios acceder a todas las funciones de administrador en los ajustes. Puede asignar el grupo de administradores al añadir un usuario. Los administradores se incluyen automáticamente en el grupo de operadores secuenciadores.

Permisos de usuario

Los permisos siguientes están disponibles para cada grupo de usuarios. El grupo de operadores secuenciadores está seleccionado de forma predeterminada. Sin embargo, ambos grupos se pueden seleccionar al añadir un usuario. Para obtener más información, consulte [Adición de usuarios, en la página 47](#).

Permisos	Operadores secuenciadores	Administradores
Editar ajustes del instrumento	X	X
Ver, añadir, editar y eliminar usuarios		X
Establecer políticas de contraseñas		X
Ver aplicaciones	X	X
Instalar, desinstalar y editar la configuración para aplicaciones		X
Realizar comprobaciones del sistema	X	X
Ver y descargar las actualizaciones de software disponibles	X	X
Realizar actualizaciones de software		X
Ver recursos	X	X
Añadir, editar y eliminar recursos		X
Administrar el software DRAGEN		X
Ver los registros de auditoría		X

Permisos	Operadores secuenciadores	Administradores
Export logs (Exportar registros)	X	X
Configurar los ajustes de conectividad de la nube	X	X
Configurar ajustes del almacenamiento externo	X	X
Configurar ajustes de red		X
Ver, añadir, editar y eliminar kits de adaptadores de índice personalizados y kits de preparación de genotecas personalizados	X	X
Ver pantalla About (Acerca de) del software de control	X	X
Minimizar y salir del software de control	X	X
Apagar o reiniciar el instrumento	X	X
Desbloquear las puertas del instrumento	X	X
Crear, editar o eliminar experimentos planificados	X	X
Eliminar experimentos terminados	X	X
Configurar la eliminación automática de los datos de experimentos transferidos en los ajustes del instrumento		X
Realizar una secuenciación	X	X
Desbloquear experimentos	X	X
Realizar un lavado de mantenimiento	X	X
Sustituir el filtro de aire	X	X

Adición de usuarios

Puede añadir usuarios nuevos utilizando el NovaSeq X Series Control Software. Solo los administradores pueden añadir usuarios.

Los usuarios de la nube se crean automáticamente cuando inician sesión por primera vez en el instrumento utilizando sus credenciales del BaseSpace Sequence Hub. Después de crearse un usuario de la nube, su grupo de usuarios se configura manualmente.

Añadir un usuario

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione **Add user** (Añadir usuario).

4. Introduzca la información siguiente:
 - User name (Nombre de usuario)
 - First name (Nombre)
 - Last name (Apellidos)
5. Confirme que la casilla de verificación User enabled (Usuario habilitado) está seleccionada para configurar el estado del usuario como Active (Activo).
Solo los usuarios activos pueden iniciar sesión en el instrumento.
6. Introduzca una contraseña temporal. Las contraseñas temporales no se pueden reutilizar.
El usuario cambia la contraseña cuando inicia sesión por primera vez. Consulte [Requisitos de las contraseñas, en la página 48](#) para obtener recomendaciones sobre las contraseñas.
7. Para añadir un usuario como administrador, seleccione la casilla **Administrators** (Administradores).
Consulte [Permisos de usuario, en la página 46](#) para obtener más información sobre los permisos de grupo.
8. Seleccione **Save** (Guardar) cuando termine.

Requisitos de las contraseñas

Al crear un usuario, utilice las recomendaciones siguientes sobre la contraseña.

Política	Ajuste de seguridad
Longitud de la contraseña	Debe contener de 8 a 64 caracteres
Requisitos mínimos de caracteres de la contraseña	• Un carácter en mayúscula • Un carácter en minúscula • Un carácter numérico • Un carácter especial
Historial de contraseñas	No puede coincidir con ninguna de las cinco contraseñas anteriores

Gestión de los usuarios

Los administradores pueden gestionar a los usuarios con el NovaSeq X Series Control Software. Para obtener más información sobre cómo añadir un usuario, consulte [Añadir un usuario, en la página 47](#).

Edición de un usuario

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione el usuario que editar.
4. Edite los ajustes del usuario y, a continuación, seleccione **Save** (Guardar).
No puede editar el nombre del usuario.

Eliminación de usuarios

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione **Remove** (Eliminar) para el usuario que le gustaría eliminar.
4. En el cuadro de diálogo, seleccione **Yes, remove** (Sí, eliminar).
5. Repita los pasos 3 y 4 para cada usuario que desee eliminar.

Actualización de contraseñas

Los administradores pueden restablecer contraseñas y actualizar los ajustes de las contraseñas.

Restablecimiento de una contraseña

Los administradores pueden restablecer contraseñas en cualquier momento. Cuando un administrador restablece una contraseña, el usuario puede iniciar sesión utilizando la contraseña temporal generada. En un ordenador conectado a la red, puede desplazarse hasta el menú de perfil de usuario en la esquina superior derecha para cambiar su contraseña. Podrá restablecer su propia contraseña cuando reciba la notificación de caducidad de la contraseña.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Users** (Usuarios).
3. Seleccione el usuario que editar.
4. Seleccione **Reset Password** (Restablecer contraseña). Consulte [Requisitos de las contraseñas, en la página 48](#) para obtener información sobre las restricciones de la contraseña.
El usuario introduce una nueva contraseña la siguiente vez que inicia sesión.
5. Seleccione **Save** (Guardar) cuando termine.

Edición de los ajustes de la contraseña

Los administradores pueden editar la frecuencia con la que caducan las contraseñas, el tiempo hasta el cierre de sesión automático y el número de intentos de inicio de sesión permitidos. Cuando una contraseña ha caducado, los usuarios reciben un mensaje para establecer una nueva contraseña durante el inicio de sesión.

Los ajustes de la contraseña utilizan los valores predeterminados siguientes:

- Caducidad de la contraseña: 90 días
- Tiempo de cierre de sesión automático: 30 minutos de inactividad
- Intentos de inicio de sesión no válidos: cinco intentos

Para modificar los valores predeterminados de ajustes de contraseña, haga lo siguiente.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Password policy** (Política de contraseñas).
3. Edite los ajustes de la contraseña según sus preferencias.



Desactivar la caducidad de la contraseña o cambiar el tiempo de cierre de sesión automático a más de 90 minutos de inactividad hace que el sistema sea más susceptible a amenazas de seguridad.

4. Seleccione **Save** (Guardar).

Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive

Siga las instrucciones siguientes para configurar la asistencia de Illumina Proactive y BaseSpace Sequence Hub o ICA en su sistema. Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la página del [sitio de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#). Para obtener más información sobre ICA, consulte la página del [sitio de asistencia de Illumina Connected Analytics](#).

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Cloud Settings** (Ajustes de la nube).
3. Para habilitar una conexión de la nube, seleccione la ubicación de su dominio BaseSpace Sequence Hub o ICA en el menú desplegable Hosting location (Ubicación del hosting).
4. Si utiliza BaseSpace Sequence Hub Enterprise o ICA, introduzca el nombre de dominio privado. No es necesario para cuentas BaseSpace Sequence Hub Professional o Basic.
5. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para comprobar su conexión a la nube. Asegúrese de haber añadido los puntos de conexión requeridos a la lista de permitidos para su cortafuegos. Para obtener una lista de los puntos de conexión, consulte la documentación disponible en [Portal de seguridad de productos de Illumina](#). Debe iniciar sesión para acceder a la documentación.



Si los puntos de conexión necesarios no están en la lista de permisos, no puede conectarse a servicios basados en la nube de Illumina.

6. Seleccione una configuración predeterminada del experimento entre las siguientes opciones. Puede cambiar la configuración predeterminada del experimento durante la configuración del experimento.
 - **Cloud run monitoring** (Supervisión de experimentos en la nube): seleccione esta opción para habilitar la supervisión de experimentos remota. La asistencia de Illumina Proactive se incluye automáticamente. La supervisión de experimentos solo es visible en BaseSpace Sequence Hub.
 - **Cloud run storage** (Almacenamiento de experimentos en la nube): almacene los datos del experimento en la nube e inicie automáticamente el análisis. La asistencia de Illumina Proactive y la supervisión de experimentos se incluyen automáticamente.

7. Si el almacenamiento de experimentos en la nube está habilitado, seleccione las siguientes casillas de verificación para cargar esos archivos secundarios intermedios del análisis local en la nube:
 - Cargar archivos FASTQ en la nube
 - Cargar archivos BAM/CRAM en la nube
8. Para habilitar la asistencia de Illumina Proactive, seleccione la casilla de verificación **Send instrument performance data to Illumina** (Enviar datos de rendimiento del instrumento a Illumina). Dependiendo de sus ajustes de la nube, esta opción puede ser necesaria.
9. Seleccione **Save** (Guardar) para finalizar.

Ajustes de red

Se requieren credenciales de administrador para actualizar los ajustes de red, establecer un servidor proxy, actualizar la configuración del cortafuegos o renovar un certificado de seguridad de la capa de transporte (TLS). Los ajustes de hora no requieren credenciales de administrador. Para obtener ayuda con la actualización de los ajustes de red, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Actualizar los ajustes de red

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Network Settings** (Ajustes de red). Se muestran el nombre de host, el nombre de dominio y los ajustes de red actuales.
3. Para actualizar el nombre de host o el nombre de dominio opcional, seleccione **Edit** (Editar). Realice los cambios necesarios y, a continuación, seleccione **Save** (Guardar). Después de cambiar el nombre de dominio, debe iniciar sesión en el Software de control.
4. Seleccione **Edit** (Editar) para la interfaz de red que desee actualizar. Si se configuran dos interfaces de red (LAN1 y LAN2), la etiqueta principal designa qué red tiene prioridad.
5. Para configurar la dirección IP, utilice una de las siguientes opciones:
 - **Manually enter IP address** (Introducir manualmente la dirección IP): Utilice los campos editables para configurar la dirección IP, la máscara de red y la puerta de enlace. Esta última es opcional.
 - **Automatically assign IP address (DHCP)** (Asignar automáticamente la dirección IP [DHCP]): El protocolo de configuración dinámica de host (DHCP) proporciona automáticamente una dirección IP, una máscara de red y una puerta de enlace.
6. Para configurar la dirección IP del servidor DNS, utilice una de las siguientes opciones:
 - **Manually enter DNS server IP address** (Introducir manualmente la dirección IP del servidor DNS): Introduzca la dirección IP del servidor DNS. Si no hay una dirección IP del servidor DNS, déjela en blanco. Para introducir varias direcciones, utilice una lista separada por comas.

- **Automatically assign DNS server IP address** (Asignar automáticamente la dirección IP del servidor DNS): DHCP proporciona automáticamente una o varias direcciones IP del servidor DNS.
7. **[Opcional]** Introduzca un dominio de búsqueda DNS.
Para introducir varios dominios de búsqueda, utilice una lista separada por comas.
 8. Seleccione **Save** (Guardar).

Configuración de un servidor proxy

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Proxy settings** (Ajustes de proxy).
3. Seleccione la casilla de verificación **Enable proxy** (Habilitar proxy).
4. Introduzca la dirección del servidor y el puerto.
5. Si el servidor proxy solicita autenticación, seleccione la casilla de verificación **Requires user name and password** (Necesita nombre de usuario y contraseña) y, a continuación, escriba el nombre de usuario y la contraseña.
6. Seleccione **Save** (Guardar).

Renovación de un certificado TLS

En las versiones 1.4 y posteriores de NovaSeq X Series Control Software puede renovar su certificado TLS con las siguientes instrucciones. Para renovar su certificado TLS en versiones anteriores de Software de control, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **TLS certificate** (Certificado TLS).
Detalles para la visualización del certificado de TLS instalado actualmente.
3. Para generar un certificado, seleccione **Use self-signed certificate** (Usar certificado autofirmado).
4. Para cargar un nuevo certificado TLS, seleccione **Use my own certificate** (Usar mi propio certificado). Esta opción requiere que cargue los archivos siguientes:
 - Certificado TLS
 - TLS key (Clave TLS)
 - Certificado CA
5. Seleccione **Renew TLS Certificate** (Renovar certificado TLS).
La renovación del certificado TLS tarda unos 15 minutos.
6. Seleccione **Continue** (Continuar) para iniciar sesión en el instrumento.

Actualizar los ajustes de hora

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Time Settings** (Ajustes de hora). Si está configurada, se muestra la dirección del servidor horario de protocolo de redes (NTP) actual.
3. Para actualizar la dirección del servidor, introduzca la dirección de un servidor o un grupo de servidores horarios de protocolo de redes.
Para introducir varios servidores horarios de protocolo de redes, utilice una lista separada por comas.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Actualizar los ajustes del cortafuegos

Habilite los puertos de red 80 y 443 para admitir funciones que requieran acceso remoto, como la planificación remota de experimentos, la supervisión de experimentos, la gestión de usuarios o la gestión de aplicaciones de análisis secundario.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Firewall settings** (Ajustes de cortafuegos).
3. Seleccione la casilla de verificación **Enable network ports 80 and 443 for remote access** (Habilitar los puertos de red 80 y 443 para acceso remoto).
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada

Utilice las instrucciones de esta sección para especificar una carpeta de resultados predeterminada o configurar un almacenamiento externo. Puede cambiar la carpeta de resultados para cada experimento durante la configuración del experimento. El software guarda los archivos CBCL y otros datos del experimento en la carpeta de resultados.

Se necesita una carpeta de resultados, salvo que se habilite el almacenamiento de experimentos en la nube. Utilice únicamente una unidad de red como la carpeta de resultados predeterminada. El uso de una carpeta de resultados integrada en el instrumento repercute de manera negativa en el tiempo del experimento de secuenciación.

Adición de una unidad de red al almacenamiento externo

Siga las instrucciones siguientes para montar una unidad de red permanente y especifique la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada. Server Message Block (SMB) y Network File System (NFS) son los únicos métodos compatibles para el montaje permanente de una unidad de red en el NovaSeq X Series.

Para usar la unidad de red como carpeta de resultados, primero debe agregarla como una opción de almacenamiento externo disponible.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Seleccione **Add network storage** (Añadir almacenamiento en red).
4. Seleccione el tipo de unidad de red.
5. Introduzca la información siguiente:
 - Server location (Ubicación del servidor)
 - **[Opcional]** Domain (Dominio)
 - User name (Nombre de usuario)
 - Password (Contraseña)
6. Si utiliza una unidad SMB para el almacenamiento en red, seleccione una opción de cifrado de archivos. Se recomienda utilizar cifrado.
7. Seleccione **Test configuration** (Probar configuración) para probar la conexión de almacenamiento de red.
8. Una vez finalizada la prueba, seleccione **Save** (Guardar).

Después de guardar, la opción de almacenamiento en red se convierte en una ubicación de carpeta de resultados disponible. Para obtener instrucciones sobre cómo seleccionar la opción de carpeta de resultados predeterminada, consulte [Especificación de un almacenamiento externo como la carpeta de resultados, en la página 54](#).

Para eliminar la unidad de red más tarde, seleccione **Remove volume** (Eliminar volumen) en la columna Actions (Acciones) del servidor en la pantalla External storage (Almacenamiento externo).

Especificación de un almacenamiento externo como la carpeta de resultados

Para utilizar una opción de almacenamiento externo como su carpeta de resultados predeterminada, seleccione la carpeta de resultados de almacenamiento externo como se indica a continuación.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **External Storage** (Almacenamiento externo).
3. Si se ha añadido una carpeta de resultados, seleccione **Edit folders** (Editar carpetas) y, a continuación, **Add folder** (Añadir carpeta).
4. Si no se ha añadido una carpeta de resultados, seleccione **Add folder** (Añadir carpeta).
5. Seleccione una ubicación de servidor en la lista desplegable y, a continuación, seleccione una carpeta entre las disponibles.
6. Introduzca un alias de carpeta.
7. Seleccione **Save** (Guardar).
8. Para eliminar carpetas de resultados, seleccione **Remove** (Eliminar) en la pantalla Edit folders (Editar carpetas).

Administración de aplicaciones de DRAGEN

Los administradores pueden instalar o desinstalar las aplicaciones de DRAGEN. Para obtener más información sobre la creación de un experimento planificado, consulte [Planificación de un experimento de secuenciación, en la página 64](#).

Instalación de aplicaciones

1. Descargue la aplicación (*.iapp) desde la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#). Guarde el instalador en una unidad de red.

 Si el formato de archivo del instalador es IPB2, consulte las instrucciones de [Actualizaciones de software, en la página 98](#).

2. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
4. Seleccione **Install applications** (Instalar aplicaciones).
5. Desplácese hasta el archivo de aplicación y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir). Después de cargar el archivo, se muestra información sobre la aplicación.
6. Seleccione **Install** (Instalar). Después de instalar la aplicación puede revisar la configuración de la aplicación. Consulte [Edición de ajustes de la aplicación, en la página 55](#).

Edición de ajustes de la aplicación

La aplicación DRAGEN proporciona un kit de preparación de genoteca predeterminado, un kit de adaptador de índice, información de lectura, información de índice y permisos. Algunas aplicaciones también proporcionan ajustes y configuración para el análisis secundario.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
3. Seleccione la aplicación que desea ver. Después de instalar una aplicación, la pantalla Configuration (Configuración) se abre automáticamente.
4. Edite cualquiera de los datos siguientes:
 - Library prep kits (Kits de preparación de genotecas)
 - Index adapter kits (Kits de adaptadores de índice)
 - Index reads (Lecturas del índice)
 - Read type (Tipo de lectura)
 - Index lengths (Longitudes del índice)

- Read length (Longitud de lectura)

5. Seleccione **Save** (Guardar).

Desinstalación de aplicaciones

Los administradores pueden desinstalar aplicaciones.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Applications** (Aplicaciones).
3. Seleccione la aplicación que desea desinstalar.
4. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).
5. Confirme para desinstalar la aplicación.

Importación de archivos de recursos

Puede importar genomas de referencia o archivos de referencia. Para obtener una lista de los genomas de referencia en el instrumento, consulte la página de [productos compatibles de NovaSeq X Series](#). Puede eliminar genomas de referencia o archivos de referencia existentes para liberar espacio del disco duro.

Importación de genomas de referencia

Puede añadir y eliminar genomas de referencia en la pestaña Genomes (Genomas) de la pantalla Resources files (Archivos de recursos). La pestaña Genomes (Genomas) muestra el nombre del genoma, si se trata de un genoma estándar o personalizado, la especie, y la fuente del genoma.

1. Asegúrese de que no haya experimentos de secuenciación ni análisis secundarios en curso en el instrumento.
2. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y luego seleccione **Resource files** (Archivos de recursos).
4. En la pestaña Genomes (Genomas), seleccione **Import Genome** (Importar genoma).
5. Desplácese hasta el genoma de referencia (*.tar.gz) y, a continuación, seleccione **Select** (Seleccionar).

El sistema importa el genoma seleccionado.

Importación de archivos de referencia

Puede añadir y eliminar archivos de referencia en la pestaña Reference files (Archivos de referencia) de la pantalla Resources files (Archivos de recursos). La pestaña Reference files (Archivos de referencia) muestra el nombre del archivo de referencia, el tipo de archivo, la descripción del archivo y el número de genomas de referencia relacionados.

Generación de archivos de referencia

Si va a realizar llamadas de CNV, puede utilizar un archivo de panel de normales. El archivo de panel de normales es un algoritmo de normalización basado en referencias que utiliza muestras normales emparejadas suministradas externamente para determinar un nivel de referencia desde el que llamar eventos de CNV. Estas muestras normales emparejadas deben derivarse del mismo tipo de muestra, preparación de genoteca y flujo de trabajo de secuenciación que se utilice para la muestra del caso. El algoritmo resta los sesgos de nivel del sistema que no son específicos de la muestra.

Puede utilizar un archivo de panel de normales para variantes tanto somáticas como germinales.

En caso de usar el análisis secundario de DRAGEN Enrichment, puede usar un archivo de referencia de ruido para filtrar ruido de secuenciación o sistemático. Puede descargar archivos de ruido personalizados normales del [sitio de asistencia de Illumina](#) o crear un archivo de referencia de ruido personalizado.

Utilice una de las opciones siguientes para generar un panel de normales o un archivo de referencia de ruido. Se recomienda utilizar aprox. 50 muestras.

- Utilice el servidor DRAGEN. Consulte la [página del sitio de asistencia de DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina](#) para obtener instrucciones.
- Utilice la aplicación DRAGEN Baseline Builder en DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina, que acepta archivos FASTQ, BAM o CRAM. La aplicación Baseline Builder genera un archivo de referencia CNV (*.combined.counts.txt.gz file).

Importación de archivos de referencia

1. Asegúrese de que no haya experimentos de secuenciación ni análisis secundarios en curso en el instrumento.
2. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y luego seleccione **Resource files** (Archivos de recursos).
4. En la pestaña Reference files (Archivos de referencia), seleccione **Import reference file** (Importar archivo de referencia).
5. Desplácese hasta el archivo de referencia y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
6. **[Opcional]** Introduzca una descripción del archivo de referencia.
7. Introduzca un número de versión.
8. Seleccione un tipo de archivo de la lista desplegable.
Si el tipo de archivo no aparece en la lista, seleccione **Other** (Otro) e introduzca el tipo de archivo en el campo que aparece.
9. Seleccione los genomas de referencia relacionados con el archivo de referencia.
10. Seleccione **Save** (Guardar).

Importación de kits de adaptadores de índice y de preparación de genotecas personalizados

Puede importar kits de adaptadores de índices y de preparación de genotecas personalizados para usarlos en sus experimentos de secuenciación. Para poder importar kits personalizados, deberá ser administrador. El kit de adaptador de índice personalizado está referenciado por el kit de preparación de genotecas personalizado y debe importarse primero.

Importación del kit de adaptador de índices personalizado

Puede importar kits de adaptadores de índice personalizados utilizando la plantilla disponible.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Custom kits** (Kits personalizados).
3. Para descargar el archivo de plantilla TSV, seleccione **Download template** (Descargar plantilla).
4. Edite las secciones siguientes:

Los campos deben comenzar con un carácter alfanumérico y solo pueden contener caracteres alfanuméricos, puntos, guiones y guiones bajos.

- **IndexKit** (Kit de índice): información general del kit de adaptador de índice, incluidos el nombre, la versión, la descripción y la estrategia de índice.
 - **Resources** (Recursos): le permite proporcionar secuencias de adaptadores para la lectura 1 y la lectura 2. Según los valores de esta sección, el archivo importado establece el tipo de kit de índices como una de las opciones siguientes:
 - Standard layout (Disposición estándar) (no fija)
 - Fixed layout (Disposición fija) (placa única)
 - Fixed plate layout (Disposición fija de la placa) (varias placas)
 - **Indices** (Índices): una lista de índices, incluidos el nombre, la secuencia de adaptadores y si el índice es para el índice 1 o el índice 2.
5. Elimine las instrucciones de la plantilla incluidas entre paréntesis angulares (< >) y, a continuación, guarde el archivo TSV.
 6. Seleccione **Import index adapter kit** (Importar kit de adaptador de índices), vaya al kit de adaptador de índices personalizado (*.tsv) y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
 7. Después de importar correctamente el kit de adaptador de índices personalizado, seleccione el nombre para revisar y editar la información.

Adición del kit de preparación de genotecas personalizado

Siga las instrucciones siguientes para cargar los kits de preparación de genotecas personalizados.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Custom kits** (Kits personalizados).
3. Seleccione **Add library prep kit** (Añadir kit de preparación de genotecas) y, a continuación, introduzca la información siguiente:
 - Library prep kit name (Nombre de kit de preparación de genotecas)
 - **[Opcional]** Description (Descripción)
 - **[Opcional]** Organization (Organización). La empresa o institución propietaria del kit de preparación de genotecas personalizado. La organización no puede ser Illumina.
 - Tipos de lectura permitidos
 - Tipo de lectura predeterminado
 - Ciclo de lectura predeterminado
4. En la lista desplegable, seleccione al menos un kit de adaptador de índices compatible.
5. Seleccione **Save** (Guardar).
6. Después de añadir correctamente el kit de preparación de genotecas, seleccione el nombre para revisar y editar la información.

Personalización de los ajustes del sistema

Esta sección incluye información sobre la configuración de los ajustes de personalización disponibles. También puede cambiar la configuración predeterminada de cada experimento durante la revisión del experimento.

Para configurar una carpeta de resultados predeterminada, consulte [Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada, en la página 53](#).

Asignación de un nombre al instrumento

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Introduzca el nombre deseado para el instrumento.
El nombre puede incluir hasta 20 caracteres alfanuméricos y aparece en la parte superior de cada pantalla.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Discrepancia de ID de tubos de la genoteca

Para configurar la forma en que el sistema gestiona una discrepancia entre el ID de la gradilla de tubos de la genoteca en la hoja de muestras y la gradilla de tubos de la genoteca cargada, haga lo siguiente.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione una de las siguientes opciones:
 - **Mostrar advertencia y permitir continuar con la discrepancia:** permite al usuario seleccionar un experimento diferente, volver a cargar otra gradilla de tubos de la genoteca o continuar con la discrepancia.
 - **Bloquear la continuación de la secuenciación:** el usuario debe elegir entre seleccionar otro experimento o volver a cargar la gradilla de tubos de la genoteca.
4. Seleccione **Save** (Guardar).

Establecimiento de la selección del experimento predeterminada

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Seleccione una selección del experimento predeterminada entre las siguientes opciones:
 - Select planned run (Seleccionar experimento planificado)
 - Manually enter run information (BCLs only) (Introducir manualmente la información del experimento (solo BCL))
 - Import sample sheet for local analysis (Importar hoja de muestras para análisis local)
4. **[Opcional]** Establezca las longitudes de lectura predeterminadas para los experimentos manuales de la siguiente manera.
 - a. Confirme que el tipo de experimento manual es la selección de experimento predeterminada.
 - b. Seleccione la casilla de verificación **Default read lengths** (Longitudes de lectura predeterminadas).
 - c. Introduzca la información de lectura e índice.
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Detección automática de la información de índice

Esta función requiere BCL Convert 1.4 o posterior. Cuando está habilitada, esta función permite al sistema detectar automáticamente la información de índice y generar informes de demultiplexación y de BCL Convert. Este ajuste del sistema se aplica a todos los experimentos, a menos que la detección automática de índice esté configurada de otro modo en una hoja de muestras importada. Consulte en las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Instrument Settings** (Ajustes del instrumento).
3. Para cambiar la configuración predeterminada, desmarque la casilla de verificación **Automatically detect and update index information** (Detectar y actualizar automáticamente la información de índice).
4. **[Opcional]** Seleccione la casilla de verificación **Save FASTQ files for sequencing only runs** (Guardar archivos FASTQ para experimentos de secuenciación solamente).
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Establecimiento de la gestión de datos del experimento predeterminada

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Run output file settings** (Ajustes de archivo de resultados de experimento).
3. Para cambiar el ajuste determinado de los experimentos con análisis secundarios locales, anule la selección de la casilla **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Transferir la carpeta de datos BCL al almacenamiento externo y/o a la nube).
Este ajuste no se aplica a experimentos manuales que solo generen archivos BCL ni a experimentos con análisis en la nube.
4. **[Opcional]** Seleccione la opción para eliminar los archivos de análisis secundarios del instrumento después de transferirlos al almacenamiento externo o a la nube.
Este ajuste requiere permisos de administrador.
5. Seleccione **Save** (Guardar).

Cebadores personalizados

Para usar cebadores personalizados para un experimento, es necesario realizar los pasos siguientes durante la configuración del experimento:

- Prepare y añada el volumen adecuado de cada cebador personalizado a las posiciones de cebador personalizado del cartucho de reactivos.
- Durante la revisión del experimento, configure el experimento para usar el cebador personalizado.
 - Para el NovaSeq X Series Control Software v1.2 y anteriores, descargue el archivo XML de la fórmula de cebador personalizado adecuado desde la [página del sitio de asistencia de NovaSeq X Series](#). Cargue la fórmula de cebador personalizado durante la revisión del experimento.
 - Para el NovaSeq X Series Control Software v1.3 y posteriores, seleccione las casillas de verificación del cebador personalizado correspondientes. Al cargar una fórmula personalizada se desactivan las casillas de verificación del cebador personalizado.

Todos los demás pasos siguen el flujo de trabajo estándar. Consulte [Protocolo, en la página 64](#) para obtener instrucciones sobre el protocolo de secuenciación.

Cuando se utilizan cebadores personalizados para la lectura 1 o la lectura 2, el software indica al instrumento que tire de los pocillos CP1 y CP2. Por lo tanto, los cebadores Illumina no se utilizan para el experimento de secuenciación. Los cebadores Illumina hacen referencia a los cebadores que ya están en el cartucho de reactivos.

Si no se utilizan los cebadores Illumina para la lectura 1 o la lectura 2, el control PhiX de Illumina opcional *no* se secuencia. Para utilizar el control PhiX con cebadores personalizados, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para obtener instrucciones.

i | Dado que PhiX no está indexado, los datos de secuenciación del control PhiX no se generan para las lecturas de índices, independientemente de qué cebador de indexación se utilice.

Preparación y adición de cebadores personalizados

Los cebadores personalizados se preparan con el tampón de cebador personalizado NovaSeq X Series y se añaden a continuación al cartucho de reactivos. Asegúrese de que el cartucho de reactivos esté descongelado y se haya inspeccionado antes de continuar.

Preparación de cebadores personalizados

1. Si están congelados, descongele los cebadores personalizados que vaya a utilizar.
2. Utilice el tampón de cebador personalizado de NovaSeq X Series para diluir cebadores personalizados con el fin de producir los volúmenes siguientes a una concentración final de 0,3 μ M. Cuando se combinan cebadores para hacer la mezcla de cebadores personalizados de lectura de índice o de cualquier tipo de cebadores personalizados de lectura, cada cebador debe estar a una concentración final de 0,3 μ M.

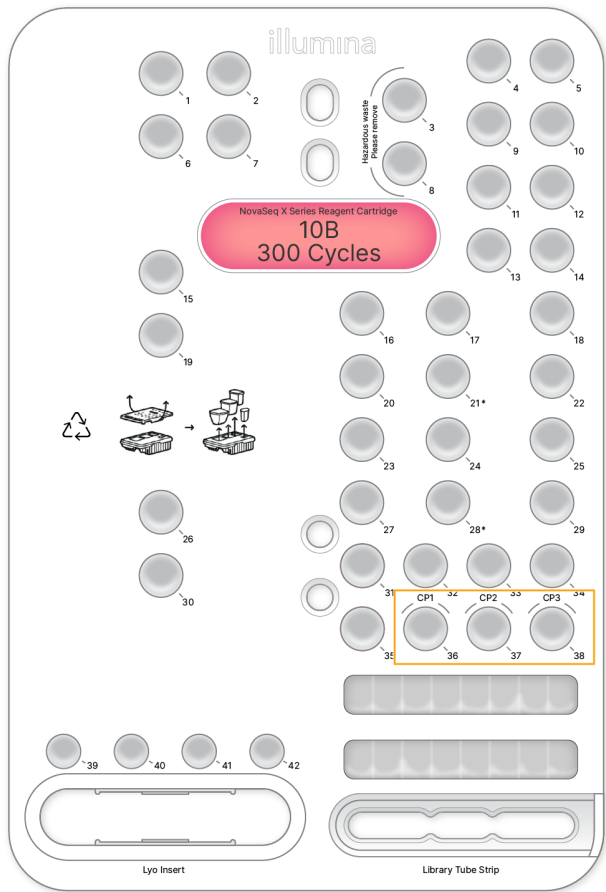
Cebador personalizado	Volumen (ml) para Celda de flujo 1.5B	Volumen (ml) para Celda de flujo 5B, 10B o 25B
Cebador personalizado de la lectura 1	3	5
Cebador personalizado de la lectura 2	3	5
Mezcla de cebadores personalizados de los índices 1 y 2	5	6

Adición de cebadores personalizados

1. Utilice una toallita termosellada de Polynit para limpiar la lámina metálica de cierre que cubre cada posición de cebador personalizado.

Posición	Cebador personalizado
CP1	Cebador personalizado de la lectura 1

Posición	Cebador personalizado
CP2	Cebador personalizado de la lectura 2
CP3	Mezcla de cebadores personalizados de los índices 1 y 2



- Con una punta de pipeta limpia, perfore la lámina metálica de cierre que cubre cada posición de cebador personalizado.
- Añada los volúmenes siguientes de cebador personalizado a la posición adecuada en el cartucho de reactivos. Evite tocar la lámina metálica de cierre cuando dispense el cebador.

Posición	Cebador personalizado	Volumen (ml) para Celda de flujo 1.5B	Volumen (ml) para Celda de flujo 5B, 10B o 25B
CP1	Cebador personalizado de la lectura 1	3	5
CP2	Cebador personalizado de la lectura 2	3	5
CP3	Mezcla de cebadores personalizados de los índices 1 y 2	5	6

Protocolo

Esta sección proporciona instrucciones paso a paso sobre cómo preparar los consumibles y configurar un experimento de secuenciación.

Cuando manipule reactivos y otras sustancias químicas, utilice gafas de seguridad, una bata de laboratorio y guantes sin talco.

Asegúrese de contar con el equipo y los consumibles necesarios antes de iniciar un protocolo. Consulte [Consumibles y equipos, en la página 35](#).

Siga los protocolos en el orden mostrado, con los volúmenes, las temperaturas y las duraciones que se especifiquen.

Planificación de un experimento de secuenciación

Puede utilizar una de las opciones siguientes para planificar un experimento de secuenciación de NovaSeq X Series. Tras la configuración de un experimento, el experimento planificado se muestra en la pestaña Planned (Planificados) de la pantalla Runs (Experimentos) y está disponible para su selección al iniciar un experimento de secuenciación.

- Para planificar sus experimentos en la nube, utilice BaseSpace Sequence Hub.
 - Antes de la planificación de un experimento, asegúrese de haber configurado sus ajustes de la nube. Para obtener más información, consulte [Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive, en la página 50](#).
 - Después de guardarlo, el experimento está disponible en el instrumento para la secuenciación. Si el instrumento no está conectado a la nube, puede exportar un archivo de hoja de muestras v2 e importar el experimento de secuenciación a su sistema de secuenciación.
 - Para obtener más información sobre BaseSpace Sequence Hub, consulte la página del [sitio de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).
- Para planificar su experimento a nivel local, utilice el NovaSeq X Series Control Software disponible en el instrumento o a través de un ordenador conectado a la red.
 - Después de la secuenciación, el análisis integrado en el instrumento comenzará automáticamente. Los datos de CBCL y los archivos de resultados del análisis secundario de DRAGEN se conservan en la carpeta de resultados seleccionada.
 - Si está utilizando un ordenador conectado a la red, el ordenador debe estar conectado a la misma red local que el sistema de secuenciación y tener un certificado raíz instalado.
 - Para configurar un experimento y realizar una secuenciación sin conexión de red, consulte [Inicio de un experimento manual, en la página 75](#) o [Importación de hoja de muestras, en la página 73](#).

Crear un experimento planificado

Para planificar un nuevo experimento de secuenciación, utilice la interfaz de planificación de experimentos en la nube o en el instrumento. Como alternativa, puede importar un archivo en formato de hoja de muestras v2 para crear un experimento planificado.

Si es necesario, utilice una de las opciones siguientes para generar una hoja de muestras:

- Desplácese al software de control remoto. Seleccione el nombre del experimento y, a continuación, seleccione **Export sample sheet** (Exportar hoja de muestras). Seleccione **Export** (Exportar) para guardar la hoja de muestras.
- Planifique un experimento de secuenciación en BaseSpace Sequence Hub Run Planning (Planificación de experimentos en BaseSpace Sequence Hub) y use almacenamiento local. Después de terminar de planificar el experimento, exporte la hoja de muestras.
- Utilice una hoja de muestras ubicada en la carpeta de resultados de un experimento de secuenciación terminado.

Creación de un experimento

Para planificar un experimento en el instrumento, vaya a la pestaña Planned (Planificados) de la pantalla Runs (Experimentos). En BaseSpace Sequence Hub, utilice la opción de planificación de del experimento. Proporcione la información necesaria conforme a las indicaciones de la interfaz.

Ajustes del experimento	Detalles
Nombre del experimento	Nombre único para identificar el experimento.
Descripción del experimento	Descripción del experimento.
Plataforma del instrumento	Sistema de secuenciación (NovaSeq X Series).
Análisis secundario	Indica la ubicación del análisis secundario, si corresponde. Analice los datos de secuenciación en la nube con BaseSpace Sequence Hub o en el instrumento. Como alternativa, configure un experimento sin análisis secundario.
Número de ciclos de cada lectura	Introduzca los valores de Read 1 (Lectura 1), Index 1 (Índice 1), Index 2 (Índice 2) y Read 2 (Lectura 2). Para obtener más información, consulte Número de ciclos, en la página 66 . En el caso de un experimento solo de PhiX, introduzca 0 en ambos campos de índice.
ID de tubo de genotecas	El ID ubicado en la etiqueta de la gradilla de tubos de la genoteca. Este ajuste también puede referirse como ID de contenedor de muestras.

Para obtener información sobre la configuración del análisis secundario, consulte [Configuración de un análisis secundario, en la página 67](#).

Importación de una hoja de muestras

1. Vaya a la pestaña **Planned** (Planificados) de la pantalla **Runs** (Experimentos).
2. Seleccione **Import sample sheet** (Importar hoja de muestras) y, a continuación, abra el archivo v2 de hoja de muestras.
Consulte la [página de asistencia de Recursos de las hojas de muestras v2](#) para obtener información sobre el formato y los requisitos de las hojas de muestras.
3. Una vez validada la hoja de muestras, seleccione **Next** (Siguiente) para revisar los detalles del experimento importado.
Durante la revisión, los detalles del experimento importado se pueden editar.
4. **[Opcional]** Realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Para editar los ajustes del experimento o los ajustes de la configuración, seleccione **Edit** (Editar) junto al experimento o la configuración.
 - Para eliminar una configuración, seleccione **Delete** (Eliminar) junto a la configuración y, a continuación, seleccione **Yes, delete** (Sí, eliminar).
 - Para añadir otra configuración de análisis al experimento, seleccione **Add another configuration** (Añadir otra configuración).
5. Para guardar el experimento, seleccione una de las opciones siguientes.
 - Para editar los detalles del experimento más tarde, seleccione **Save as draft** (Guardar como borrador).
 - Para finalizar los detalles del experimento y planificar la secuenciación, seleccione **Save as planned** (Guardar según lo planificado).

Número de ciclos

El número total de ciclos de lectura y de índice no puede superar el número de ciclos especificado por el kit de reactivos. El límite del ciclo de índice se aplica a los ciclos utilizados como índice, no a los ciclos de identificador molecular único (UMI) o a las lecturas recortadas.

Si está planificando un experimento en la nube que utilice varias configuraciones de análisis, proporcione la longitud de lectura más larga requerida por la configuración. Al realizar una configuración, la anulación recorta automáticamente la longitud en función de las longitudes recomendadas para el kit de preparación de genotecas seleccionado.

El valor de Lectura 2 suele ser el mismo que el valor de Lectura 1.

Límites de ciclos

- Lectura 1: Hasta 301 ciclos.
- Índice 1: Hasta 12 ciclos para un experimento planificado en BaseSpace Sequence Hub. Hasta 10 ciclos para experimentos planificados en el instrumento.
- Índice 2: Hasta 12 ciclos para un experimento planificado en BaseSpace Sequence Hub. Hasta 10 ciclos para experimentos planificados en el instrumento.

- Lectura 2: Hasta 301 ciclos.

Configuración de un análisis secundario

Los sistemas de secuenciación NovaSeq X y NovaSeq X Plus le permiten realizar múltiples análisis de DRAGEN en un experimento de secuenciación individual. Antes de configurar los análisis secundarios, asegúrese de tener instalada la aplicación de DRAGEN adecuada en el instrumento. Para obtener más información sobre la instalación de aplicaciones de DRAGEN, consulte [Instalación de aplicaciones, en la página 55](#).

Puede crear hasta 12 combinaciones de genoma de referencia y aplicación de análisis con una aplicación solo para BCL Convert adicional. Para cada combinación, puede utilizar hasta 32 configuraciones utilizando un kit de preparación de genotecas, un kit de adaptador de índice o ajustes de configuración diferentes para una combinación de genoma de referencia y aplicación de análisis ya utilizada.

Las combinaciones siguientes se incluyen en el límite de 12 configuraciones:

- La misma aplicación de análisis y versión de aplicación con un genoma de referencia diferente
- El mismo genoma de referencia con una aplicación o versión de aplicación diferentes
- Una aplicación o versión de aplicación diferentes con un genoma de referencia diferente

Configure el análisis secundario tal y como se indica a continuación.

1. Seleccione una aplicación y proporcione los siguientes parámetros de configuración para el experimento:

- **[Opcional]** Descripción de la configuración
- Kit de preparación de genotecas
- Kit de adaptador de índice
- Genoma de referencia (no aplicable para DRAGEN BCL Convert)

Al seleccionar un kit de preparación de genotecas de Illumina, las secuencias adaptadoras para la lectura 1 y la lectura 2 se rellenan automáticamente y no se pueden modificar. Los ciclos de anulación también se rellenan de forma automática.

2. Proporcione los ajustes de análisis adicionales necesarios. Los ajustes disponibles o necesarios varían en función de la aplicación, la versión de la aplicación y los parámetros de configuración seleccionados. Para obtener más información sobre el análisis secundario DRAGEN, consulte la [página de asistencia de DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina](#) y las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).
3. Para introducir la información de la muestra, utilice una de las siguientes opciones:
 - Para importar la información de la muestra, descargue la plantilla CSV, añada la información de la muestra e importe el archivo CSV editado.

- Pegue los ID de las muestras y las posiciones de pocillos de la placa de índices, o los índices i7 e i5 directamente desde un archivo externo. Antes de pegar, añada filas de muestras adicionales según sea necesario. Los ID de muestra pueden contener un máximo de 20 caracteres alfanuméricos, guiones y guiones bajos.

 Las placas de índices con una disposición fija requieren entradas para la posición de los pocillos. Las placas que no tienen una disposición fija requieren entradas para los índices i7 e i5. Los índices i5 deben introducirse en dirección de avance.

- Introduzca manualmente los ID de muestra y las posiciones o los índices de pocillos correspondientes. Si se selecciona Not Specified (No especificado) para el kit de preparación de genotecas, introduzca las secuencias del Índice 2 (i5) en dirección de avance.

4. Finalice la configuración del experimento.

- Para editar los detalles del experimento más tarde, seleccione **Save as draft** (Guardar como borrador).
- Para finalizar los detalles del experimento y hacer que esté disponible para la secuenciación, seleccione **Save as planned** (Guardar como planificado).

Descongelación de consumibles

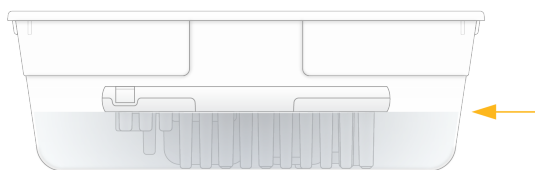
Siga estas instrucciones para descongelar los consumibles antes de la secuenciación.

Descongelación del cartucho de reactivos en un baño de agua controlado

Siga las instrucciones siguientes para descongelar el cartucho de reactivos en un baño de agua a temperatura ambiente (de 15 °C a 30 °C).

 Si introduce la gradilla de tubos de la genoteca o el inserto liofilizado en el cartucho de reactivos mientras realiza la descongelación, se podría producir una pérdida de calidad de los datos o un fallo en el experimento.

1. Póngase un par de guantes sin talco nuevos y saque el cartucho de donde esté almacenado de -25 °C a -15 °C.
2. Retire el cartucho de la caja y, a continuación, retírelo de la bolsa.
3. Sumerja el cartucho de reactivos en un baño de agua de laboratorio a temperatura ambiente hasta que el agua llegue al fondo de la cubierta del cartucho.



! El uso de agua caliente para descongelar reactivos podría reducir la calidad de los datos o provocar fallos en el experimento.

4. Descongele durante 4 horas. No supere las 24 horas.
5. **[25B, 10B, 5B]** Para confirmar que los reactivos están descongelados, inspeccione la posición del pocillo n.º 30 en la parte inferior del cartucho y asegúrese de que el contenido no tenga hielo. Para el Kit de reactivos NovaSeq X Series 1.5B, Illumina recomienda seguir estrictamente las condiciones y los tiempos de descongelación proporcionados. Para este kit, las comprobaciones visuales para confirmar que los reactivos están descongelados pueden no ser precisas.
6. Seque por completo el cartucho utilizando papeles absorbentes. Seque entre los pocillos debajo del cartucho de forma que se elimine toda el agua.
7. Invierta o golpee suavemente la parte inferior del cartucho en el banco para eliminar el exceso de agua.
8. Inspeccione las láminas metálicas de cierre en busca de agua.
9. Si sigue habiendo agua, séquela con una toallita sin pelusa.
10. Invierta el cartucho 10 veces para mezclar los reactivos.
11. Golpee suavemente el fondo del cartucho en el banco para reducir las burbujas de aire.
12. Si no se puede cargar el cartucho de reactivos en el instrumento en las 24 horas siguientes, almacénelo a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C durante 72 horas como máximo o vuelva a colocarlo en el almacenamiento a entre -25 °C y -15 °C durante 7 días como máximo. Después de descongelarlo, no vuelva a congelarlo más de una vez.

Descongelación del cartucho de reactivos en el frigorífico

Siga las instrucciones siguientes para descongelar el cartucho de reactivos en un frigorífico a entre 2 °C y 8 °C.

- ! Si introduce la gradilla de tubos de la genoteca o el inserto liofilizado en el cartucho de reactivos mientras realiza la descongelación, se podría producir una pérdida de calidad de los datos o un fallo en el experimento.
1. Póngase un par de guantes sin talco nuevos y saque el cartucho de donde esté almacenado de -25 °C a -15 °C.

2. Retire el cartucho de la caja y, a continuación, retírelo de la bolsa.
3. Descongele en un frigorífico a entre 2 °C y 8 °C durante 48 horas.
4. Invierta el cartucho 10 veces para mezclar los reactivos.
5. Golpee suavemente el fondo del cartucho en el banco para reducir las burbujas de aire.
6. Si no se puede cargar el cartucho de reactivos en el instrumento en las 24 horas siguientes, almacénelo a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C durante 72 horas como máximo o vuelva a colocarlo en el almacenamiento a entre -25 °C y -15 °C durante 7 días como máximo. Después de descongelarlo, no vuelva a congelarlo más de una vez.

Descongelación del inserto liofilizado

1. Extraiga el inserto liofilizado almacenado a entre -25 °C y -15 °C.
2. Descongele a temperatura ambiente durante diez minutos.
3. Si el inserto liofilizado no se puede cargar en un plazo de 24 horas, vuelva a almacenarlo a entre -25 °C y -15 °C. Después de descongelarlo, no vuelva a congelarlo más de una vez.

Descongelación de tampones de cebadores personalizados y de precarga

1. Retire los tampones de cebadores personalizados y de precarga almacenados entre -25 °C y -15 °C.
2. Descongele a temperatura ambiente 10 minutos y, a continuación, invierta cinco veces.
3. Si los tampones de cebadores personalizados y de precarga no se pueden cargar en un plazo de 8 horas, vuelva a almacenar a entre -25 °C y -15 °C. Después de descongelarlo, no vuelva a congelarlo más de una vez.

Descongelación de celda de flujo

1. Extraiga un nuevo embalaje de celda de flujo de su almacenamiento a una temperatura de entre 2 °C y 8 °C.
2. Deje a un lado el embalaje de la celda de flujo cerrado entre 10 y 15 minutos para que la celda de flujo alcance la temperatura ambiente.
3. Deje la celda de flujo en el embalaje hasta su uso. Utilice la celda de flujo en un plazo de 2 horas desde su extracción del lugar de almacenamiento. Si la celda de flujo no se puede utilizar en un plazo de 2 horas, vuelva a almacenarla entre 2 °C y 8 °C, y utilícela en un plazo de 24 horas.

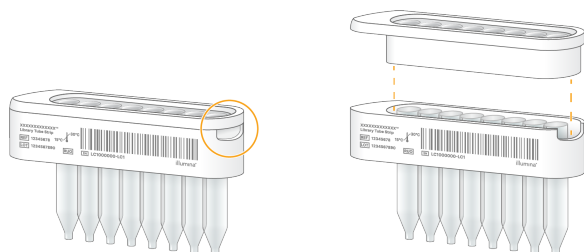
Genotecas de desnaturalización y dilución

Para obtener información sobre la desnaturalización y la dilución, consulte [Generador de protocolos de desnaturalización y dilución](#).

Carga del inserto liofilizado y la gradilla de tubos de la genoteca

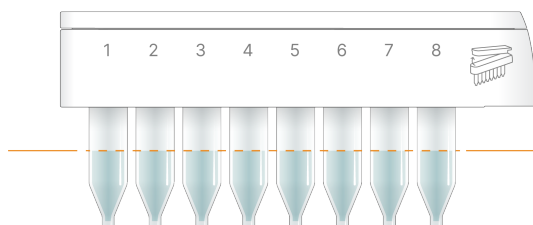
Antes de la secuenciación, cargue el inserto liofilizado y la gradilla de tubos de la genoteca en el cartucho de reactivos del modo siguiente.

1. Registre el ID del tubo de la genoteca en la gradilla de tubos de la genoteca. El ID del tubo de la genoteca se utiliza en la planificación de un experimento de secuenciación.
2. Destape la gradilla de tubos de la genoteca. No perforo las láminas de aluminio de la gradilla de tubos de la genoteca.



3. Dispense la cantidad correspondiente de genoteca desnaturalizada o genoteca desnaturalizada con PhiX en cada tubo de muestras.
 - [25B] 275 μ l
 - [10B, 5B, 1.5B] 165 μ l
4. Añada la cantidad adecuada de tampón de precarga a todos los tubos de muestras no utilizados.
 - [25B] 275 μ l
 - [10B, 5B, 1.5B] 165 μ l
5. Después de dispensar genotecas, tape la gradilla de tubos de la genoteca. Asegúrese de que no haya formación de cámaras de aire en el fondo de los tubos.
6. Centrifugue a $280 \times g$ durante 1 minuto utilizando el adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca. Asegúrese de contrarrestar el adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca cargado con otro adaptador que esté cargado con una gradilla de tubos de la genoteca llena hasta 275 μ l o 165 μ l por tubo.

! Si se centrifuga a una velocidad superior a la recomendada por Illumina, la RFID de la gradilla de tubos de la genoteca podría desprenderse.
7. Si no se recogen las genotecas en el fondo del tubo, repita el centrifugado.
8. Asegúrese de que el volumen sea uniforme en todos los tubos.



9. Inserte la gradilla de tubos de la genoteca en el cartucho de reactivos y presione hacia abajo. Oirá un clic que indica que la gradilla de tubos de la genoteca está en su sitio.
10. Introduzca el inserto liofilizado en el cartucho de reactivos y presione hacia abajo. Oirá un clic que indica que el inserto liofilizado está en su sitio.

Inicio de un experimento de secuenciación

Puede iniciar un experimento de secuenciación seleccionando un experimento planificado o creando un experimento manual. Para iniciar un experimento en el lado inactivo del instrumento mientras hay experimento en curso en el otro lado, consulte [Inicio escalonado de experimentos, en la página 83](#).

Si está analizando datos en la nube, comienza automáticamente un análisis secundario en BaseSpace Sequence Hub o ICA. Si está analizando datos a nivel local, el análisis en el instrumento comienza automáticamente y los archivos de resultados se guardan en la carpeta de resultados seleccionada.

Antes de iniciar un experimento, asegúrese de que dispone del espacio necesario en el disco duro. Los requisitos de almacenamiento se ven afectados por el número de ciclos de secuenciación, el tamaño de las muestras, la configuración del análisis secundario y el tipo de compresión. El sistema de NovaSeq X Series puede almacenar al menos 2 celdas de flujo con un valor de 25B de datos para cualquier configuración de análisis secundario. Para configuraciones de análisis secundarios que generan cantidades más pequeñas de datos (por ejemplo, DRAGEN BCL Convert o DRAGEN Enrichment), el sistema de secuenciación podría almacenar 4 celdas de flujo con un valor de 25B de datos.

Si el almacenamiento no es suficiente para iniciar un experimento, un mensaje de error le pedirá que libere espacio. Para obtener más información, consulte [Liberación de espacio en el disco duro, en la página 97](#).

Para un ejemplo de salida de datos de resultados para cada tipo de celda de flujo, consulte [Generación y almacenamiento de datos, en la página 94](#).

Inicio de un experimento planificado

Si está utilizando BaseSpace Sequence Hub o ICA, asegúrese de haber configurado los ajustes de la nube. Para obtener más información, consulte [Configuración de los ajustes de la nube y la asistencia de Illumina Proactive, en la página 50](#).

1. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones de [Inicio y cierre de sesión, en la página 84](#).
2. Vaya a la pantalla Start (Inicio) y, a continuación, seleccione **Start** (Iniciar).
3. Seleccione **Sequencing** (Secuenciación).

4. En NovaSeq X Plus, seleccione un lado del instrumento para un experimento unilateral o seleccione ambos lados para un experimento bilateral.

i | Si hay un experimento unilateral en curso, el lado inactivo del instrumento muestra el siguiente tiempo disponible para un inicio escalonado. Para obtener más información, consulte [Inicio escalonado de experimentos, en la página 83](#).
5. Seleccione un experimento de la lista de experimentos planificados.
Para un experimento bilateral en NovaSeq X Plus, seleccione un experimento para cada lado.
6. Seleccione **Review** (Revisar) y revise la información del experimento.
7. Para utilizar cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación **Custom primer** (Cebador personalizado) correspondientes.
Para obtener más información sobre los cebadores personalizados, consulte [Cebadores personalizados, en la página 61](#).
8. Si el instrumento está conectado a la nube, confirme el ajuste de experimento en la nube.
9. Confirme la carpeta de resultados.
Para los experimentos con almacenamiento en la nube habilitado, se proporcionan las opciones siguientes:
 - Para transferir datos de experimento a una carpeta de almacenamiento local además de la nube, proporcione una carpeta de resultados.
 - Para transferir solo datos de experimento a la nube, seleccione **Don't transfer run data to external output folder** (No transferir datos de experimento a la carpeta de resultados externa).
Para cambiar la carpeta de resultados predeterminada, consulte [Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada, en la página 53](#).
10. Si realiza un análisis secundario local, confirme el ajuste de transferencia de la carpeta de datos de BCL.
Para actualizar la selección de gestión de datos de experimento predeterminada, consulte [Personalización de los ajustes del sistema, en la página 59](#).
11. **[Opcional]** Seleccione un archivo de fórmula personalizada.
12. Después de revisar la información del experimento, seleccione **Load Consumables** (Cargar consumibles).

Importación de hoja de muestras

1. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones de [Inicio y cierre de sesión, en la página 84](#).
2. Vaya a la pantalla Start (Inicio) y, a continuación, seleccione **Start** (Iniciar).
3. Seleccione **Sequencing** (Secuenciación).
4. En NovaSeq X Plus, seleccione un lado del instrumento para un experimento unilateral o seleccione ambos lados para un experimento bilateral.

i | Si hay un experimento unilateral en curso, el lado inactivo del instrumento muestra el siguiente tiempo disponible para un inicio escalonado. Para obtener más información, consulte [Inicio escalonado de experimentos, en la página 83](#).

5. En la parte superior de la lista de experimentos, seleccione **Import sample sheet** (Importar hoja de muestras).

Para cambiar la configuración predeterminada del experimento, consulte [Personalización de los ajustes del sistema, en la página 59](#).

6. Seleccione **Select file** (Seleccionar archivo) y abra el archivo v2 de hoja de muestras.

i | La hoja de muestras seleccionada debe tener el formato v2. Consulte la [página de asistencia de Recursos de las hojas de muestras v2](#) para obtener información sobre el formato y los requisitos de las hojas de muestras v2.

7. Seleccione **Review** (Revisar) y revise la información del experimento.

8. Para utilizar cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación **Custom primer** (Cebador personalizado) correspondientes.

Para obtener más información sobre los cebadores personalizados, consulte [Cebadores personalizados, en la página 61](#).

9. Si el instrumento está conectado a la nube, confirme el ajuste de experimento en la nube.

10. Confirme la carpeta de resultados.

Para los experimentos con almacenamiento en la nube habilitado, se proporcionan las opciones siguientes:

- Para transferir datos de experimento a una carpeta de almacenamiento local además de la nube, proporcione una carpeta de resultados.
- Para transferir solo datos de experimento a la nube, seleccione **Don't transfer run data to external output folder** (No transferir datos de experimento a la carpeta de resultados externa).

Para cambiar la carpeta de resultados predeterminada, consulte [Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada, en la página 53](#).

11. Si realiza un análisis secundario local, confirme el ajuste de transferencia de la carpeta de datos de BCL.

Para actualizar la selección de gestión de datos de experimento predeterminada, consulte [Personalización de los ajustes del sistema, en la página 59](#).

12. **[Opcional]** Seleccione un archivo de fórmula personalizada.

Si utiliza el kit de preparación de ARN total monocatenario con Ribo-Zero Plus de Illumina o el kit de preparación de ARNm monocatenario de Illumina, es necesario seleccionar la fórmula personalizada. Para obtener más información, consulte [Secuenciación mediante ciclo de oscuridad, en la página 117](#).

13. Cuando finalice, seleccione **Load consumables** (Cargar consumibles).

Inicio de un experimento manual

1. Si no ha iniciado sesión, siga las instrucciones de [Inicio y cierre de sesión, en la página 84](#).
2. Vaya a la pantalla Start (Inicio) y, a continuación, seleccione **Start** (Iniciar).
3. Seleccione **Sequencing** (Secuenciación).
4. En NovaSeq X Plus, seleccione un lado del instrumento para un experimento unilateral o seleccione ambos lados para un experimento bilateral.

i | Si hay un experimento unilateral en curso, el lado inactivo del instrumento muestra el siguiente tiempo disponible para un inicio escalonado. Para obtener más información, consulte [Inicio escalonado de experimentos, en la página 83](#).

5. En la parte superior de la lista de experimentos, seleccione **Manual** (Manual).
Para cambiar la configuración predeterminada del experimento, consulte [Personalización de los ajustes del sistema, en la página 59](#).
6. Introduzca un nombre de secuenciación.
El nombre del experimento puede contener un máximo de 225 caracteres alfanuméricos, espacios, guiones y guiones bajos.
7. Seleccione Single (Individual) o Paired-end (Extremos emparejados) como tipo de lectura.
8. Introduzca el número de ciclos realizado en cada lectura y la longitud de cada lectura del índice.
El número total de ciclos de lectura y de índice no puede superar el número de ciclos especificado por el kit de reactivos.
 - **Read 1** (Lectura 1): introduzca el número de ciclos para la lectura 1.
 - **Index 1** (Índice 1): introduzca la longitud de la lectura para el índice 1. En el caso de un experimento solo de PhiX no indexado, introduzca 0 en ambos campos de índice.
 - **Index 2** (Índice 2): introduzca la longitud del índice leído para el índice 2.
 - **Read 2** (Lectura 2): introduzca el número de ciclos para la lectura 2. Este valor suele ser el mismo que el valor de la lectura 1.
9. **[Opcional]** Seleccione su hoja de muestras.

i | La hoja de muestras seleccionada debe tener el formato v2. Consulte la [página de asistencia de Recursos de las hojas de muestras v2](#) para obtener información sobre el formato y los requisitos de las hojas de muestras v2.

10. Seleccione **Review** (Revisar) y revise la información del experimento.
11. Para utilizar cebadores personalizados, seleccione las casillas de verificación **Custom primer** (Cebador personalizado) correspondientes.
Para obtener más información sobre los cebadores personalizados, consulte [Cebadores personalizados, en la página 61](#).
12. Si el instrumento está conectado a la nube, confirme el ajuste de experimento en la nube.
13. Confirme la carpeta de resultados.

Para los experimentos con almacenamiento en la nube habilitado, se proporcionan las opciones siguientes:

- Para transferir datos de experimento a una carpeta de almacenamiento local además de la nube, proporcione una carpeta de resultados.
- Para transferir solo datos de experimento a la nube, seleccione **Don't transfer run data to external output folder** (No transferir datos de experimento a la carpeta de resultados externa).

Para cambiar la carpeta de resultados predeterminada, consulte [Especificación de la ubicación de la carpeta de resultados predeterminada, en la página 53](#).

14. Si realiza un análisis secundario local, confirme el ajuste de transferencia de la carpeta de datos de BCL.

Para actualizar la selección de gestión de datos de experimento predeterminada, consulte [Personalización de los ajustes del sistema, en la página 59](#).

15. **[Opcional]** Seleccione un archivo de fórmula personalizada.

Si utiliza el kit de preparación de ARN total monocatenario con Ribo-Zero Plus de Illumina o el kit de preparación de ARNm monocatenario de Illumina, es necesario seleccionar la fórmula personalizada. Para obtener más información, consulte [Secuenciación mediante ciclo de oscuridad, en la página 117](#).

16. Cuando finalice, seleccione **Load consumables** (Cargar consumibles).

Carga de los consumibles

En NovaSeq X, solo el lado A está disponible para cargar consumibles. En NovaSeq X Plus, ambos lados están disponibles. Para experimentos unilaterales en NovaSeq X Plus, el lado del instrumento que no se seleccionó muestra el estado inactivo y no se puede editar.

Carga de la celda de flujo

1. Asegúrese de que la celda de flujo haya alcanzado la temperatura ambiente antes de cargarla.
2. En la pantalla Load consumables (Cargar consumibles), seleccione **Load flow cells** (Carga de celdas de flujo).

El monitor de visualización se eleva y la puerta de la celda de flujo se abre. La luz de la celda de flujo indica el lado del instrumento en el que se está realizando la secuenciación.

Espere hasta que la platina de la celda de flujo se haya extendido completamente antes de continuar.

3. Retire y deseche la celda de flujo utilizada de acuerdo con las normativas aplicables en su región. La celda de flujo no es reciclable.
4. Limpie la platina de la celda de flujo como se indica a continuación.
 - a. Humedezca una toallita termosellada de Polynit con alcohol isopropílico (70 %).
 - b. Limpie suavemente la superficie de la platina de la celda de flujo. Limpie solo en dirección longitudinal.

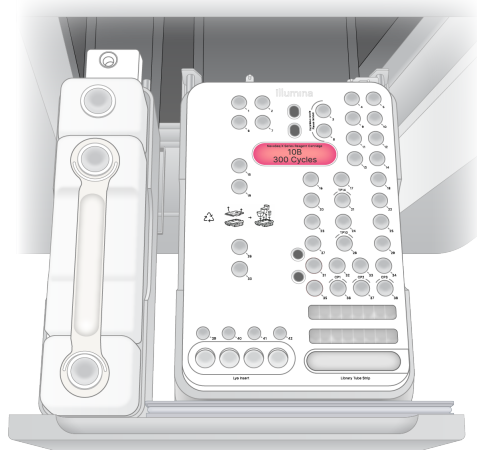
Evite tocar los distribuidores a menos que encuentre contaminantes.

- c. Repita los pasos [a](#) y [b](#) hasta que las superficies estén libres de contaminantes.
 - d. Seque con una toallita termosellada de Polynit nueva o con un lado no utilizado de la toallita usada para evitar la contaminación.
5. Póngase un par de guantes nuevos sin polvo para evitar contaminar la superficie de vidrio de la celda de flujo.
 6. Coloque el embalaje metálico de la celda de flujo en una superficie plana y ábralo tirando de la lengüeta de la esquina.
 7. Extraiga la celda de flujo del embalaje. Sujete la celda de flujo por los lados sin tocar el vidrio ni las juntas de la parte inferior.
 8. Limpie la celda de flujo como se indica a continuación.
 - a. Humedezca una toallita termosellada de Polynit con alcohol isopropílico (70 %).
 - b. Limpie suavemente la superficie de la celda de flujo. Limpie solo en dirección longitudinal.
 - c. Repita los pasos [a](#) y [b](#) hasta que las superficies estén libres de contaminantes.
 - d. Seque con una toallita termosellada de Polynit nueva o con un lado no utilizado de la toallita usada para evitar la contaminación.
-  Si no se limpian adecuadamente la celda de flujo y la platina de la celda de flujo, pueden producirse regiones con menos grupos que pasen el filtro o puntuaciones de calidad más bajas.
9. Deseche el embalaje de manera adecuada.
 10. Coloque la celda de flujo en la platina de la celda de flujo, de modo que la superficie superior quede mirando hacia arriba.
 11. Una vez cargadas las celdas de flujo, seleccione **Close flow cell door** (Cerrar la puerta de la celda de flujo).
El NovaSeq X Series muestra información de la celda de flujo escaneada después de 1 minuto.
 12. Una vez confirmada la celda de flujo, puede cargar los cartuchos de reactivos y tampones. Consulte [Carga de los cartuchos de reactivos y tampones, en la página 77](#).

Carga de los cartuchos de reactivos y tampones

1. Asegúrese de que el cartucho de reactivos se haya descongelado previamente y de que el inserto liofilizado y la gradilla de tubos de la genoteca estén insertados en el cartucho antes de la carga.
2. En la pantalla Load consumables (Cargar consumibles), seleccione **Load reagents and buffers** (Carga de reactivos y tampones).
Las puertas del instrumento se desbloquean automáticamente y el sistema muestra información sobre la carga de los cartuchos de reactivos y tampones.

3. Retire los cartuchos de tampones y reactivos usados. Consulte [Reciclaje de los consumibles utilizados, en la página 85](#) para obtener instrucciones sobre el reciclaje de los cartuchos de reactivos y tampones.
4. Inspeccione las láminas de aluminio de los cartuchos de tampones para comprobar si hay fugas.
5. Cargue los cartuchos del modo siguiente.
 - Coloque el cartucho de tampones en la posición izquierda.
 - Coloque el cartucho de reactivos en la posición derecha, de modo que la etiqueta de Illumina quede mirando hacia usted.



6. Vacíe las botellas de reactivos usados. Para obtener más información, consulte [Vaciado de botellas de reactivos usados, en la página 78](#).
7. Después de haber terminado de vaciar las botellas de reactivos usados, seleccione **Confirm** (Confirmar).
8. Cierre los cajones de reactivos y de reactivos usados, y, a continuación, cierre las puertas del instrumento.
El NovaSeq X Series muestra información de los consumibles escaneados después de 1 minuto.
9. Después de cargar todos los consumibles, seleccione **Verify** (Verificar).
10. Revise primero los detalles del experimento y seleccione después **Start Run** (Iniciar experimento).
Después de iniciar un experimento, las puertas del instrumento se bloquean automáticamente.

Vaciado de botellas de reactivos usados

Siga las instrucciones que aparecen a continuación para vaciar las botellas de reactivos utilizados antes de cada experimento de secuenciación y lavado de mantenimiento. El contenedor de residuos externo opcional recoge los reactivos tampón usados, que de otro modo irían a la botella de reactivo grande usada. Si el contenedor de residuos externo está instalado, debe vaciar el contenido de la botella de reactivo pequeña.

Para obtener información sobre el reciclaje del cartucho de reactivos utilizado y las botellas de tampones, consulte [Reciclaje de los consumibles utilizados, en la página 85](#).

⚠ | Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas que pueden ser peligrosas. Evite su inhalación, su ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que pueden provocar lesiones. La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de materiales peligrosos en los reactivos. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos usados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la SDS en support.illumina.com/sds.html.

Vaciado de la botella pequeña de reactivos usados

1. Retire la botella pequeña de reactivos usados de la parte posterior del cajón de reactivos usados. Sujete la botella por los lados.
2. Retire la tapa roscada del soporte de la tapa detrás de las botellas de reactivos usados.
3. Selle la abertura de la botella con la tapa para evitar que se derrame durante el transporte.
4. Mantenga el contenido apartado del contenido de la botella grande y deséchelo de conformidad con las normativas aplicables de su región.
5. Vuelva a colocar la botella destapada en el cajón de reactivos usados. Guarde la tapa en el soporte destinado a tal efecto.



Vaciado de la botella grande de reactivos usados

1. Utilice el mango superior para retirar la botella grande de reactivos usados de la parte delantera del cajón de reactivos usados.
2. Retire la tapa roscada del soporte de la tapa detrás de las botellas de residuos de reactivos usados.
3. Selle la abertura de la botella con la tapa para evitar que se derrame durante el transporte.
4. Destape el orificio de ventilación (A).

Destapar el orificio de ventilación ayuda a minimizar los derrames a lo largo de los lados de la botella.



5. Retire la tapa de la abertura de la botella.
6. Deseche el contenido a través de la abertura de la botella de acuerdo con las normativas aplicables de su región. Sujete los mangos durante el vaciado.
7. Selle el orificio de ventilación con la tapa una vez que se vacíe la botella.
8. Vuelva a colocar la botella destapada con el orificio de ventilación tapado en el cajón de residuos. Guarde la tapa roscada en el soporte destinado a tal efecto.



9. Utilice un nuevo par de guantes sin talco.

Comprobaciones previas al experimento

Las comprobaciones previas al experimento incluyen comprobaciones del sistema de software, comprobaciones del instrumento, comprobaciones de la alineación y comprobaciones de la fluídica.

1. Espere aproximadamente 35 minutos a que finalicen las comprobaciones previas al experimento. Una vez terminadas las comprobaciones previas al experimento, este se inicia automáticamente.
2. Para detener las comprobaciones previas al experimento, seleccione **Cancel** (Cancelar) y, a continuación, **Yes, cancel checks** (Sí, cancela las comprobaciones) para confirmar.

 La celda de flujo y el cartucho de tampones no se pueden reutilizar una vez comenzada la comprobación de la fluídica.

3. Si se produce un error, seleccione **Retry** (Reintentar) para repetir la comprobación. Los errores para los que no es posible volver a intentar la acción no muestran la opción de reintentar.
4. Si se produce un error de fluídica, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina. No puede reintentar las comprobaciones de fluídica.

Supervisión del progreso del experimento

Puede supervisar el progreso del experimento, cancelar un experimento o iniciar un nuevo experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación). Puede supervisar el progreso del experimento en el instrumento o en un ordenador conectado a la red. Si tiene activada la supervisión de experimentos en

la nube, puede ver el progreso del experimento en BaseSpace Sequence Hub. Para ver detalles adicionales del experimento y el estado del experimento, consulte [Gestión de experimentos, en la página 17](#).

Para ver métricas y visualizaciones adicionales, puede utilizar el Sequencing Analysis Viewer (SAV). Para obtener más información sobre SAV, consulte la página del [sitio de asistencia de Sequencing Analysis Viewer](#).

Si el experimento se cancela en cualquier momento, se realiza automáticamente un lavado posterior al experimento. Si un lavado posterior al experimento falla o no se realiza debido a un error, realice un lavado de mantenimiento antes de comenzar un nuevo experimento de secuenciación. Para obtener instrucciones, consulte [Realización de un lavado de mantenimiento, en la página 104](#).

1. Supervise el estado del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o en la pestaña Active (Activos) de la pantalla Runs (Experimentos).
La pantalla Sequencing (Secuenciación) contiene el tiempo de finalización del experimento estimado, que requiere 10 experimentos anteriores para calcular de forma precisa el tiempo de finalización del experimento.
La pestaña Active (Activo) de la pantalla Runs (Experimentos) incluye la hora en que se inició el proceso e información adicional sobre el estado del experimento. El estado indica cuáles de las siguientes actividades están en curso:
 - Secuenciación
 - Transferencia de datos de secuenciación al almacenamiento externo
 - Transferencia de archivos externos
 - Análisis secundario
 - Transferencia de archivos de análisis secundario al almacenamiento externo
2. Supervise las métricas siguientes en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o Runs (Experimentos).
 - **% ≥Q30**: el porcentaje promedio de llamadas de bases con una puntuación Q ≥30.
 - **Yield** (Rendimiento): el número esperado de bases llamadas para el experimento.
 - **Total reads PF** (Total de lecturas PF): el número de lecturas de extremos emparejados (si corresponde) (en millones) que superan el filtro.
3. Para revisar cualquier detalle adicional del experimento, seleccione el nombre del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o en la pestaña Active (Activos) de la pantalla Runs (Experimentos).
4. Una vez finalizado el experimento, puede ver resultados adicionales del experimento. Seleccione el nombre del experimento en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o en la pestaña Completed (Terminados) en la pantalla Runs (Experimentos).
5. Deje los consumibles en el instrumento. No los retire hasta que se le indique durante la configuración de experimento siguiente.

Inicio escalonado de experimentos

En momentos específicos durante un experimento unilateral, puede configurar e iniciar un experimento en el lado inactivo de NovaSeq X Series. El sistema muestra la siguiente hora de inicio disponible para el lado inactivo, que permanece bloqueada a menos que solicite un inicio. Si la información de inicio escalonado no está disponible, la función no es compatible con la fórmula que se está utilizando. Si se requiere un lavado de mantenimiento en el lado inactivo del instrumento, no se puede solicitar un inicio escalonado.

Después de solicitar un inicio escalonado, el software pone automáticamente en pausa el experimento en curso para permitir la configuración de un nuevo experimento. El lado en pausa se pone en un estado seguro y se reanuda automáticamente.

i | Cuando comienza un experimento escalonado, el tiempo estimado de finalización del experimento previamente en curso puede cambiar. Asegúrese de comprobar las últimas estimaciones de tiempo.

La siguiente tabla muestra el tiempo aproximado durante el que el inicio escalonado está disponible por primera vez para un experimento en curso. Al final de cada ciclo hay disponibles puntos de pausa adicionales.

Tipo de celda de flujo	Tiempo (horas)
1.5B (600 ciclos)	~8
25B	~6,5
10B, 5B, 1,5B (100, 200 o 300 ciclos)	~6

! | Si cancela la configuración del experimento después de una pausa o la pausa finaliza después de 30 minutos sin iniciar la configuración del experimento, puede solicitar de nuevo un inicio escalonado. Sin embargo, detener un experimento varias veces puede afectar negativamente a la calidad de los datos del experimento.

Para iniciar un inicio escalonado, haga lo siguiente.

1. En la pantalla Sequencing (Secuenciación), seleccione **Request** (Solicitar) en el lado inactivo. Cuando el experimento en curso se pone en pausa, la opción de iniciar un nuevo experimento aparece en el lado bloqueado previamente.
2. Seleccione **Start** (Iniciar).
3. Configure un experimento de secuenciación. Para obtener instrucciones, consulte [Inicio de un experimento de secuenciación, en la página 72](#).

Una vez que se completen la configuración del experimento y las comprobaciones previas al experimento, se inicia el nuevo experimento y se reanuda el experimento pausado.



Evite retrasos durante la configuración del experimento. Si se pone en pausa un experimento durante un periodo prolongado de tiempo, la calidad de los datos del experimento puede verse afectada negativamente.

Inicio y cierre de sesión

Después de 30 minutos de inactividad o el tiempo de cierre de sesión establecido, la sesión del Software de control se cierra automáticamente. Siga las instrucciones siguientes para iniciar y cerrar la sesión manualmente.

Inicio de sesión

Una vez cerrada la sesión, haga clic en cualquier lugar para iniciarla. Dependiendo de la configuración de su instrumento, las credenciales de inicio de sesión pueden variar.

- Si no está conectado a la nube, inicie sesión con el nombre de usuario y la contraseña de su cuenta local.
- Si está conectado a la nube, inicie sesión con su nombre de usuario y contraseña de BaseSpace Sequence Hub y, a continuación, seleccione su grupo de trabajo. Solo puede seleccionar experimentos planificados creados por los usuarios en el grupo de trabajo seleccionado. También puede seleccionar **Sign in to local instrument** (Iniciar sesión en el instrumento local) e iniciar sesión con su cuenta local.
- Si está iniciando sesión por primera vez, introduzca la contraseña temporal creada por el administrador. Se le pedirá que cree una contraseña nueva una vez que haya iniciado sesión correctamente.

Con respecto al sistema, solo se puede iniciar una sesión de usuario de cada vez, pero se puede elegir un usuario para cada lado para seleccionar un experimento.

Cierre de sesión

Siga las instrucciones siguientes para cerrar la sesión antes de que se produzca el cierre de sesión automático.

Puede ajustar el tiempo de cierre de sesión predeterminado en la pantalla Password Policy (Política de contraseñas) de Settings (Ajustes). Para obtener instrucciones, consulte [Edición de los ajustes de la contraseña, en la página 49](#).

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Profile** (Perfil) y, a continuación, seleccione **Sign out** (Cerrar sesión).
Después de cerrar sesión, Software de control cierra el menú Profile (Perfil) y vuelve a la pantalla Sequencing (Secuenciación).

Reciclaje de los consumibles utilizados

Siga las instrucciones siguientes para reciclar el tampón de precarga, el tampón de cebador personalizado, el cartucho de reactivos, la gradilla de tubos de la genoteca, el inserto liofilizado y el cartucho de tampones. La celda de flujo no es reciclable.

Reciclaje de tampones

Siga las instrucciones siguientes para reciclar el tampón de precarga, el tampón de cebadores personalizados y el cartucho de los tampones.

Reciclaje del tampón de precarga y de cebadores personalizados

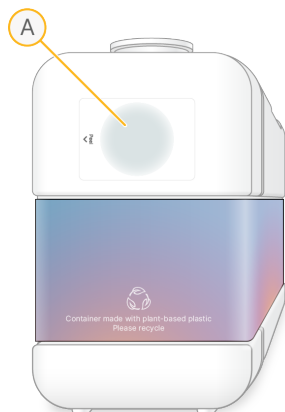
Los tubos del tampón de precarga y de cebadores personalizados están compuestos de plástico de polipropileno (PP). Las tapas del tampón de precarga y de cebadores personalizados están compuestas de plástico de polietileno de alta densidad (HDPE).

1. Enjuague los tubos del tampón de precarga y de cebadores personalizados.
2. Recicle los tubos y las tapas de acuerdo con las normativas aplicables en su región.

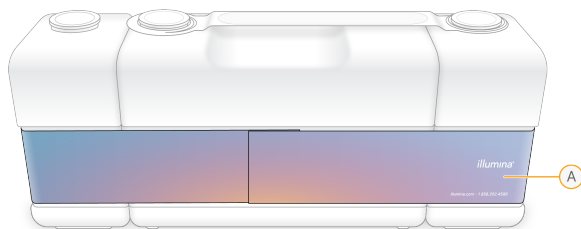
Reciclaje del cartucho de tampón

Las botellas y el mango del cartucho de tampón están compuestos de plástico de polietileno de alta densidad (HDPE). Siga las instrucciones siguientes para reciclar el cartucho de tampón.

1. Retire el cartucho de tampón del instrumento.
2. Retire las láminas de aluminio y, a continuación, deséchelas.
3. Vacíe el cartucho de tampón de conformidad con las normativas aplicables en su región.
4. Retire la etiqueta de RFID (A) y la RFID, y, a continuación, deséchelas.



5. Coloque el cartucho de tampón sobre una superficie plana y, a continuación, retire la banda de retención (A) para separar las tres botellas de tampones.



6. Enjuague las botellas de tampones y recíclelas de acuerdo con las normativas aplicables en su región.

Reciclaje del cartucho de reactivos

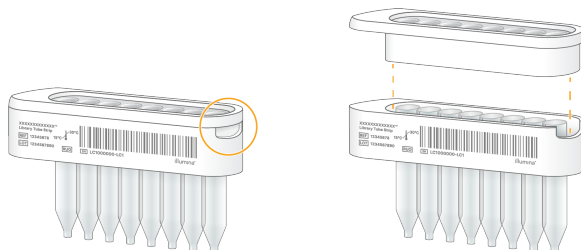
Después de retirar el cartucho de reactivos del instrumento, realice los pasos siguientes para reciclar la gradilla de tubos de la genoteca, el inserto liofilizado y el cartucho de reactivos. Los pocillos de posición n.º 3 y posición n.º 8 contienen formamida. Retire estos pocillos del cartucho de reactivos y deséchelos por separado.

⚠ | Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas que pueden ser peligrosas. Evite su inhalación, su ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que pueden provocar lesiones. La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de materiales peligrosos en los reactivos. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos usados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables. Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la SDS en support.illumina.com/sds.html.

Reciclaje del adaptador y la gradilla de tubos de la genoteca

La gradilla de tubos de la genoteca está compuesta de plástico de polipropileno (PP). El adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca está compuesto de plástico de polietileno de alta densidad (HDPE).

1. Separe la gradilla de tubos de la genoteca del cartucho de reactivos empujando la gradilla de tubos de la genoteca hacia arriba.
2. Retire la tapa de la gradilla de tubos de la genoteca y, a continuación, deséchela.



3. Retire la etiqueta RFID (A) y la RFID situadas debajo de la gradilla de tubos de la genoteca y, a continuación, deséchelas.

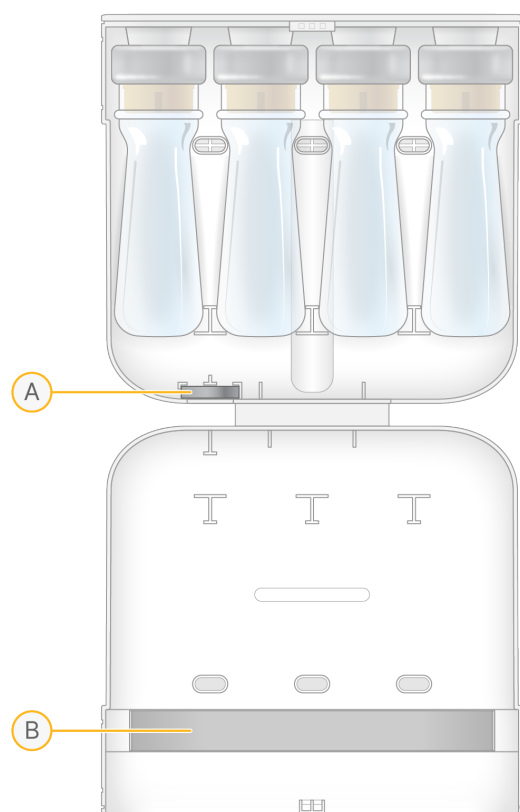


4. Enjuague la gradilla de tubos de la genoteca y, a continuación, recicle de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
5. Recicle el adaptador de la gradilla de tubos de la genoteca de acuerdo con las normativas aplicables en su región.

Reciclaje del inserto liofilizado

La cubierta del inserto liofilizado está compuesta de plástico de polipropileno (PP). Los viales de reactivos liofilizados no son reciclables.

1. Separe el inserto liofilizado del cartucho de reactivos presionando la etiqueta del inserto liofilizado y empujando hacia arriba.
2. Retire la etiqueta de la parte superior del inserto liofilizado y, a continuación, deséchela.
3. Para abrir la cubierta del inserto liofilizado, comprima los lados de dicho inserto.
4. Retire y deseche los viales de reactivos liofilizados de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
5. Retire y deseche la RFID y la tira de espuma.



A. RFID

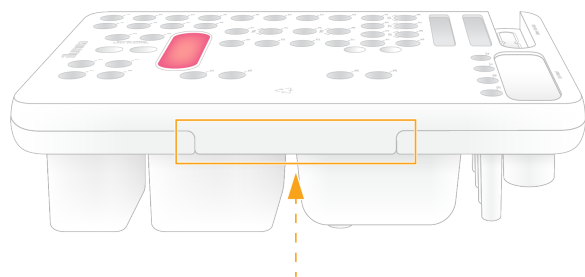
B. Tira de espuma

6. Deseche el contenido del inserto liofilizado de conformidad con las normativas aplicables en su región.

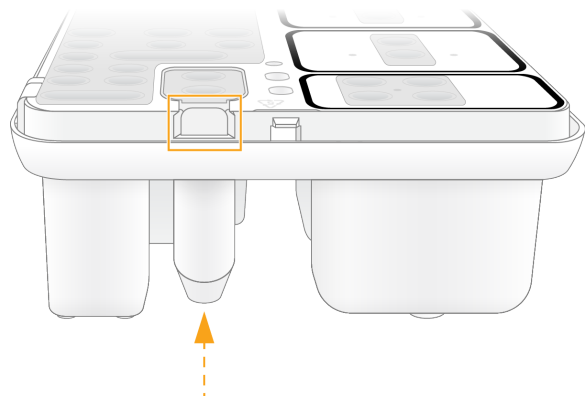
Reciclaje de los componentes de reactivos

Puede separar los pocillos de las posiciones 3, 8 y SBS del cartucho de reactivos antes del reciclaje. La cubierta del cartucho de reactivos, el cartucho de reactivos desmontado y los pocillos de las posiciones 3, 8 y SBS 3 están compuestos de plástico de polipropileno (PP). Los pocillos SBS 1 y 2 están compuestos de plástico de tereftalato de polietileno (PET).

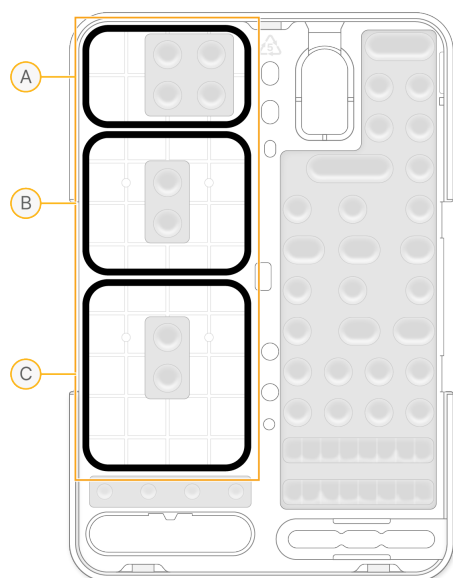
1. Retire la cubierta del cartucho de reactivos tirando de las pestañas de los lados de la cubierta hacia fuera y, a continuación, levántandola.
Un clic audible indica que la cubierta del cartucho de reactivos está desconectada.



2. Para desacoplar los pocillos de las posiciones 3 y 8 del cartucho de reactivos, presione la pestaña y, a continuación, empuje el pocillo hacia arriba.

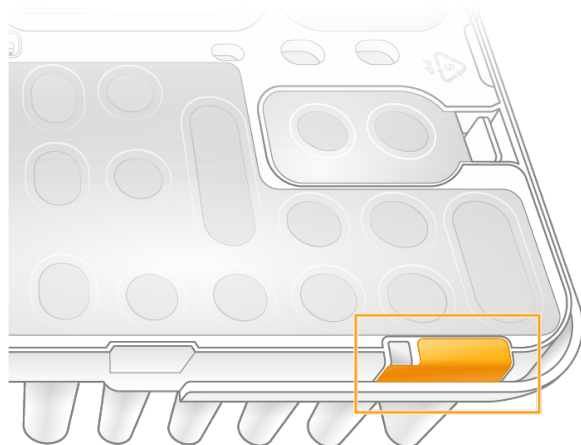


3. Recicle los pocillos de las posiciones 3 y 8 de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
4. Para separar los tres pocillos SBS del cartucho de reactivos, comprima los lados del pocillo y empújelo hacia arriba.



- A. Pocillo n.º 1 de SBS: plástico de tereftalato de polietileno (PET)
- B. Pocillo n.º 2 de SBS: plástico de tereftalato de polietileno (PET)
- C. Pocillo n.º 3 de SBS: plástico de polipropileno (PP)

5. Recicle los pocillos SBS de acuerdo con las normativas aplicables en su región.
6. Retire todas las láminas de aluminio, la etiqueta de RFID y la RFID y, a continuación, deséchelas.



7. Enjuague el cartucho de reactivos desmontado y la cubierta, y, luego, recíclelo de acuerdo con las normativas aplicables en su región.

Resultados de secuenciación

Después de iniciar un experimento de secuenciación, el Real-Time Analysis comienza automáticamente. Puede ver las métricas de RTA4 en la pantalla Sequencing (Secuenciación) o Runs (Experimentos). Para ver los resultados de la secuenciación y del análisis secundario, seleccione el nombre del experimento en la pestaña Completed (Terminados) de la pantalla Run (Experimentos). Los resultados del experimento incluyen métricas de la secuenciación detallada, métricas de análisis secundarios e informes de la aplicación de DRAGEN a nivel de muestra y experimento.

También puede encontrar archivos de resultados en la ubicación de carpeta de resultados predeterminada especificada.

Real-Time Analysis

El NovaSeq X Series utiliza RTA4, una implementación del software Real-Time Analysis, en el motor informático (CE) del instrumento. RTA4 extrae las intensidades de las imágenes recibidas de la cámara, lleva a cabo una llamada de bases, asigna una puntuación de calidad a las llamadas de bases, se alinea con PhiX y genera informes de datos en archivos InterOp para su visualización en el NovaSeq X Series Control Software.

Para optimizar el tiempo de procesamiento, RTA4 almacena información en memoria. Si se interrumpe RTA4, el procesamiento no se reanuda y se pierden los datos del experimento que se estén procesando en la memoria.

Entradas de RTA4

RTA4 requiere las imágenes de las placas contenidas en la memoria del sistema local para su procesamiento. RTA4 recibe información del experimento y comandos del Software de control.

Salidas de RTA4

Las imágenes de cada canal de color se transfieren en memoria a RTA4 como placas. A partir de estas imágenes, RTA4 produce un conjunto de archivos de filtros y archivos de llamada de bases con puntuación de calidad. Todos los demás resultados admiten archivos de resultados.

Tipo de archivo	Descripción
Archivos de llamada de bases	Cada placa que se analiza se incluye en un archivo de llamada de bases concatenado (*.cbcl). Las placas del mismo carril y superficie se agregan a un archivo *.cbcl para cada carril y superficie.
Archivos de filtros	Cada placa produce un archivo de filtros (*.filter) que especifica si un grupo supera los filtros.

Tipo de archivo	Descripción
Archivos de ubicación de grupos	Los archivos de ubicación de grupos (*.locs) contienen las coordenadas X e Y para cada grupo en una placa. Se genera un archivo de ubicación de grupos para cada experimento.
Archivos InterOp	Archivos de informes binarios utilizados para el Sequencing Analysis Viewer. Los archivos InterOp se actualizan durante el experimento.

Los archivos de resultados se usan para los análisis sucesivos.

Puntuaciones de calidad

Una puntuación de calidad (puntuación Q) es una predicción de la probabilidad de obtener una llamada de bases incorrecta. Una puntuación Q superior implica que la llamada de bases tiene una calidad mayor y es más probable que sea correcta. Tras determinar la puntuación Q, los resultados se registran en archivos de llamada de bases (*.cbcl).

La puntuación Q comunica brevemente pequeñas probabilidades de error. Las puntuaciones de calidad se representan como Q(X), donde X es la puntuación. En la tabla siguiente figura la relación entre una puntuación de calidad y la probabilidad de error.

Puntuación Q, Q(X)	Probabilidad de error
Q40	0,0001 (1 entre 10 000)
Q30	0,001 (1 entre 1000)
Q20	0,01 (1 entre 100)
Q10	0,1 (1 entre 10)

Puntuación de calidad y generación de informes

Para la puntuación de calidad, se calcula un conjunto de predictores para cada llamada de bases y, a continuación, se utilizan los valores de los predictores para determinar la puntuación Q en una tabla de calidad. Las tablas de calidad se crean para proporcionar predicciones de calidad con una precisión óptima de experimentos generados mediante una configuración específica de la plataforma de secuenciación y una versión de composición química concreta.

 La puntuación de calidad se basa en una versión modificada del algoritmo Phred.

Para generar la tabla Q del NovaSeq X Series, se determinaron tres grupos de llamadas de bases en función del agrupamiento de estas características predictivas concretas. Después de la agrupación de las llamadas de bases, se calculó empíricamente la tasa de error media de cada uno de los tres grupos, y las puntuaciones Q correspondientes se registraron en la tabla Q junto con las características predictivas que se correlacionan con ese grupo. Como tal, solo son posibles tres puntuaciones Q con el RTA4 y estas puntuaciones Q representan la tasa de error promedio del grupo. En general, esto da

como resultado una puntuación de calidad simplificada, pero muy precisa. Los tres grupos de la tabla de calidad corresponden a llamadas de bases marginales (<Q18), medias (Q18-Q29) y de alta calidad (>Q29). A los grupos se les asignan las puntuaciones específicas de 9, 24 y 41, respectivamente. Además, se asigna una puntuación de 0 en caso de ausencia de llamadas escritas en los archivos BCL. Una vez que los archivos BCL se convierten al formato FASTQ, se asigna una puntuación de 2 a la ausencia de llamadas. El modelo de elaboración de informes de puntuaciones de calidad (puntuaciones Q) reduce los requisitos de espacio de almacenamiento y ancho de banda sin detrimento de la precisión o el rendimiento.

Archivos de resultados de secuenciación

Tipo de archivo	Descripción, ubicación y nombre del archivo
Archivos de llamada de bases	Cada grupo analizado se incluye en un archivo de llamada de bases, agregado en un archivo para cada ciclo, carril y superficie. El archivo agregado contiene la llamada de bases y la puntuación de calidad codificada para cada grupo. Data\Intensities\BaseCalls\L001\C1.1 L[lane]_[surface].cbcl, por ejemplo, L001_1.cbcl
Archivos de ubicación de grupos	Para cada celda de flujo, un archivo binario de ubicación de grupos contiene las coordenadas X e Y para los grupos en una placa. Una disposición hexagonal que coincide con la disposición de nanopocillos de la celda de flujo define previamente las coordenadas. Data\Intensities s_[lane].locs
Archivos de filtros	El archivo de filtros especifica si un grupo ha superado los filtros. Estos archivos se generan en el ciclo 26 mediante el uso de 25 ciclos de datos. Para cada placa se genera un archivo de filtros. Data\Intensities\BaseCalls\L001 s_[lane]_[tile].filter
Archivo de información del experimento	Indica el nombre del experimento, el número de ciclos de cada lectura, si la lectura es una lectura del índice, y el número de sectores y placas de la célula de flujo. El archivo de información del experimento se crea al inicio del experimento. [Root folder],RunInfo.xml

Estructura de la carpeta de resultados

NovaSeq X Series genera de forma predeterminada los archivos de resultados en la carpeta de resultados seleccionada en los ajustes de almacenamiento externo.

A un nivel alto, los resultados se organizan en la estructura siguiente:

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

 **Analysis (archivos de análisis secundarios)**

 **Data (archivos BCL del análisis principal)**

 InstrumentAnalyticsLogs **InterOp** **Logs** RTA.cfg RTAComplete.txt CopyComplete.txt RunCompletionStatus.xml RunInfo.xml RunParameters.xml SampleSheet.csv Manifest.tsv

El archivo de manifiesto contiene una suma de comprobación de la integridad de los datos de los archivos copiados en la carpeta de resultados. Una comprobación de redundancia cíclica de 32 bits (CRC-32) genera la suma de comprobación.

Además de generar archivos específicos de cada aplicación, DRAGEN ofrece métricas del análisis por muestra y en informes agregados. Dependiendo de los modos de funcionamiento, puede haber archivos de métricas adicionales incluidos en los resultados. Para obtener más información sobre los diferentes niveles de informes, consulte [Informes de análisis secundarios de NovaSeq X Series, en la página 95](#).

Para obtener más información sobre los archivos de resultados de análisis secundarios y las métricas de DRAGEN, consulte la [página del sitio de asistencia DRAGEN Bio-IT Platform de Illumina](#).

Generación y almacenamiento de datos

Las tablas siguientes proporcionan ejemplos de datos de almacenamiento. Dado que la retención real de datos está sometida a las directivas locales, confirme las condiciones antes de calcular las necesidades de almacenamiento. Consulte en las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).

 | Los tamaños de los experimentos y otros detalles varían en función de varios factores. Las cifras se indican con fines orientativos sobre el intervalo relativo de tamaño de los datos.

Tabla 7 Salida de datos para celdas de flujo doble

Funciones	Tipo de archivo	Celda de flujo 25B (TB)	Celda de flujo 10B (TB)	Celda de flujo 5B (TB)	Celda de flujo 1.5B (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
Mapeado/alineación	BAM	12,7	5,1	2,6	0,8
	CRAM	4,9	2,0	1,0	0,3
Llamada de variantes	GVCF+VCF	1,1	0,4	0,2	0,1

Tabla 8 Salida de datos para celdas de flujo individuales

Funciones	Tipo de archivo	Celda de flujo 25B (TB)	Celda de flujo 10B (TB)	Celda de flujo 5B (TB)	Celda de flujo 1.5B (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
Mapeado/alineación	BAM	6,3	2,5	1,3	0,4
	CRAM	2,5	1,0	0,5	0,1
Llamada de variantes	GVCF+VCF	0,5	0,2	0,1	0,0

Informes de análisis secundarios de NovaSeq X Series

En la pantalla Sequencing complete (Secuenciación completa), seleccione el nombre del experimento para ver los resultados. Vaya primero a la parte inferior de la pantalla Run Details (Detalles del experimento) y seleccione después **View DRAGEN report** (Ver informe de DRAGEN) para ver los resultados de análisis secundarios. Como alternativa, utilice el menú global para desplazarse a la pantalla Runs (Experimentos) y seleccionar un experimento terminado.

Puede ver los resultados del informe de DRAGEN en los siguientes niveles:

- **Run** (Experimento): el resumen del experimento se vincula a los informes de flujo de trabajo, incluido un informe de demultiplexación, y proporciona una descripción general de la información siguiente:
 - Número de versión
 - Número de muestras totales
 - Número de muestras terminadas

- Número de errores
- **Workflow** (Flujo de trabajo): el flujo de trabajo genera informes de datos agregados en todas las muestras incluidas en esa aplicación DRAGEN y los vincula a informes de muestras individuales.
- **Sample** (Muestra): los informes de muestras incluyen métricas detalladas para la lectura 1 y la lectura 2 de una muestra individual.

Las métricas disponibles en el nivel de flujo de trabajo y de muestra varían en función del informe. Consulte el informe en el instrumento para ver las definiciones de las métricas.

Mantenimiento

Esta sección contiene los procedimientos necesarios para el mantenimiento de NovaSeq X Series.

Liberación de espacio en el disco duro

Si no hay suficiente espacio de almacenamiento de datos, aparecerá una notificación de advertencia durante las comprobaciones previas al experimento. Puede comprobar el espacio disponible y el espacio consumido por experimentos o recursos. Lleve a cabo los pasos siguientes para liberar espacio mediante la eliminación de los experimentos terminados y los recursos instalados de una carpeta de experimento del instrumento.

Eliminación de un experimento

Utilice únicamente NovaSeq X Series Control Software para eliminar ejecuciones. No elimine los experimentos manualmente a través del sistema operativo. Si elimina los experimentos manualmente, esto puede afectar negativamente al software de control. No puede volver a poner en cola un experimento eliminado.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Runs** (Secuenciaciones).
3. Para el experimento que desea eliminar, seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Action (Acción).
4. Seleccione una de las opciones siguientes.
 - **Delete run data** (Eliminar datos del experimento): elimina las carpetas de resultados de secuenciación y análisis, pero no elimina el experimento de la pestaña Completed (Terminados). Puede ver los detalles del experimento, pero no puede ver el informe de análisis secundario de DRAGEN.
 - **Delete run** (Eliminar experimento): elimina los datos del experimento y elimina este último de la pestaña Completed (Terminados).
5. En el cuadro de diálogo, confirme la eliminación del experimento.
6. Repita los pasos 3-5 para cada experimento que desee eliminar.

Eliminación de recursos

Siga las instrucciones siguientes para eliminar genomas de referencia o archivos de referencia. La versión 1.4 y posteriores de NovaSeq X Series Control Software también permite eliminar recursos en Illumina Software Update Manager (ISUM). Consulte [Actualizaciones de software, en la página 98](#).

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.

2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y luego seleccione **Resource files** (Archivos de recursos).
3. Seleccione la pestaña **Genomes** (Genomas) o la pestaña **Reference files** (Archivos de referencia).
4. Seleccione el icono de eliminar para el genoma o el archivo de referencia que quiere eliminar.
5. En el cuadro de diálogo, seleccione **Yes, remove** (Sí, eliminar) para confirmar.
6. Repita los pasos 4 y 5 por cada genoma o archivo de referencia que quiera eliminar.

Actualizaciones de software

Aunque todos los usuarios pueden ver el software instalado, comprobar si hay actualizaciones y descargarlas, solo los administradores pueden realizar actualizaciones de software. La actualización del software garantiza que su sistema disponga de las funciones y correcciones más recientes. Las actualizaciones de software se integran en un paquete digital, que puede incluir los siguientes elementos:

- System Suite Installer (SSI):
 - NovaSeq X Series Control Software
 - Fórmulas del NovaSeq X Series
 - Universal Copy Service
 - Real-Time Analysis
 - Illumina Run Manager
- Paquete de consumibles
- Parches del sistema operativo
- DRAGEN
- Aplicaciones de DRAGEN
- Archivos del genoma

Si el sistema tiene acceso a Internet, puede comprobar si hay actualizaciones de software automáticamente o a petición. Si el sistema no tiene acceso a Internet, descargue manualmente los instaladores para llevar a cabo la actualización del software.

i | Si su sistema utiliza la versión 1.3 o anterior de NovaSeq X Series Control Software, póngase en contacto con su representante de Illumina para llevar a cabo actualizaciones del software. Consulte el [Portal de seguridad de productos de Illumina](#) para comprobar si hay parches del sistema operativo disponibles.

Actualización de software con acceso a Internet

1. Asegúrese de que las siguientes actividades no estén en curso:
 - Experimento de secuenciación

- Análisis secundario
 - Transferencia de archivos
 - Instalación de DRAGEN
 - Instalación de licencia de DRAGEN
 - Prueba automática de DRAGEN
2. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
 3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Software update** (Actualización de software).
Se muestran las versiones actuales del software.
 4. En función de la configuración de su sistema, revise las actualizaciones disponibles:
 - Si el sistema está configurado para comprobar las actualizaciones de software automáticamente, el número de actualizaciones disponibles se muestra al cargar la página.
 - Si el sistema no está configurado para buscar actualizaciones de software automáticamente, seleccione **Check for updates** (Buscar actualizaciones).
 5. Seleccione **View updates** (Ver actualizaciones).
 6. Seleccione la casilla de verificación de cualquier actualización que desee instalar, incluidos el software, las aplicaciones, los genomas o los archivos de referencia.



Para evitar errores relacionados con el espacio del disco durante la instalación, seleccione solo los genomas que sean relevantes para sus aplicaciones y flujos de trabajo de DRAGEN. Consulte las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).
 7. Seleccione **Next** (Siguiente).
Se muestra una lista de las actualizaciones seleccionadas para su revisión.
 8. **[Opcional]** Descargue las actualizaciones y lleve a cabo la instalación más tarde de la siguiente manera.
 - a. Seleccione la casilla de verificación **Download only** (Descargar solamente).
Debido a limitaciones de tamaño, la opción de descarga no está disponible para genomas.
 - b. Seleccione **Download** (Descargar).
 - c. Una vez finalizada la descarga, vuelva a la pantalla Software update (Actualización de software).
 - d. Seleccione **View downloads** (Ver descargas).
Las actualizaciones descargadas están disponibles para su revisión y puede continuar con la instalación.
 9. Seleccione **Install** (Instalar).
Una barra de progreso muestra el tiempo restante aproximado.
 10. Seleccione **Restart software** (Reiniciar software) para finalizar la actualización.

Actualización de software sin acceso a Internet

1. Si el instrumento no tiene acceso a Internet, descargue el instalador (*.ipb2) desde la ubicación adecuada:
 - En el caso de los instaladores de paquetes digitales, descárguelos desde la [página del sitio de asistencia de NovaSeq X Series](#).
 - En el caso de los instaladores que solo contienen archivos de parches del sistema operativo, descárguelos desde el [Portal de seguridad de productos de Illumina](#).

 Si el formato de archivo del instalador es IRES o IAPP, consulte las instrucciones de [Instalación o desinstalación de versiones de DRAGEN, en la página 101](#) o [Administración de aplicaciones de DRAGEN, en la página 55](#), respectivamente.
2. Guarde el instalador localmente o en una unidad de red.
3. Asegúrese de que las siguientes actividades no estén en curso:
 - Experimento de secuenciación
 - Análisis secundario
 - Transferencia de archivos
 - Instalación de DRAGEN
 - Instalación de licencia de DRAGEN
 - Prueba automática de DRAGEN
4. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
5. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Software update** (Actualización de software).
Se muestran las versiones actuales del software.
6. Seleccione **Select folder...** (Seleccionar carpeta...) para buscar actualizaciones de software.
7. Desplácese hasta el archivo de instalación y, a continuación, seleccione **Select** (Seleccionar).
El sistema comprueba si hay actualizaciones en esa ubicación de carpeta y muestra el número de actualizaciones disponibles.
8. Seleccione **View updates** (Ver actualizaciones).
9. Seleccione la casilla de verificación de cualquier actualización que desee instalar, incluidos el software, las aplicaciones, los genomas o los archivos de referencia.

 Para evitar errores relacionados con el espacio del disco durante la instalación, seleccione solo los genomas que sean relevantes para sus aplicaciones y flujos de trabajo de DRAGEN. Consulte las notas de la versión de DRAGEN en NovaSeq X Series, que están disponibles en la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#).
10. Seleccione **Next** (Siguiente).

Se muestra una lista de las actualizaciones seleccionadas para su revisión.

11. **[Opcional]** Descargue las actualizaciones y lleve a cabo la instalación más tarde de la siguiente manera.
 - a. Seleccione la casilla de verificación **Download only** (Descargar solamente).
Debido a limitaciones de tamaño, la opción de descarga no está disponible para genomas.
 - b. Seleccione **Download** (Descargar).
 - c. Una vez finalizada la descarga, vuelva a la pantalla Software update (Actualización de software).
 - d. Seleccione **View downloads** (Ver descargas).
Las actualizaciones descargadas están disponibles para su revisión y puede continuar con la instalación.
12. Seleccione **Install** (Instalar).
Una barra de progreso muestra el tiempo restante aproximado.
13. Seleccione **Restart software** (Reiniciar software) para finalizar la actualización.

Desinstalación del software

Utilice las instrucciones siguientes para desinstalar software o recursos como genomas y archivos de referencia.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Software update** (Actualización de software).
Se muestran las versiones actuales del software.
3. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).
4. Seleccione la casilla de verificación de los componentes de DRAGEN que desee desinstalar.
5. Seleccione **Next** (Siguiente).
6. Seleccione la casilla de verificación de los genomas que desee desinstalar.
7. Seleccione **Next** (Siguiente).
8. Seleccione la casilla de verificación de los archivos de referencia que desee desinstalar.
9. Seleccione **Next** (Siguiente).
Se muestra una lista de archivos seleccionados para su revisión.
10. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).
Una barra de progreso muestra el tiempo restante aproximado.
11. Seleccione **Close** (Cerrar).

Instalación o desinstalación de versiones de DRAGEN

Los administradores pueden instalar o desinstalar varias versiones de DRAGEN. Si desinstala la última versión de DRAGEN, todas las versiones se desinstalan del sistema de secuenciación.

Instalación de versiones de DRAGEN

1. Cuando haya una nueva versión de DRAGEN disponible, descargue el instalador de DRAGEN (*.ires) de la [página de asistencia de NovaSeq X Series](#). Guarde el instalador localmente o en una unidad de red.

i | Si el formato de archivo del instalador es IPB2, consulte las instrucciones de [Actualizaciones de software](#), en la página 98.

2. Asegúrese de que no haya experimentos de secuenciación ni análisis secundarios en curso en el instrumento.
3. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
4. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
5. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione **Install version** (Instalar versión).
6. Desplácese hasta el instalador y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
7. Seleccione **Install** (Instalar).

Un mensaje indica si la instalación se realizó correctamente o no.

Desinstalación de versiones de DRAGEN

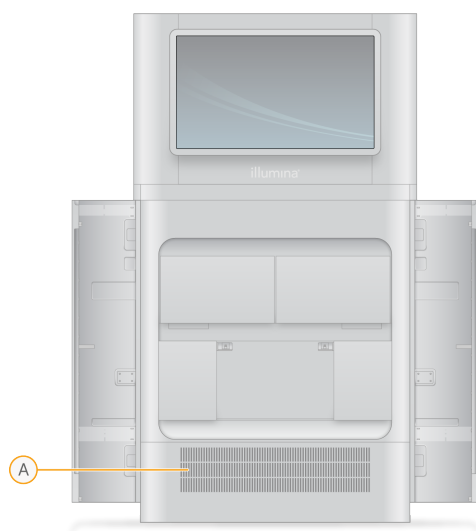
1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
3. Para desinstalar una versión anterior de DRAGEN, haga lo siguiente.
 - a. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones).
 - b. Seleccione **Uninstall** (Desinstalar).
 - c. Seleccione **Yes, uninstall** (Sí, desinstalar).
4. Para desinstalar la última versión de DRAGEN, haga lo siguiente.
 - a. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones).
 - b. Seleccione **Uninstall all** (Desinstalar todo).
 - c. Seleccione **Yes, uninstall all** (Sí, desinstalar todo).

Sustitución del filtro de aire

El filtro de aire es para un solo uso y cubre el ventilador en el cajón inferior de la parte delantera del instrumento. Garantiza una correcta refrigeración y evita que entre suciedad en el sistema. El instrumento se entrega con un filtro de aire y cuatro de repuesto. Los repuestos adicionales se incluyen con un contrato de servicio del instrumento válido o se pueden adquirir por separado en Illumina.

Siga las instrucciones siguientes para sustituir el filtro de aire caducado cada 3 meses. Después de sustituir el filtro de aire, restablezca la caducidad del filtro de aire.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Unlock doors** (Desbloquear puertas).
3. Seleccione ambos lados en el NovaSeq X Plus.
En el caso del NovaSeq X, ambos lados se desbloquean automáticamente.
4. Seleccione **Unlock doors** (Desbloquear puertas).
Las puertas del instrumento se desbloquean y puede acceder al cajón del filtro de aire (A) situado en la parte inferior del instrumento.



5. Mantenga presionado el cierre debajo del cajón del filtro de aire.
6. Tire del cajón del filtro para abrirlo.
7. Extraiga el filtro de aire usado y deséchelo.
8. Inserte el nuevo filtro de aire con la etiqueta orientada hacia usted.
9. Mantenga presionado el cierre debajo del cajón del filtro de aire.
10. Cierre el cajón del filtro.
11. En la pantalla Unlock doors (Desbloquear puertas), seleccione **Reset filter expiry** (Restablecer caducidad del filtro).
12. Asegúrese de que las puertas del instrumento estén cerradas y, a continuación, seleccione **Lock doors** (Bloquear puertas).

Mantenimiento preventivo

Illustra recomienda programar un servicio de mantenimiento preventivo cada año. Si no dispone de un contrato de servicios, póngase en contacto con el comercial de su región o con el servicio de asistencia técnica de Illustra para acordar un servicio de mantenimiento preventivo facturable.

Realización de un lavado de mantenimiento

Se requiere un lavado de mantenimiento cada 14 días. También se requiere un lavado de mantenimiento después de que un lavado posterior al experimento falle o esté incompleto o un error crítico del sistema interrumpa un experimento.

El lavado de mantenimiento irriga el sistema con diluciones de Tween 20 y NaOCl suministradas por el usuario. Las diluciones se dispensan de los cartuchos de lavado a la celda de flujo, a las botellas de reactivos usados y a cada depósito de cartuchos con el fin de lavar todos los dispensadores. La duración del lavado es de aproximadamente 3 horas.

Un lavado de mantenimiento requiere un cartucho de reactivos de lavado, un cartucho de tampón usado y la celda de flujo de lavado proporcionada o una celda de flujo de secuenciación de 8 carriles usada que no se haya retirado del sistema. No puede realizar un lavado de mantenimiento con el Celda de flujo 1.5B de NovaSeq X Series de 2 carriles.

Cuando no esté en uso, almacene la celda de flujo de lavado a temperatura ambiente en su embalaje original, incluidas la bandeja de plástico y la bolsa. Deseche la celda de flujo de lavado después de 20 usos o la fecha de caducidad del envase, lo que ocurra primero.

Preparación de la solución de lavado y NaOCl

1. Añada 400 ml de agua de laboratorio a una botella de centrifugado de 500 ml.
2. Añada 200 µl de Tween 20 al 100 % o un volumen análogo de una solución de Tween diluida. Por ejemplo, 1 ml de Tween 20 al 20 % en agua de laboratorio.
Use una dilución recién preparada de Tween 20 para limitar la entrada de contaminantes en el sistema de fluídica.
3. Invierta para mezclar.
4. Combine los volúmenes siguientes en un tubo de centrifugado de 50 ml para preparar 49 ml de NaOCl para reactivos al 0,12 %:
 - Agua desionizada (48 ml)
 - NaOCl para reactivos al 5 % (1,2 ml)

 Utilice solo NaOCl para reactivos. Absténgase de usar productos desinfectantes de uso general, ya que pueden contener compuestos con amoníaco, los cuales pueden dar lugar a experimentos en los que las lecturas superen el filtro en un porcentaje reducido.
5. Invierta para mezclar.

Carga de consumibles de lavado

Siga las instrucciones siguientes para cargar los consumibles de lavado de mantenimiento en el instrumento.

Inicio de un lavado de mantenimiento

1. Para iniciar un lavado de mantenimiento, seleccione primero **Start** (Iniciar) y seleccione después **Wash** (Lavado).
2. En NovaSeq X Plus, seleccione un lado del instrumento para un lavado unilateral o seleccione ambos lados para un lavado bilateral.
Si se requiere un lavado de mantenimiento en uno o ambos lados, los lados se seleccionan de forma predeterminada.
3. Proceda a [Carga de celdas de flujo de lavado, en la página 105](#).

Carga de celdas de flujo de lavado

Realice un lavado de mantenimiento con una celda de flujo de secuenciación de 8 carriles usada que ya esté cargada en el instrumento y no se haya retirado, o con una celda de flujo de lavado recién cargada. Si realiza un lavado de mantenimiento después de que un error crítico del sistema detenga un experimento, utilice una celda de flujo de lavado recién cargada.

Si realiza un lavado de mantenimiento con la celda de flujo de secuenciación usada del experimento de secuenciación anterior, la celda de flujo ya está cargada en el instrumento. Proceda a [Carga de un cartucho de reactivos de lavado, en la página 106](#).

Para utilizar una celda de flujo de lavado recién cargada, proceda tal y como se indica a continuación.

1. En la pantalla Maintenance wash (Lavado de mantenimiento), seleccione la casilla **Load wash flow cell** (Cargar celda de flujo de lavado) para sustituir la celda de flujo de secuenciación usada por una celda de flujo de lavado.
2. Seleccione **Load wash flow cell** (Cargar celda de flujo de lavado).
Después de la selección, el monitor de visualización se eleva y la puerta de la celda de flujo se abre. La luz de la celda de flujo indica el lado del instrumento en el que se está realizando el lavado.
3. Limpie la platina de la celda de flujo como se indica a continuación.
 - a. Humedezca una toallita termosellada de Polynit con alcohol isopropílico (70 %).
 - b. Limpie suavemente la superficie de la platina de la celda de flujo. Limpie solo en dirección longitudinal.
Evite tocar los distribuidores a menos que encuentre contaminantes.
 - c. Repita los pasos [a](#) y [b](#) hasta que las superficies estén libres de contaminantes.
 - d. Seque con una toallita termosellada de Polynit nueva o con un lado no utilizado de la toallita usada para evitar la contaminación.
4. Póngase un par de guantes nuevos sin polvo para evitar contaminar la superficie de vidrio de la celda de flujo.
5. Coloque el embalaje metálico de la celda de flujo de lavado en una superficie plana y ábralo tirando de la lengüeta de la esquina.

6. Extraiga la celda de flujo de lavado del embalaje. Sujete la celda de flujo de lavado por los lados sin tocar el vidrio ni las juntas de la parte inferior.
7. Limpie la celda de flujo de lavado como se indica a continuación.
 - a. Humedezca una toallita termosellada de Polynit con alcohol isopropílico (70 %).
 - b. Limpie suavemente la superficie de la celda de flujo. Limpie solo en dirección longitudinal.
 - c. Repita los pasos [a](#) y [b](#) hasta que las superficies estén libres de contaminantes.
 - d. Seque con una toallita termosellada de Polynit nueva o con un lado no utilizado de la toallita usada para evitar la contaminación.
8. Deseche el embalaje de manera adecuada.
9. Coloque la celda de flujo de lavado en la platina de la celda de flujo, de modo que la superficie superior quede mirando hacia arriba.
10. Una vez cargadas las celdas de flujo, seleccione **Close flow cell door** (Cerrar la puerta de la celda de flujo).
El Software de control muestra información de la celda de flujo escaneada después de 1 minuto.
11. Proceda a [Carga de un cartucho de reactivos de lavado, en la página 106](#).

Carga de un cartucho de reactivos de lavado

Siga las instrucciones siguientes para cargar el cartucho de reactivos de lavado en el instrumento. No es necesario sustituir el cartucho de tampones para realizar un lavado de mantenimiento. Asegúrese de limpiar y guardar correctamente el cartucho de reactivos de lavado para reutilizarlo. El cartucho de reactivos de lavado también puede soportar la esterilización en autoclave como método de limpieza.

1. Enjuague dos veces el cartucho de reactivos de lavado con agua de laboratorio y, a continuación, seque la parte inferior del cartucho con papel absorbente.
No seque el interior de los pocillos del cartucho. El secado de los pocillos de lavado del cartucho de reactivos puede afectar al proceso de lavado.
2. Añada 380 ml de solución de lavado al pocillo de solución de lavado del cartucho de reactivos.
3. Añada 49 ml de NaOCl para reactivos al 0,12 % al pocillo de lejía del cartucho de reactivos de lavado.
4. En la pantalla Wash (Lavado), seleccione **Load wash cartridges** (Cargar cartuchos de lavado). Las puertas del instrumento se desbloquean automáticamente y el sistema muestra información sobre la carga de los cartuchos de reactivos y tampones de lavado.
5. Retire el cartucho de reactivos de secuenciación. Consulte [Reciclaje de los consumibles utilizados, en la página 85](#) para obtener instrucciones sobre el reciclaje de los cartuchos de reactivos.
6. Cargue el cartucho de reactivos de lavado en la posición derecha, de modo que la etiqueta de Illumina quede mirando hacia usted.
7. Cierre los cajones de reactivos y cierre las puertas del instrumento.
8. Seleccione **Verify wash reagents** (Verificar reactivos de lavado).

9. Vacíe las botellas de reactivos usados. Para obtener más información, consulte [Vaciado de botellas de reactivos usados, en la página 78](#).
10. Después de cargar todos los consumibles, seleccione **Start wash** (Iniciar lavado). Después de iniciar el lavado, las puertas del instrumento se bloquean automáticamente. Tras finalizar el lavado, las puertas se desbloquean y se muestra la pantalla Start (Inicio).
11. Para mantener el cartucho de reactivos de lavado para varios usos, enjuague dos veces con agua de laboratorio y almacénelo invertido.

Vaciado de botellas de reactivos usados

Siga las instrucciones que aparecen a continuación para vaciar las botellas de reactivos utilizados antes de cada experimento de secuenciación y lavado de mantenimiento. El contenedor de residuos externo opcional recoge los reactivos tampón usados, que de otro modo irían a la botella de reactivo grande usada. Si el contenedor de residuos externo está instalado, debe vaciar el contenido de la botella de reactivo pequeña.

Para obtener información sobre el reciclaje del cartucho de reactivos utilizado y las botellas de tampones, consulte [Reciclaje de los consumibles utilizados, en la página 85](#).

 **Este conjunto de reactivos contiene sustancias químicas que pueden ser peligrosas. Evite su inhalación, su ingestión y el contacto con la piel o los ojos, puesto que pueden provocar lesiones. La ventilación debe ser adecuada para la manipulación de materiales peligrosos en los reactivos. Utilice un equipo de protección, incluidos gafas, guantes y batas de laboratorio adecuados para el riesgo de exposición. Manipule los reactivos usados como residuos químicos y deséchelos de conformidad con las normativas y leyes regionales, nacionales y locales aplicables.** Para obtener más información sobre seguridad, salud y medioambiente, consulte la SDS en support.illumina.com/sds.html.

Vaciado de la botella pequeña de reactivos usados

1. Retire la botella pequeña de reactivos usados de la parte posterior del cajón de reactivos usados. Sujete la botella por los lados.
2. Retire la tapa roscada del soporte de la tapa detrás de las botellas de reactivos usados.
3. Selle la abertura de la botella con la tapa para evitar que se derrame durante el transporte.
4. Mantenga el contenido apartado del contenido de la botella grande y deséchelo de conformidad con las normativas aplicables de su región.
5. Vuelva a colocar la botella destapada en el cajón de reactivos usados. Guarde la tapa en el soporte destinado a tal efecto.



Vaciado de la botella grande de reactivos usados

1. Utilice el mango superior para retirar la botella grande de reactivos usados de la parte delantera del cajón de reactivos usados.
2. Retire la tapa roscada del soporte de la tapa detrás de las botellas de residuos de reactivos usados.
3. Selle la abertura de la botella con la tapa para evitar que se derrame durante el transporte.
4. Destape el orificio de ventilación (A).

Destapar el orificio de ventilación ayuda a minimizar los derrames a lo largo de los lados de la botella.



5. Retire la tapa de la abertura de la botella.

6. Deseche el contenido a través de la abertura de la botella de acuerdo con las normativas aplicables de su región. Sujete los mangos durante el vaciado.
7. Selle el orificio de ventilación con la tapa una vez que se vacíe la botella.
8. Vuelva a colocar la botella destapada con el orificio de ventilación tapado en el cajón de residuos. Guarde la tapa roscada en el soporte destinado a tal efecto.



9. Utilice un nuevo par de guantes sin talco.

Solución de problemas

En esta sección se ofrecen instrucciones paso a paso para cancelar un experimento, apagar el instrumento, reiniciar el instrumento, realizar una comprobación del sistema y otras funciones de solución de problemas. Para obtener más información sobre cuestiones específicas de la solución de problemas, consulte los [artículos de solución de problemas de NovaSeq X Series](#) en Illumina Knowledge.

Finalización de un experimento

Puede finalizar un experimento de secuenciación en el instrumento. La finalización de un experimento en el NovaSeq X Series es definitiva. El software no puede reanudar el experimento ni guardar los datos de secuenciación, y tampoco se pueden reutilizar los consumibles.

1. Desplácese a la pantalla Sequencing (Secuenciación).
2. Seleccione **Cancel run** (Cancelar experimento) para finalizar el experimento.
Dependiendo del estado actual del experimento, puede haber disponibles opciones adicionales para cancelar la carga de datos a su ubicación de almacenamiento o cancelar el análisis.
3. Seleccione **Yes, cancel run** (Sí, cancele el experimento) para confirmar que finaliza el experimento.
Después de finalizar el experimento, este aparece en la ficha Completed (Terminados) con el estado Canceled (Cancelado).

Recolocación del análisis secundario en la cola

Durante el análisis secundario, puede volver a poner en cola el experimento para realizar de nuevo el análisis de DRAGEN en el instrumento. No podrá volver a ponerlo en la cola si hay un experimento de secuenciación en curso o si los datos del experimento se han eliminado del instrumento. Para obtener información sobre cómo volver a poner en la cola el análisis secundario para un experimento planificado en BaseSpace Sequence Hub, consulte la [página de asistencia de BaseSpace Sequence Hub](#).

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Runs** (Experimentos) y, a continuación, vaya a la pestaña Completed (Terminados).
3. Seleccione el experimento que desea volver a poner en cola.
4. En el análisis secundario, seleccione **Requeue analysis** (Volver a poner en cola el análisis).
5. Si el análisis que se vuelve a poner en cola es para un experimento local, seleccione una de las opciones siguientes de volver a poner en cola:
 - **Requeue analysis from this run** (Volver a poner en cola el análisis de este experimento): realice la nueva puesta en cola utilizando los archivos generados en el experimento seleccionado. Puede seleccionar una carpeta a la que enviar los archivos de análisis que se han vuelto a poner en cola.

- **Requeue analysis from a sample sheet** (Volver a poner en cola el análisis de una hoja de muestras): cargue una hoja de muestras para realizar realice la nueva puesta en cola. La nueva puesta en cola utiliza las configuraciones de análisis especificadas en la hoja de muestras. Para realizar la nueva puesta en cola de un experimento local con 12 ciclos de índice, debe volver a poner en la cola el análisis de una hoja de muestras.
6. Si el análisis que se va a volver a poner en cola es para un experimento manual, seleccione **Requeue analysis from sample sheet** (Volver a poner en cola el análisis de una hoja de muestras) y cargue la hoja de muestras.
 7. **[Opcional]** Seleccione la casilla **Skip sample sheet validation** (Omitir validación la de hoja de muestras).
Para omitir la validación, la hoja de muestras debe tener el formato correcto.
 8. Introduzca una ruta de archivo de datos de secuenciación.
Esta ruta determina la ubicación de almacenamiento externo para el experimento del análisis que se vuelve a poner en cola.
 9. Introduzca una descripción para la nueva puesta en cola en el campo Reason (Motivo).
 10. Seleccione **Requeue analysis** (Volver a poner en cola el análisis) cuando haya terminado.
 11. Realice cualquiera de las acciones siguientes:
 - Para excluir una configuración de la nueva puesta en cola, seleccione **Delete** (Eliminar) junto al nombre de la configuración.
 - Para cambiar la información de la configuración, seleccione **Edit** (Editar) junto al nombre de la configuración.
 - Para incluir configuraciones adicionales, seleccione **Add configuration** (Agregar configuración).
 12. Seleccione **Requeue analysis** (Volver a poner en cola el análisis) cuando haya terminado.

Reiniciar transferencia de archivos

La transferencia de archivos debe haber comenzado para que esta función esté disponible. Si se ha realizado la transferencia, utilice reiniciar transferencia de archivos para copiar los archivos en una ubicación de salida diferente.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Runs** (Experimentos) y, a continuación, vaya a la pestaña Completed (Terminados).
3. Seleccione el experimento con la transferencia de archivos que vaya a reiniciar.
4. En los detalles de experimento, seleccione **Show more** (Mostrar más).
5. Seleccione **Restart file transfer** (Reiniciar transferencia de archivos).
6. Seleccione los archivos de datos que desee transferir.
7. Seleccione una ubicación para la carpeta de resultados de copia.
8. Seleccione **Restart** (Reiniciar).

Apagado o reinicio del instrumento

Puede apagar o reiniciar el instrumento de forma segura si no hay experimentos de secuenciación ni análisis secundarios en curso. Los mensajes de software indican cuándo apagar y reiniciar el instrumento para resolver un error o advertencia. Si el sistema no se apaga, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.

Apagado del instrumento

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Shut Down** (Apagado).
3. Cuando se le solicite, seleccione **Yes, shut down instrument** (Sí, apagar el instrumento).

 Para evitar daños en el CE, no utilice el interruptor situado en la parte posterior del instrumento a menos que se lo indique el servicio de asistencia técnica de Illumina.

4. Después de apagar el instrumento, espere unos 15 minutos antes de iniciar el instrumento con el botón de encendido. Cuando el botón de encendido parpadee, púlselo.

Reinicio del instrumento

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Restart instrument** (Reiniciar instrumento).
3. Cuando se le solicite, seleccione **Yes, restart** (Sí, reiniciar).
El reinicio del instrumento tarda unos 45 minutos.
4. Una vez que haya finalizado el reinicio y se haya cargado el sistema operativo, inicie sesión en el sistema.

Apagado prolongado

Si el instrumento va a permanecer apagado durante 14 días o más, prepárelo para un apagado prolongado tal y como se indica a continuación.

1. Una vez finalizado el lavado posterior al experimento, no retire los consumibles de secuenciación, incluidos la celda de flujo y el cartucho de reactivo usados.
2. Retire y deseche los residuos. Para obtener instrucciones, consulte [Vaciado de botellas de reactivos usados, en la página 78](#).
3. **[Opcional]** Apague el instrumento. Para obtener instrucciones, consulte [Apagado del instrumento, en la página 112](#).
4. Antes de volver a secuenciar, asegúrese de realizar un lavado de mantenimiento. Para obtener las instrucciones, consulte [Realización de un lavado de mantenimiento, en la página 104](#).

Realización de comprobaciones del sistema

Para el funcionamiento normal o el mantenimiento del instrumento no es necesario ejecutar comprobaciones del sistema. No obstante, un representante del servicio de asistencia técnica de Illumina puede solicitarle que ejecute comprobaciones del sistema para solucionar posibles problemas. Las pruebas confirman si los componentes se encuentran bien alineados y son funcionales.

Cuando selecciona una o más comprobaciones para realizar, se proporciona un tiempo estimado hasta la finalización. Este tiempo se actualiza a medida que se completan las comprobaciones. Los resultados de las pruebas se generan en la carpeta `system-checks` ubicada en `/usr/local/illumina/system-checks`.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **System Checks** (Comprobaciones del sistema).
3. Seleccione la casilla de verificación de las comprobaciones del sistema que desee ejecutar.
 - **Fluidics side A** (Fluídica lado A): comprueba el rendimiento del sistema de administración de fluídica en el lado A.
 - **Fluidics side B** (Fluídica lado B): comprueba el rendimiento del sistema de administración de fluídica en el lado B.
 - **Precision motion** (Movimiento de precisión): comprueba los límites de recorrido y rendimiento de la platina Z y la platina XY.
 - **RBA movement** (Movimiento del RBA): comprueba la funcionalidad del mecanismo RBA.

Los consumibles de lavado son necesarios para las comprobaciones de fluídica y movimientos del RBA.

4. Si realiza una comprobación de fluídica, prepare el cartucho de tampón usado de la siguiente manera.
 - a. Vacíe el cartucho de tampón de conformidad con las normativas aplicables en su región.
 - b. Enjuague el pocillo del medio del cartucho de tampón con agua de calidad de laboratorio.



El enjuague del cartucho de tampón evita daños en el sensor que se utiliza durante la comprobación de fluídica.

- c. Llene el pocillo medio hasta la mitad con agua de calidad de laboratorio.
5. Si es necesario, cargue los consumibles de lavado de la siguiente manera.
 - a. Seleccione **Load Consumables** (Carga de consumibles).
 - b. Asegúrese de utilizar los siguientes consumibles de lavado:
 - Una celda de flujo de lavado o una celda de flujo de secuenciación de 8 carriles usada que no se ha retirado del instrumento después del experimento anterior
 - Un cartucho de lavado vacío

- **[Solo movimiento del RBA]** Cartucho de tampón vacío
- **[Fluídica]** Cartucho de tampón preparado

Si se realizan comprobaciones de sistema tanto para el movimiento del RBA como para la fluídica, utilice un cartucho de tampón preparado.

Para obtener más información sobre la carga de consumibles de lavado, consulte [Carga de consumibles de lavado, en la página 104](#).

- c. Seleccione **Back to checks** (Volver a comprobaciones).
6. Seleccione **Start checks** (Iniciar comprobaciones).

Realización de una prueba automática de DRAGEN

Puede realizar una prueba automática para identificar si los errores de análisis se están produciendo como resultado de uno o más de sus chips de FPGA de DRAGEN.

No puede ejecutar una prueba automática si está realizando un análisis.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
3. En la pestaña Versions (Versiones), seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones) para una versión específica de DRAGEN.
4. Seleccione **Run self test** (Ejecutar una prueba automática).
La prueba automática tarda al menos 45 minutos en completarse. Una vez que se completa la prueba automática, un mensaje indica si la versión es apta o no.
5. Si la prueba automática falla, seleccione el icono de puntos suspensivos en la columna Actions (Acciones) y, a continuación, seleccione **Show self test log** (Mostrar registro de la prueba automática) para revisar la información del registro.

Instalación de la licencia de DRAGEN

La licencia de DRAGEN está preinstalada en su instrumento. No necesita instalar su licencia de DRAGEN salvo para resolver problemas de errores de licencia.

Solo los administradores pueden reinstalar la licencia de DRAGEN.

Instalación de la licencia de DRAGEN en línea

Si NovaSeq X Series está conectado a Internet, puede instalar licencias de DRAGEN directamente en el NovaSeq X Series Control Software.

1. En el Software de control, seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.

3. En la pestaña License (Licencia), seleccione **Update from license server** (Actualizar desde el servidor de licencias).
La licencia actualizada se recupera del servidor de actualización de licencias.
4. Una vez instalada la nueva licencia, ejecute una prueba automática. Consulte [Realización de una prueba automática de DRAGEN, en la página 114](#).

Instalación de la licencia de DRAGEN fuera de línea

1. Si el archivo de su licencia está dañado, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina para obtener una nueva licencia.
2. En el Software de control, seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
3. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **DRAGEN**.
4. En la pestaña License (Licencia), seleccione **Update from file** (Actualizar desde el archivo).
5. Desplácese hasta el archivo de licencia (*.zip) y, a continuación, seleccione **Open** (Abrir).
6. Una vez instalada la nueva licencia, ejecute una prueba automática. Consulte [Realización de una prueba automática de DRAGEN, en la página 114](#).

Revisión del registro de auditoría

Los administradores pueden revisar el registro de auditoría del instrumento en el instrumento o en un ordenador conectado a la red. El registro de auditoría registra todas las acciones que realiza un usuario en el sistema.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Audit log** (Registro de auditoría).
3. Utilice los filtros siguientes para refinar los resultados del registro de auditoría.
 - **Date** (Fecha): filtre acciones por intervalo de fechas seleccionando el icono de calendario o introduciendo las fechas manualmente en los campos de fecha From (Desde) y To (Hasta) en el formato AAAA-MM-DD.
 - **Action type** (Tipo de acción): filtre por el tipo de acción realizada introduciendo la acción en el campo Type (Tipo).
 - **User** (Usuario): filtre por el usuario que realizó la acción introduciendo el nombre del usuario en el campo Who (Quién).
 - **Description** (Descripción): filtre por detalles adicionales introduciendo una descripción de la acción en el campo Description (Descripción).
4. Seleccione **Filter** (Filtro) para aplicar los filtros.
5. Para exportar un archivo PDF del registro de auditoría, seleccione **Export log** (Exportar registro).

Exportar registros

El servicio de asistencia técnica de Illumina puede solicitar archivos de registro para ayudar a solucionar problemas. Exporte los archivos de registro de la siguiente manera.

1. Seleccione el icono del instrumento para abrir el menú de navegación global.
2. Seleccione **Settings** (Ajustes) y, a continuación, seleccione **Export logs** (Exportar registros).
3. Seleccione los archivos de registro o los experimentos de secuenciación que desee exportar.
Los registros estándar siempre se incluyen en la exportación.
4. **[Opcional]** Seleccione **Include image files** (Incluir archivos de imagen) para los experimentos de secuenciación seleccionados.
5. Seleccione **Next** (Siguiente).
6. Seleccione la ubicación de la exportación de los archivos y, a continuación, seleccione **Export** (Exportar).

Recursos y referencias

Las [páginas del sitio de asistencia de NovaSeq X Series](#) proporcionan recursos adicionales. Revise siempre las páginas de asistencia para obtener las versiones más recientes.

Secuenciación mediante ciclo de oscuridad

En esta sección se describe el uso de la secuenciación mediante ciclo de oscuridad en la fórmula.

La secuenciación mediante ciclo de oscuridad se utiliza tan solo para completar los pasos del proceso químico de un ciclo de secuenciación. Consulte la página Compatible Products (Productos compatibles) para su kit de preparación de genotecas en el [sitio de asistencia de Illumina](#) para saber si se requiere la secuenciación mediante ciclo de oscuridad.

Siga los pasos a continuación para la secuenciación mediante ciclo de oscuridad.

1. Para solicitar la edición del archivo XML de la fórmula adecuado, póngase en contacto con el servicio de asistencia técnica de Illumina.
2. Edite el archivo XML de la fórmula.
 - a. Vaya a la sección `<ReadDefinitions>` del archivo de fórmula y, a continuación, identifique las secciones `<ReadDefinition Name="Read 1">` y `<ReadDefinition Name="Read 2">`.
 - b. En `<ReadDefinition Name="Read 1">`, añada el siguiente paso de ciclo de oscuridad en una nueva línea antes de `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read1Imaging"/>` y después de `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`:

```
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>.
```
 - c. En `<ReadDefinition Name="Read 2">`, añada el paso de ciclo de oscuridad en una nueva línea antes de `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read4Imaging"/>` y después de `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`.
3. Guarde el archivo XML de la fórmula.

A continuación, se muestra una fórmula de muestra con el paso de ciclo de oscuridad:

```

...
<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>
...

```

Recursos de las hojas de muestras v2

Para obtener información sobre el uso de archivos de hoja de muestras v2 (*.csv) con instrumentos, plataformas y procesos de análisis de Illumina, consulte la [página de asistencia de Recursos de las hojas de muestras v2](#).

Historial de revisiones

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de documento 200027529 v10	Mayo de 2026	Se ha añadido la siguiente información: • Advertencia de refrigerante inflamable • Advertencia de ajustes de la contraseña • Instrucciones de inicio escalonado • Instrucciones para el administrador de las actualizaciones del software • Instrucciones de exportación de registros • Ajustes adicionales del instrumento para la discrepancia de tubos de la genoteca, las longitudes de lectura predeterminadas de experimentos manuales, la detección automática de la información de índice y los ajustes de archivo de resultados del experimento. • Números de catálogo de los kits de reactivos NovaSeq X Series 5B (300 ciclos, 200 ciclos, 100 ciclos) • Número de catálogo del kit de reactivos NovaSeq X Series 1.5B (600 ciclos) • Información de la unidad de autocifrado • Ubicación del archivo de manifiesto en la estructura de carpetas de resultados • Ejemplo de salida de datos de resultados para cada tipo de celda de flujo • Referencia a los detalles de solución de problemas en Illumina Knowledge • Referencias al portal de seguridad de productos de Illumina Se ha actualizado la información siguiente: • En las especificaciones ambientales, se ha cambiado el límite superior de temperatura a 25 °C • Se ha cambiado la puntuación Q de llamada bases de alta calidad a 41 • Especificaciones del SAI y modelos específicos de países • Instrucciones de conexión al software de control remoto para incluir la instalación de un certificado CA • Instrucciones de carga de gradillas de tubos de la genoteca para asegurarse de que los volúmenes de los pocillos de las muestras sean coherentes • Instrucciones de inicio de experimentos para reflejar los cambios de la interfaz • Instrucciones de vaciado de la botella de reactivos usados para hacerlas más claras • Instrucciones de comprobación del sistema para incluir comprobaciones de la fluídica específicas de cada lado

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de documento 200027529 v09	Junio de 2025	Guía de limpieza actualizada de la celda de flujo y la platina de la celda de flujo antes de cargar consumibles. Se han aclarado los permisos de administrador. Se ha corregido la puntuación Q del grupo marginal a 9.
N.º de documento 200027529 v08	Noviembre de 2024	Se ha añadido la siguiente información: • Posiciones de los pocillos que incluyen formamida • Información sobre el sistema de secuenciación NovaSeq X frente al sistema de secuenciación NovaSeq X Plus • Números de referencia del kit de reactivos NovaSeq X Series 25B (200 ciclos, 100 ciclos) • Limitaciones de uso de la celda de flujo de lavado • Uso de casillas de verificación de cebador personalizado para la configuración del experimento • Realización de una comprobación del sistema • Habilitar la configuración del firewall para admitir funciones de acceso remoto • Eliminar archivos de análisis secundarios después de la transferencia • Cargar archivos secundarios intermedios (BAM/CRAM/FASTQ) en la nube • Reiniciar la transferencia de archivos Se ha actualizado la información siguiente: • Número de combinaciones de genoma de referencia y aplicaciones de análisis admitidas actualizadas a 12 con 32 configuraciones de kits o ajustes compatibles • Instrucciones de ajustes de red • Instrucciones de reinicio para reflejar la nueva función • Se ha sustituido la información detallada sobre los archivos de salida del análisis secundario DRAGEN, la estructura de la carpeta de resultados y los ajustes de análisis por referencias al sitio de asistencia para obtener más información • Se han eliminado las instrucciones para desactivar el acceso de FSE
N.º de documento 200027529 v07	Junio de 2024	Se han actualizado las instrucciones de apagado del instrumento. Se han añadido instrucciones de ajustes de red. Se han trasladado las instrucciones de desnaturalización y dilución al Generador de protocolos de desnaturalización y dilución. Se han reestructurado las instrucciones para planificar un experimento.

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de documento 200027529 v06	Marzo de 2024	Se ha añadido una advertencia sobre las piezas móviles.
N.º de documento 200027529 v05	Octubre de 2023	Se actualizó el intervalo de especificaciones ambientales para la humedad relativa. Se actualizaron las puntuaciones de calidad para las llamadas de bases marginales, medias y de alta calidad. Se eliminó la declaración sobre la concentración de carga óptima aplicable a tipos de genoteca idénticos. Se añadieron instrucciones para configurar el análisis de DRAGEN Somatic y DRAGEN Methylation.
N.º de documento 200027529 v04	Octubre de 2023	Se actualizó para el kit de reactivos NovaSeq X Series de 25B y el kit de reactivos NovaSeq X Series de 1.5B. Se actualizaron las instrucciones para volver a poner en cola el análisis. Se actualizaron las instrucciones del ciclo de apagado y encendido para incluir instrucciones del apagado prolongado. Se actualizaron los permisos de usuario. Se añadió información para admitir varias versiones de DRAGEN. Se añadió información de salida para DRAGEN Methylation y DRAGEN Somatic. Se añadieron instrucciones para los nuevos ajustes de configuración del sistema. Se eliminaron las instrucciones de la Configuración de la red del instrumento.

Documento	Fecha	Descripción del cambio
N.º de documento 200027529 v03	Junio de 2023	Se actualizó el lavado de mantenimiento. Se actualizaron los permisos de usuario. Se actualizó el cumplimiento de la NCC para Taiwán y el cumplimiento de las normas de Corea. Se actualizaron las instrucciones para el ciclo de apagado y encendido. Se actualizaron los ajustes de configuración de IP. Se actualizaron las instrucciones sobre la desnaturalización y la dilución. Se añadió el modo de experimento manual con análisis local. Se añadieron instrucciones para renovar certificados TLS y añadir el servidor de protocolo de tiempo de red. Se añadieron instrucciones para instalar las versiones de DRAGEN. Se añadieron instrucciones sobre la recongelación de consumibles descongelados.
N.º de documento 200027529 v02	Febrero de 2023	Se ha añadido la siguiente información para NovaSeq X Plus: • Protocolo • Componentes de hardware • Consumibles y equipos • Ajustes del software y del sistema • Cebadores personalizados • Estructura y archivos de resultados de secuenciación • Mantenimiento y resolución de problemas • Cumplimiento de las normas de Japón Se ha actualizado la información siguiente: • Advertencias de seguridad del láser • Contenido del embalaje y requisitos de entrega • Requisitos de conexión de red
N.º de documento 200027529 v01	Noviembre de 2022	Se han añadido las dimensiones para las cajas de consumibles de secuenciación. Se han aclarado las ubicaciones de RFID y las instrucciones para abrir la cubierta del inserto liofilizado. Se han aclarado las dimensiones del instrumento y los requisitos de red.
N.º de documento 200027529 v00	Septiembre de 2022	Publicación inicial.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, California 92122 (EE. UU.)
+1 800 809 ILMN (4566)
+1 858 202 4566 (fuera de Norteamérica)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.

© 2026 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados.

illumina®