



NovaSeq X Series

Documentation relative au produit

PROPRIÉTÉ D'ILLUMINA

Document n° 200027529 v10

Mai 2026

Destiné à la recherche uniquement. Ne pas utiliser dans le cadre de procédures de diagnostic.

Ce document et son contenu sont la propriété exclusive d'Illumina, Inc. et ses filiales (« Illumina »), et sont destinés à un usage contractuel par ses clients en lien avec l'utilisation du ou des produits décrits dans le présent document et à aucune autre utilisation. Ce document et son contenu ne seront utilisés ou distribués à aucune autre fin et ne seront communiqués, divulgués ou reproduits d'aucune façon sans le consentement écrit préalable d'Illumina. Par le biais de ce document, Illumina ne cède aucune licence en vertu de son brevet, de sa marque de commerce, de son copyright ou de ses droits traditionnels ni des droits similaires d'un tiers quelconque.

Les instructions présentes dans ce document doivent être strictement et explicitement respectées par le personnel qualifié et correctement formé afin d'assurer une utilisation correcte et sécuritaire du ou des produits décrits dans le présent document. Tout le contenu de ce document doit être entièrement lu et compris avant d'utiliser le ou les produits.

LE FAIT DE NE PAS LIRE ENTièrement ET DE NE PAS SUIVRE EXPLICITEMENT TOUTES LES INSTRUCTIONS CONTENUES DANS LE PRÉSENT DOCUMENT PEUT CAUSER DES DOMMAGES AU OU AUX PRODUITS, DES BLESSURES AUX PERSONNES, Y COMPRIS AUX UTILISATEURS OU À D'AUTRES PERSONNES, ET DES DOMMAGES À D'AUTRES BIENS, ET ANNULERA TOUTE GARANTIE APPLICABLE AU OU AUX PRODUITS.

ILLUMINA N'ASSUME AUCUNE RESPONSABILITÉ QUANT AUX DOMMAGES DÉCOULANT D'UNE MAUVAISE UTILISATION DU OU DES PRODUITS DÉCRITS DANS LE PRÉSENT DOCUMENT (Y COMPRIS DES PARTIES DE CELUI-CI OU LE LOGICIEL).

© 2026 Illumina, Inc. Tous droits réservés.

Toutes les marques sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs propriétaires respectifs. Pour plus d'informations sur les marques, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.

Table des matières

Sécurité et conformité	1
Considérations de sécurité et marquages	1
Conformité des produits et marquages réglementaires	3
Présentation du système	7
Présentation du séquençage	7
Flux de travail de séquençage	9
Composants de l'instrument	9
Logiciel intégré	13
Préparation du centre	20
Spécifications du laboratoire	21
Installation du laboratoire pour les procédures PCR	24
Exigences électriques	24
Alimentation sans interruption	28
Considérations environnementales	29
Connexions réseau	32
Sécurité	34
Consommables et équipement	35
Consommables nécessaires au séquençage	35
Consommables et équipement fournis par l'utilisateur	42
Configuration du système	45
Comptes utilisateur	46
Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina	50
Paramètres réseau	51
Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut	53
Gérer les applications DRAGEN	55
Importer des fichiers de ressources	56
Importation des trousse de préparation de bibliothèque personnalisée et d'adaptateur d'index	58
Personnaliser les paramètres du système	59
Primers personnalisés	61
Préparer et ajouter des primers personnalisés	62
Protocole	64

Planifier une série de séquençage	64
Consommables de décongélation	68
Diluer et dénaturer les bibliothèques	70
Chargez l'insert Lyo et la bande de tubes de bibliothèque	70
Lancer une série de séquençage	71
Charger les consommables	76
Vérifications préalables à la série	80
Surveiller la progression de la série	81
Démarrage échelonné de séries	82
Se connecter et se déconnecter	83
Recyclage des consommables usagés	83
Sortie de séquençage	89
Real-Time Analysis	89
Fichiers de sortie de séquençage	91
Structure du dossier de sortie	91
Sortie et stockage des données	92
Rapports d'analyse secondaire NovaSeq X Series	93
Maintenance	95
Libérer de l'espace sur le disque dur	95
Mises à jour des logiciels	96
Installer ou désinstaller les versions DRAGEN	99
Remplacer le filtre à air	100
Maintenance préventive	101
Effectuer un lavage de maintenance	102
Dépannage	108
Arrêter une série	108
Remettre l'analyse secondaire en file d'attente	108
Redémarrer le transfert de fichiers	109
Éteindre ou redémarrer l'instrument	110
Effectuer des vérifications du système	111
Effectuer un auto-test DRAGEN	112
Installer la licence DRAGEN	112
Examiner le journal d'audit	113
Exporter les journaux	113
Ressources et références	115
Séquençage du cycle obscur	115

Ressources de feuille d'échantillon v2	116
Historique des modifications	117

Sécurité et conformité

Cette section fournit des informations de sécurité importantes relatives à l'installation, à l'entretien et au fonctionnement du système de séquençage. Cette section comprend la conformité du produit et les déclarations réglementaires. Lisez cette section avant d'effectuer toute procédure sur le système.

Le pays d'origine et la date de fabrication du système sont imprimés sur l'étiquette de l'instrument.

Considérations de sécurité et marquages

Cette section identifie les risques potentiels associés à l'installation, la maintenance et l'utilisation de l'instrument. N'utilisez pas ou n'interagissez pas avec l'instrument d'une manière qui vous expose à l'un de ces dangers.

Consignes de sécurité générales

Assurez-vous que tout le personnel est formé au bon fonctionnement de l'instrument et à toutes les considérations de sécurité potentielles.



Suivez toutes les instructions d'utilisation lorsque vous travaillez dans des zones portant ce marquage afin de minimiser les risques pour le personnel ou l'instrument.

Avertissement de sécurité mécanique



Pièces mobiles : l'instrument comporte des pièces mobiles motorisées qui peuvent provoquer un écrasement ou couper. Tenez-vous à l'écart lorsque les composants sont en mouvement.

Avertissement relatif au réfrigérant inflammable

Le système de réfrigération contenu dans cet instrument ne peut pas être entretenu par l'utilisateur. Le personnel autorisé du fabricant doit effectuer tout entretien.



Assurez-vous que les ouvertures de ventilation ne sont pas obstruées.

Risque d'incendie ou d'explosion. Éliminez correctement conformément aux réglementations fédérales et locales. Fluide frigorigène inflammable utilisé.

Cet équipement est destiné à être utilisé dans des établissements commerciaux, industriels ou institutionnels tels que définis dans la norme de sécurité ANSI/ASHRAE 15 relative aux systèmes de réfrigération.



Gaz extrêmement inflammable. Contient du gaz sous pression ; peut exploser s'il est chauffé. Tenez à l'écart de la chaleur, des étincelles, des flammes nues et des surfaces chaudes. Ne fumez pas.

Fuite d'incendie de gaz : N'éteignez pas à moins que la fuite ne puisse être arrêtée en toute sécurité. Éliminez toutes les sources d'inflammation si cela est sans danger. Conservez dans un endroit bien ventilé.

Mise en garde de sécurité : laser



Le NovaSeq X Series est un produit laser de classe 1 qui contient deux lasers de classe 4.

Les réflexions directes et diffuses des lasers de classe 4 présentent un danger pour les yeux. Évitez d'exposer les yeux et la peau à un rayonnement de classe 4, direct ou réfléchi. Les lasers de classe 4 peuvent entraîner la combustion des matières inflammables et produire des brûlures cutanées et des lésions graves en cas d'exposition directe.

Lorsque le compartiment de Flow Cell est ouvert ou que le verrouillage du faisceau est retiré, les interrupteurs de verrouillage de sécurité bloquent le faisceau laser.

Figure 1 Avertissements concernant les lasers de classe 4

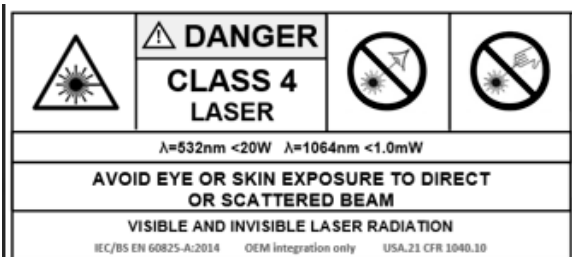
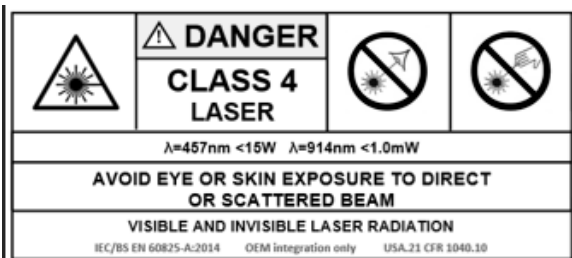
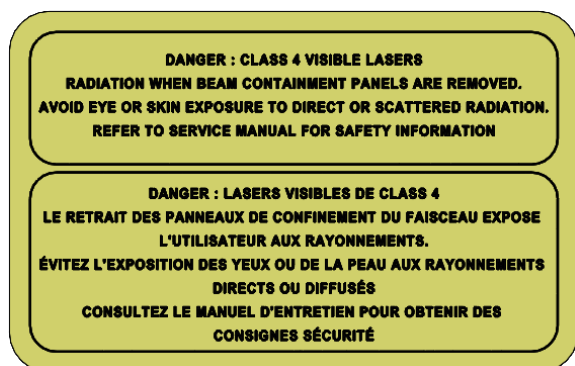


Figure 2 Étiquette d'avertissement laser du technicien de maintenance sur site (FSE) Illumina



Mise à la terre de protection



L'instrument dispose d'une connexion de mise à la terre protectrice dans le boîtier. La terre de sécurité sur le cordon d'alimentation ramène le conducteur de terre de protection à une référence sûre. La connexion de mise à la terre sur le cordon d'alimentation doit être en bon état de fonctionnement lors de l'utilisation de cet appareil.

Mise en garde de sécurité : surface brûlante



N'utilisez pas l'instrument si l'un des panneaux a été retiré.

Ne touchez pas le poste de température du compartiment de Flow Cell. Le chauffage utilisé dans cette zone est normalement contrôlé entre la température ambiante de la pièce (22 °C) et 60 °C. L'exposition à des températures supérieures à cette fourchette peut entraîner des brûlures.

Mise en garde de sécurité : objet lourd



L'instrument pèse environ 722 kg (1 591 livres) à la livraison et environ 588 kg (1 296 livres) une fois installé ; il peut causer des blessures graves s'il tombe ou s'il est manipulé sans précaution.

N'utilisez pas l'instrument si l'un des panneaux a été retiré. Ne touchez pas les pièces mobiles de l'instrument.

Conformité des produits et marquages réglementaires

Déclaration de conformité simplifiée

Illumina, Inc. déclare par les présentes que le NovaSeq X Series est conforme aux directives suivantes :

- Directive relative à la compatibilité électromagnétique (CEM) [2014/30/UE]

- Directive relative à la basse tension [2014/35/UE]
- Directive relative aux équipements radioélectriques (RED) [2014/53/UE]

Illumina, Inc. déclare par les présentes que le Serveur de calcul est conforme aux directives suivantes :

- Directive RoHS [2011/65/UE] telle que modifiée par l'UE 2015/863

Le texte complet de la déclaration de conformité pour l'UE se trouve à l'adresse :

support.illumina.com/certificates.html.

Restriction sur l'usage de certaines substances dangereuses (RoHS)



Cette étiquette indique que l'instrument est conforme à la directive DEEE relative aux déchets d'équipements électriques et électroniques.

Consultez la page support.illumina.com/weee-recycling.html pour obtenir des conseils sur le recyclage de votre équipement.

Exposition humaine aux radiofréquences

Cet équipement est conforme aux limites d'exposition maximale admissible (MPE) pour la population générale selon le Titre 47 du code des règlements fédéraux (CFR), chapitre 1.1310, tableau 1.

Cet équipement est conforme aux limitations d'exposition humaine aux champs électromagnétiques (EMF) pour les dispositifs fonctionnant sur la plage de fréquences de 0 Hz à 10 GHz, utilisés dans l'identification par radiofréquence (RFID) dans un environnement professionnel. (Norme EN 50364:2010, section 4.0).

Pour en savoir plus sur la conformité RFID, reportez-vous au *Guide de conformité du lecteur RFID* (document n° 1000000002699).

Considérations relatives à la CEM

Cet équipement a été conçu et testé selon la norme CISPR 11 Classe A. Dans un environnement domestique, il peut provoquer des interférences radio. Si des interférences radio se produisent, vous devrez peut-être les atténuer.

N'utilisez pas l'appareil à proximité de sources de rayonnement électromagnétique puissant, qui peuvent interférer avec son bon fonctionnement.

Déclarations réglementaires et de conformité

Conformité FCC

Cet appareil est conforme à la partie 15 des règles de la FCC. Le fonctionnement est soumis aux deux conditions suivantes :

1. Cet appareil ne doit pas causer d'interférences nuisibles.

2. Cet appareil doit accepter toute interférence reçue, y compris les interférences susceptibles de provoquer un fonctionnement indésirable.

 Les changements ou modifications apportés à cet appareil non expressément approuvés par la partie responsable de la conformité pourraient annuler l'autorité de l'utilisateur à utiliser l'équipement.

 Cet équipement a été testé et déclaré conforme aux limites applicables aux appareils numériques de classe A, selon la section 15 des règlements de la FCC. Ces limites sont conçues pour offrir une protection raisonnable contre les interférences nuisibles lorsque l'équipement est utilisé dans un environnement commercial.

Cet équipement génère, utilise et peut émettre une énergie de fréquence radio. S'il n'est pas installé et utilisé conformément au manuel d'instructions, il peut être source d'interférences nuisibles pour les communications radio. L'utilisation de cet appareil dans une zone résidentielle est susceptible de causer des interférences nuisibles, auquel cas l'utilisateur sera tenu d'y remédier à ses propres frais.

Câbles blindés FCC

Des câbles blindés doivent être utilisés avec ce dispositif pour assurer la conformité aux limites des dispositifs de classe A de la réglementation de la FCC.

Conformité IC

Ce dispositif numérique de classe A répond à toutes les exigences des règlements canadiens sur le matériel brouilleur.

Cet appareil est conforme aux normes d'exemption de licence RSS d'Industrie Canada. Le fonctionnement est soumis aux deux conditions suivantes :

1. Cet appareil ne peut pas causer d'interférences.
2. Cet appareil doit accepter toute interférence, y compris celles qui peuvent nuire à son fonctionnement.

Conformité pour la Corée

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.

Conformité pour la Thaïlande

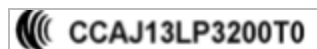
Cet équipement de télécommunication est conforme aux exigences techniques NTC/NBTC.

Conformité pour le Nigeria

La connexion et l'utilisation de cet équipement de communication sont autorisées par la Commission des communications du Nigeria.

Conformité NCC pour Taïwan

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。

Conformité pour le Japon

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。

Présentation du système

La série NovaSeq™ X comprend le Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus. Cette section fournit un aperçu des systèmes, y compris des informations sur le matériel, les logiciels, l'analyse des données et la gestion des séries. Pour les spécifications détaillées, les fiches techniques, les applications et les produits associés, consultez la section [page Web d'assistance pour NovaSeq X Series](#).

Fonctionnalités

- Débit et précision élevés
 - Fournit des informations génomiques significatives à grande échelle grâce au séquençage de nouvelle génération (SNG) à haut débit.
 - Utilise la chimie XLEAP-SBS, une mise à jour de Illumina SBS chemistry.
 - Permet une analyse complète et efficace des données SNG à l'aide de pipelines d'analyse de données alimentés par le Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT.
- Productivité
 - Permet de multiples configurations de cellules de flux pour permettre ~165 Gb à 16 To de données de séquençage et jusqu'à 104 milliards de lectures appariées par série. La sortie est réglable pour correspondre aux besoins du flux de travail de séquençage.
 - Fournit des flux de travail d'analyse de données intégrés et basés sur le cloud et une compression de données sans perte alimentée par le Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT.
- Durabilité
 - Expédié à température ambiante (pas de packs de glace ni de glace carbonique) en utilisant des réactifs lyophilisés, ce qui réduit le volume de la cartouche, le poids de l'emballage et la quantité de matériaux d'expédition utilisés.
 - Réduit la masse plastique de l'instrument en fournissant des plastiques recyclables et des cartouches tampons fabriquées à partir de biopolymères d'origine végétale.

Présentation du séquençage

Les informations suivantes comprennent des détails supplémentaires sur le flux de travail des Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus.

Génération d'amplifiats

Durant la génération d'amplifiats, les molécules d'ADN uniques sont ensuite liées à la surface de la Flow Cell¹, puis amplifiées simultanément de façon à former des amplifiats.

Séquençage

L'imagerie des amplifiats est réalisée par chimie de séquençage à deux canaux, un canal vert et un canal bleu, pour coder les données des quatre nucléotides. Après l'imagerie d'une plaque sur la Flow Cell, la plaque suivante est imagée. Le processus est répété pour chaque cycle de séquençage (environ 5 minutes par cycle).

Analyse primaire

Après l'analyse d'image, le logiciel Real-Time Analysis (RTA4) effectue les appels de base², le filtrage et le scorage de qualité³. Au fur et à mesure que la série progresse, NovaSeq X Series Control Software transfère automatiquement les fichiers d'appel de base⁴ (*.CBCL) vers l'emplacement de sortie spécifié pour l'analyse des données. Pour consulter les indicateurs de qualité générés par RTA4 en temps réel, utiliser NovaSeq X Series Control Software, Sequencing Analysis Viewer (SAV) ou BaseSpace Sequence Hub.

L'analyse secondaire commence une fois le séquençage terminé. La méthode d'analyse des données secondaires dépend de la configuration de votre application et de votre système.

Analyse secondaire

BaseSpace Sequence Hub et Illumina Connected Analytics (ICA) sont les environnements Illumina informatiques en cloud pour l'analyse des données, le stockage et la surveillance des séries. La surveillance des séries n'est visible que dans BaseSpace Sequence Hub. BaseSpace Sequence Hub héberge les applications DRAGEN et BaseSpace Sequence Hub, qui prennent en charge les méthodes d'analyse courantes pour le séquençage. Illumina Connected Analytics héberge le DRAGEN pour les pipelines ICA. Vous pouvez utiliser des pipelines ICA prédéfinis ou créer des pipelines personnalisés à l'aide de vos données de séquençage et d'analyse.

Si vous analysez des données de séquençage dans le cloud, les données CBCL sont automatiquement téléchargées dans le cloud et sont disponibles dans BaseSpace Sequence Hub et ICA. L'analyse commence automatiquement une fois le téléchargement des données terminé.

¹Lame de verre avec des lignes physiquement séparées. Les lignes sont recouvertes d'oligos complémentaires aux séquences d'adaptateur de bibliothèque, permettant à la bibliothèque d'adhérer pour une série de séquençage.

²Détermine une base (A, C, G ou T) pour chaque amplifiat d'une plaque donnée d'un cycle spécifique.

³Calcule un ensemble d'indicateurs prévisionnels de qualité pour chaque définition des bases, puis utilise cette valeur pour rechercher un score de qualité.

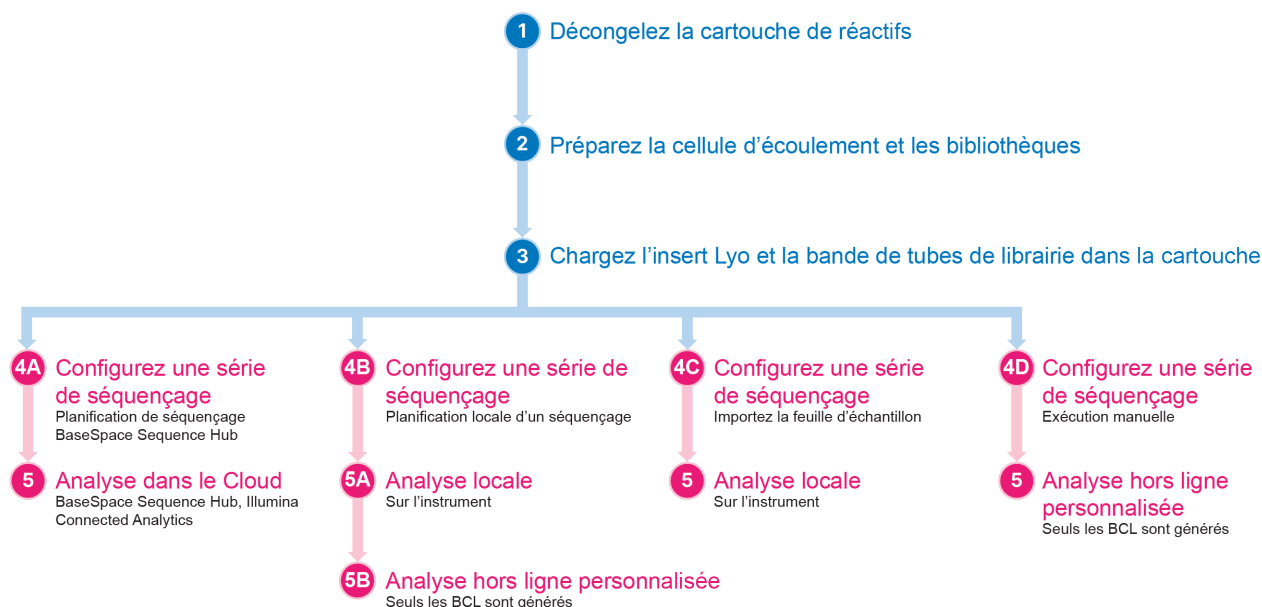
⁴Contient la définition de base et le score de qualité associé pour chaque amplifiat de chaque cycle de séquençage.

Si vous analysez les données de séquençage localement, l'analyse secondaire DRAGEN est effectuée sur l'instrument et les fichiers de sortie sont stockés dans un dossier de sortie sélectionné.

- Pour plus d'informations sur BaseSpace Sequence Hub, consultez la section [page d'assistance BaseSpace Sequence Hub](#).
- Pour plus d'informations sur Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT, reportez-vous à la section [page d'assistance Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT](#) et à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).
- Pour plus d'informations sur Illumina Connected Analytics, consultez la section [page d'assistance Illumina Connected Analytics](#).
- Pour obtenir une vue d'ensemble de toutes les applications, consultez la section [Applications BaseSpace Sequence Hub](#).

Flux de travail de séquençage

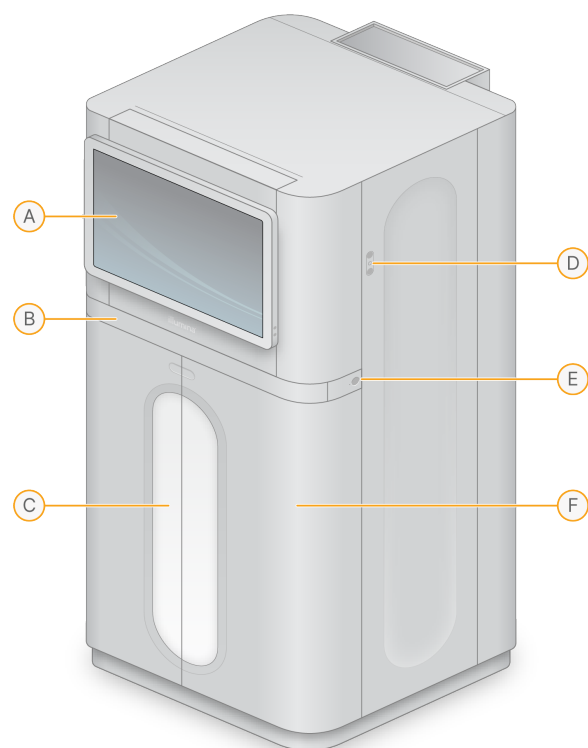
Le schéma suivant illustre le protocole de séquençage du NovaSeq X Series.



Composants de l'instrument

Le NovaSeq X Series comprend un moniteur à écran tactile, une barre d'état, un bouton d'alimentation avec port USB adjacents et des compartiments pour les consommables.

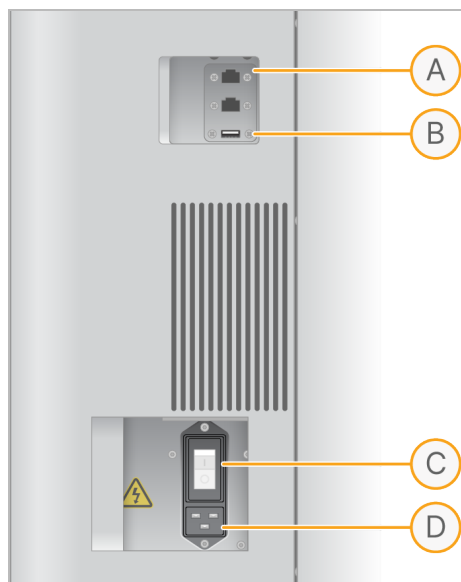
Composants externes



- A. **Écran tactile** : permet la configuration et le réglage de l'instrument à l'aide de l'interface NovaSeq X Series Control Software. Pour régler la hauteur du moniteur à écran tactile, utilisez les boutons situés sur le côté du moniteur.
- B. **Plateau pour clavier et pavé tactile** : plateau extensible pour clavier et pavé tactile. Poussez le plateau vers l'intérieur pour l'ouvrir.
- C. **Barre d'état** : la couleur de la lumière progresse au fur et à mesure que le système avance dans son flux de travail. Le bleu indique le chargement du consommable, le bleu et le violet indiquent les vérifications préalables à la série et le multicolore indique le séquençage. Le rouge continu indique les erreurs critiques. Le rouge et le blanc indiquent les autres erreurs.
- D. **Ports USB 2.0 (3)** : permet d'accéder aux connexions USB pour les composants périphériques.
- E. **Bouton d'alimentation** : contrôle l'alimentation de l'instrument et indique si le système est sous tension (s'allume), hors tension (obscur) ou hors tension, mais avec une alimentation CA (impulsions).
- F. **Compartiment des liquides** : contient les cartouches de réactifs et de tampon ainsi que les flacons de réactifs usagés.

Alimentation et connexions auxiliaires

L'arrière de l'instrument comporte deux ports Ethernet pour une connexion Ethernet et l'interrupteur et l'entrée qui contrôlent l'alimentation de l'instrument. Utilisez le port USB 2.0 pour connecter une ASI.



- A. **Ports Ethernet (2)** : connexion du câble Ethernet.
- B. **Port USB 2.0** : connexion USB pour l'ASL.
- C. **Interrupteur à bascule** : permet de mettre l'instrument sous tension et hors tension.
- D. **Entrée d'alimentation** : connexion du cordon d'alimentation.

Compartiment de Flow Cell

Le compartiment de Flow Cell contient la platine de Flow Cell, qui maintient en place la Flow Cell A à gauche et la Flow Cell B à droite. Le compartiment est situé derrière l'écran de l'instrument. Lors du chargement de la Flow Cell, le logiciel de commande relève automatiquement l'écran.

Une cible d'alignement optique, fixée sur la platine de Flow Cell, détecte et corrige les problèmes de lecteur optique. À la demande du logiciel de commande, la cible d'alignement optique réaligne le système et fait la mise au point de la caméra pour améliorer les résultats de séquençage.

Le logiciel de commande commande l'ouverture et la fermeture de la porte du compartiment de Flow Cell. La porte s'ouvre automatiquement pour le chargement de la Flow Cell.

⚠ | L'instrument comprend des points de pincement. Les pièces mobiles peuvent provoquer un écrasement ou couper. Tenez-vous à l'écart de la porte mobile.

Après le chargement, le logiciel referme la porte du compartiment, met en place la Flow Cell, active le joint hermétique puis les pinces. Les capteurs vérifient la présence et la compatibilité de la Flow Cell.

Compartiment des liquides

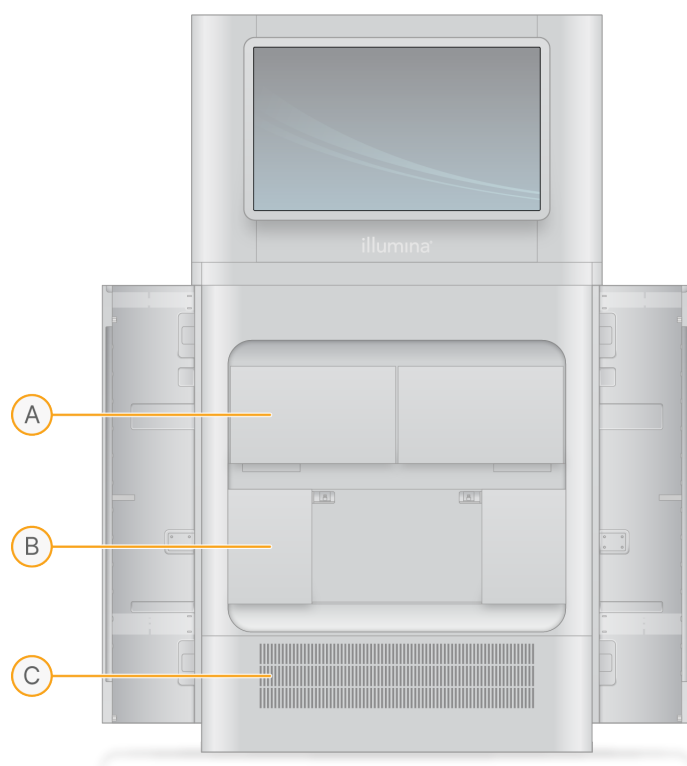
Pour préparer une série, il faut accéder au compartiment des liquides afin de charger les réactifs et le tampon et vider les flacons de réactifs usagés. Le compartiment des liquides est doté d'une porte à deux battants et est divisé en deux sections semblables, de chaque côté, où se trouvent le côté A et le

côté B.

Le filtre à air recouvre le ventilateur situé dans le tiroir inférieur à l'avant de l'instrument. Maintenez l'avant de l'instrument dégagé de tout obstacle et le plancher propre pour éviter d'obstruer le filtre à air. Consultez la section [Préparation du centre à la page 20](#) pour plus d'informations sur le positionnement.

Les tiroirs sont dotés de lumières intérieures qui signalent quand retirer les cartouches et les bouteilles usagées. Les voyants s'éteignent après la fermeture des tiroirs.

Les portes de l'instrument se déverrouillent automatiquement lors du chargement des consommables de séquençage ou de lavage pendant la série ou la configuration du lavage d'entretien. Lorsque l'instrument n'est pas en cours de séquençage, il est possible de déverrouiller manuellement les portes de l'instrument pour changer le filtre à air ou pour vider les déchets réactifs en dehors de la configuration de la série. Consultez la section [Remplacer le filtre à air à la page 100](#) pour plus d'informations.



- A. **Tiroirs à réactifs** : ils contiennent les cartouches de réactifs et de tampons.
- B. **Tiroir pour réactifs usagés** : il contient les grands et petits flacons de réactifs usagés.
- C. **Compartiment du filtre à air** : permet d'accéder au filtre à air remplaçable.

Réactifs usagés

Le système fluide est conçu de façon à évacuer les réactifs de la cartouche de réactifs, qui sont potentiellement dangereux, dans le petit flacon de réactifs usagés. Les réactifs de la cartouche de tampon sont acheminés dans le grand flacon de réactifs usagés. Il peut toutefois y avoir une contamination croisée entre les flux de réactifs usagés. Pour des raisons de sécurité, considérez que les deux flacons de réactifs usagés contiennent des déchets potentiellement dangereux. Pour des informations détaillées sur la chimie, consultez la fiche de sécurité (SDS) à l'adresse support.illumina.com/sds.html.

Logiciel intégré

La suite logicielle du système comprend des applications intégrées qui effectuent des séries de séquençage et des analyses.

- **NovaSeq X Series Control Software** : contrôle les opérations de l'instrument et fournit une interface pour configurer le système, configurer une série de séquençage, surveiller les statistiques de la série à mesure que le séquençage progresse et consulter les données DRAGEN. Vous pouvez accéder au logiciel de commande sur l'instrument ou via un ordinateur connecté à un réseau local.
- **Real-Time Analysis (RTA4)** : effectue une analyse d'image et une définition de base lors de la série. Pour plus d'informations, consultez la section [Real-Time Analysis à la page 89](#).
- **Universal Copy Service (UCS)** : ce logiciel copie les fichiers de sortie dans le dossier de sortie tout au long de la série. Le cas échéant, le service transfère également des données vers BaseSpace Sequence Hub ou Illumina Connected Analytics (ICA).
- **Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT** : réalise une analyse secondaire accélérée par le matériel pour un menu sélectionné d'applications.

NovaSeq X Series Control Software est interactif et exécute des processus d'arrière-plan automatisés. RTA4 et UCS s'exécutent uniquement en tant que processus d'arrière-plan.

Informations système

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **About** (À propos de) pour afficher les coordonnées Illumina et les informations système suivantes :
 - Version NovaSeq X Series Control Software
 - Nom de l'ordinateur
 - Version de l'image du système d'exploitation (OS)
 - Numéro de série de l'instrument
 - Nombre total de cycles

Notifications et alertes

Pour afficher toutes les notifications système, procédez comme suit.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Notifications**.

L'écran Notifications contient les onglets suivants :

- **Error and warning history** (Historique des erreurs et des avertissements) : affiche une liste des erreurs et des avertissements historiques.
- **Notifications** : affiche une liste des notifications actuelles.

Lorsqu'une erreur ou un avertissement se produit, NovaSeq X Series Control Software affiche une alerte pendant l'action.

- Les erreurs critiques du système nécessitent une attention immédiate pour arrêter l'instrument et contacter l'assistance technique Illumina pour obtenir de l'aide.
- Les erreurs système non critiques nécessitent une action avant de démarrer ou de poursuivre la série. Selon l'erreur, NovaSeq X Series Control Software fournit l'action appropriée pour résoudre l'erreur.
- Les avertissements ne nécessitent pas d'action avant de commencer ou de poursuivre la série. Lorsqu'un avertissement se produit, NovaSeq X Series Control Software fournit l'action appropriée pour résoudre l'avertissement.
- Les notifications fournissent des informations concernant les événements qui ne sont pas liés à l'action en cours. Le nombre de notifications actuelles est affiché sur l'icône Notifications dans le menu de navigation global. Rejetez les notifications ou traitez la notification dans l'onglet Notifications.

Réduire ou quitter le logiciel de commande

Réduisez ou quittez le logiciel de commande pour accéder à d'autres applications. Par exemple, pour accéder à d'autres applications sur l'instrument afin d'effectuer des opérations en dehors du logiciel de commande (p. ex., localiser la feuille d'échantillon dans l'explorateur de fichiers).

1. Dans NovaSeq X Series Control Software, sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Minimize software** (Minimiser le logiciel) pour minimiser le logiciel de commande ou **Exit software** (Quitter le logiciel) pour fermer le logiciel de commande. Si vous quittez le logiciel de commande, vous devez vous reconnecter lors de la réouverture.
3. Pour agrandir ou ouvrir le logiciel de commande, sélectionnez **NovaSeq X Series Control Software** dans la barre d'outils.

Utilisation de NovaSeq X Series Control Software à distance

Pour accéder à l'appareil hors instrument NovaSeq X Series Control Software, utilisez un ordinateur connecté au réseau local utilisé avec votre système de séquençage.

Accéder à NovaSeq X Series Control Software à distance

Pour accéder au logiciel de commande en toute sécurité à partir d'un navigateur, vous devez installer un certificat d'autorité de certification (CA). En fonction de sa politique de sécurité, votre organisation peut nécessiter des approbations de configuration et de sécurité supplémentaires. Consultez votre représentant informatique avant d'effectuer toute mise à jour.

Reportez-vous à la documentation fournie par le fabricant de votre système d'exploitation pour plus d'informations.

Les informations d'identification de l'administrateur pour votre système de séquençage et votre ordinateur sont requises pour configurer l'accès à distance.

1. Pour afficher le nom d'hôte et l'adresse IP de votre instrument, procédez comme suit.
 - a. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
 - b. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Network Settings** (Paramètres réseau).
Le nom d'hôte, l'adresse IP et les configurations réseau en cours s'affichent.
2. Assurez-vous que les paramètres du pare-feu sont activés.
Reportez-vous aux instructions du pare-feu dans [Paramètres réseau à la page 51](#).
3. Collaborez avec votre représentant informatique pour configurer votre système de noms de domaine (DNS) et établir un accès à distance.
Pour plus d'informations sur la configuration du DNS, reportez-vous à la section [Paramètres réseau à la page 51](#).
4. Depuis un ordinateur connecté à votre réseau local, ouvrez un navigateur web et saisissez `https://<nom d'hôte de l'instrument>`.
Si vous rencontrez des problèmes, contactez l'assistance technique Illumina pour résoudre le nom d'hôte.
5. Sélectionnez **Download certificate** (Télécharger le certificat).
Après le téléchargement du certificat, l'installation du certificat CA racine varie en fonction du système d'exploitation sur votre ordinateur.
6. Pour Windows, double-cliquez sur le certificat téléchargé et suivez les invites d'installation.
Assurez-vous de sélectionner les paramètres suivants :
 - Store location (Emplacement du magasin) : **Local Machine** (Machine locale)
 - Certificate store (Magasin de certificats) : **Place all certificates in the following store** (Placer tous les certificats dans le magasin suivant)
 - Location (Emplacement) : **Trusted Root Certification Authorities store** (Magasin des autorités de certification des racines de confiance)

7. Pour Mac, exécutez la commande suivante :

```
sudo security add-trusted-cert -d -r trustRoot -k  
/Library/Keychains/System.keychain  
<chemin complet du certificat CA racine>
```

8. Pour Linux, il existe plusieurs distributions et chaque version peut avoir une manière différente d'installer le certificat CA racine. Les étapes suivantes concernent les versions Red Hat Enterprise Linux (RHEL) :

a. Copiez le certificat téléchargé dans le magasin de certificats : `/etc/pki/ca-trust/source/anchors`.

- b. Pour faire confiance au certificat CA racine, exécutez la commande suivante :

```
sudo update-ca-trust extract
```

9. Après avoir installé le certificat CA racine, ouvrez un navigateur, puis saisissez `https://<nom d'hôte de l'instrument>`.

Vous pouvez également saisir le nom de domaine complet (FQDN).

10. Vérifiez qu'il existe une icône de sécurité à gauche de la barre d'adresse pour indiquer une connexion sécurisée.

11. Ajoutez la page à vos favoris pour y accéder facilement à l'avenir.

Naviguer sur NovaSeq X Series Control Software à distance

Après s'être connecté au NovaSeq X Series Control Software à partir d'un ordinateur connecté au réseau local, l'écran Runs (Séries) s'ouvre automatiquement.

Pour accéder à des fonctionnalités supplémentaires, ouvrez le menu déroulant dans le coin supérieur gauche. Vous pouvez revenir à l'écran Runs (Séries) en sélectionnant **Close** (Fermer) sur n'importe quel écran.

Les fonctionnalités suivantes sont disponibles. Consultez la section [Autorisations de l'utilisateur à la page 46](#) pour de plus amples informations sur les autorisations disponibles pour chaque groupe d'utilisateurs.

- **Runs (Séries)** : effectuer l'une des actions suivantes :
 - Planifiez de nouvelles séries de séquençage. Consultez la section [Créer une série planifiée à la page 65](#), pour plus d'informations.
 - Surveillez la progression de la série active. Consultez la section [Surveiller la progression de la série à la page 81](#), pour plus d'informations.
 - Modifiez et supprimez les séries planifiées localement. Consultez la section [Gestion de la série à la page 17](#), pour plus d'informations.
- **Users (Utilisateurs)** : ajoutez et gérez des utilisateurs. Consultez la section [Comptes utilisateur à la page 46](#), pour plus d'informations.

- **Password policy** (Politique de mot de passe) : affichez et modifiez les paramètres du mot de passe. Consultez la section [Modifier les paramètres du mot de passe à la page 49](#), pour plus d'informations.
- **Applications** : affichez et gérez les applications DRAGEN. Consultez la section [Gérer les applications DRAGEN à la page 55](#), pour plus d'informations.
- **Resources** (Ressources) : importez et gérez les génomes et les fichiers de référence. Consultez la section [Importer des fichiers de ressources à la page 56](#), pour plus d'informations.
- **DRAGEN** : mettez à jour la licence DRAGEN et effectuez un autotest DRAGEN. Consultez la section [Installer la licence DRAGEN à la page 112](#) et [Effectuer un auto-test DRAGEN à la page 112](#) pour plus d'informations.
- **Custom kits** (Kits personnalisés) : ajoutez et gérez des kits de préparation d'adaptateurs d'index personnalisés et de bibliothèque. Consultez la section [Importation des trousseaux de préparation de bibliothèque personnalisée et d'adaptateur d'index à la page 58](#), pour plus d'informations.
- **Audit log** (Journal d'audit) : examinez le journal d'audit. Consultez la section [Examiner le journal d'audit à la page 113](#), pour plus d'informations.
- **Cloud settings** (Paramètres du cloud) : configurez les paramètres du cloud. Consultez la section [Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina à la page 50](#), pour plus d'informations.
- **External storage** (Stockage externe) : configurez les options de stockage externe. Consultez la section [Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut à la page 53](#), pour plus d'informations.
- **About** (À propos de) : Affichez les coordonnées et les informations système Illumina. Consultez [Informations système à la page 13](#).

Gestion de la série

L'écran Runs (Séries) affiche la liste des séries planifiées, des séries actives et des séries terminées. Chaque série est identifiée par le nom de la série. Vous pouvez rechercher une série à l'aide du nom de la série, de l'ID de bande de tubes de la bibliothèque et de la première application DRAGEN ajoutée à la série. Vous pouvez également afficher la quantité de stockage des données de l'instrument consommée par toutes les séries et la quantité d'espace de stockage encore disponible. Reportez-vous à la section [Libérer de l'espace sur le disque dur à la page 95](#) pour plus d'informations sur la suppression des séries.

Dans le logiciel de commande à distance, vous pouvez exporter la feuille d'échantillon d'une série. Sélectionnez le nom de la série, puis sélectionnez **Sample Sheet** (Feuille d'échantillon). Sélectionnez **Save as** (Enregistrer sous) pour enregistrer la feuille d'échantillon.

Séries planifiées

L'onglet Planned (Planifié) affiche les séries planifiées localement ou sur le cloud. Vous pouvez planifier les séries localement sur l'instrument NovaSeq X Series ou sur un ordinateur en réseau. Pour planifier des séries dans le cloud, utilisez BaseSpace Sequence Hub.

Vous pouvez modifier ou supprimer des séries planifiées localement dans l'onglet Planned (Planifié). Pour modifier une série planifiée, sélectionnez la série dans l'onglet Planned (Planifié). Pour supprimer une série planifiée, sélectionnez l'icône de la corbeille dans la colonne Actions.

L'onglet Planned (Planifié) affiche les informations suivantes :

- **Status** (État) : état de la série de séquençage. Les séries planifiées peuvent exister dans l'un des états suivants :
 - **Planned** (Planifié) : la série est disponible pour être sélectionnée pour le séquençage.
 - **Draft** (Brouillon) : la série n'est pas disponible pour être sélectionnée pour le séquençage.
 - **Needs attention** (A besoin d'attention) : la série n'est pas disponible en raison d'une erreur (p. ex., la connexion au cloud a été interrompue). Vous pouvez revoir l'erreur dans l'écran Run details (détails de la série).
- **Run name** (Nom de la série) : le nom de la série.
- **Application** : les applications de l'analyse secondaire DRAGEN associées à la série. Pour de plus amples informations sur l'installation des applications, consultez la section [Gérer les applications DRAGEN à la page 55](#).
- **Last modified** (Dernière modification) : date et heure de la dernière modification de la série.

Séries actives

L'onglet Active (Actif) affiche toutes les séries en cours, y compris les séries planifiées et les séries créées manuellement. L'onglet Active (Actif) comprend la date de début du séquençage, le côté de l'instrument, l'état du séquençage et les indicateurs % $\geq$ Q30, le rendement et le total des indicateurs de lecture PF.

Dans l'onglet Active (Actif), vous pouvez annuler le téléchargement des données vers votre emplacement de stockage ou annuler l'analyse secondaire. Consultez la section [Arrêter une série à la page 108](#), pour plus d'informations. L'annulation d'une série pendant le séquençage n'est pas disponible dans l'onglet Active (Actif).

Sélectionnez le nom de la série pour accéder à la page de détails de la série et afficher des détails supplémentaires sur la série. Sélectionnez la liste déroulante à côté de la série pour afficher des détails supplémentaires sur l'état du séquençage et les applications DRAGEN associées.

Pour plus d'informations sur les indicateurs et le statut de la série, consultez la section [Surveiller la progression de la série à la page 81](#).

Séries terminées

L'onglet Completed (Terminé) affiche les séries qui ont terminé le séquençage et l'analyse, qui ont été annulées ou qui n'ont pas terminé le séquençage ou l'analyse. Vous pouvez visualiser l'emplacement des données de sortie de séquençage et d'analyse, les indicateurs de séquençage et la quantité de stockage des données de l'instrument consommée par la série. Vous pouvez afficher les applications DRAGEN associées à la série, le % $\geq$ Q30, le rendement, le total des lectures de PF et l'espace disque occupé par la série sur l'instrument. Lorsque les données de séquençage sont supprimées ou transférées de l'instrument, l'espace métrique indique 0 Go.

Pour afficher d'autres résultats de série, tels que les indicateurs détaillés de séquençage et d'analyse secondaire, sélectionnez la série.

Pour supprimer une série, sélectionnez l'icône en forme d'ellipse dans la colonne Action. Vous pouvez supprimer la série ou supprimer uniquement les données de la série. La suppression des données de la série supprime les dossiers de séquençage et d'analyse générés par la série, mais conserve les détails de base de la série et ne supprime pas la série de l'onglet Completed (Terminé). La suppression de la série supprime entièrement la série.

Préparation du centre

Cette section fournit des spécifications et des directives pour préparer votre centre en vue de l'installation et du fonctionnement des Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus.

Livraison et installation

Un représentant Illumina livre le système, déballe les composants et installe l'instrument. Assurez-vous que l'espace de laboratoire est prêt avant la livraison.

L'instrument emballé nécessite un dégagement d'au moins 160 cm (63 po) pour l'entrée et l'ascenseur. L'instrument non emballé nécessite un dégagement d'au moins 89 cm (35 po) pour l'entrée et l'ascenseur. Si le dégagement de la porte ou de l'ascenseur est inférieur à la dimension nécessaire, contactez votre représentant Illumina.

Les risques de charge au sol liés à l'installation de l'instrument doivent être évalués et traités par le personnel responsable du bâtiment.

 Seul le personnel autorisé Illumina est à même de déballer, installer ou déplacer l'instrument. Une mauvaise manipulation de l'instrument peut avoir une incidence sur l'alignement ou endommager les composants de l'instrument.

Un représentant Illumina s'occupe de l'installation et de l'alignement de l'instrument. Si vous connectez l'instrument à un système de gestion des données ou à un emplacement réseau à distance, le chemin d'accès à l'espace de stockage des données doit être défini avant la date d'installation. Le représentant Illumina pourra ainsi tester la procédure de transfert de données au cours de l'installation.

 Une fois que votre représentant Illumina a installé et aligné l'instrument, *ne le déplacez pas*. Un déplacement inapproprié de l'instrument peut avoir une incidence sur l'alignement optique et compromettre l'intégrité des données. Si vous devez changer l'emplacement de l'instrument, communiquez avec votre représentant Illumina.

Si vous conservez les caisses à réutiliser pour le déplacement ou le retour de l'instrument, contactez votre représentant Illumina pour vérifier que les caisses ont les étiquettes appropriées pour l'expédition.

Dimensions et contenu des caisses

Le système de séquençage et ses composants sont expédiés dans deux caisses. Consultez les dimensions ci-dessous pour déterminer la largeur minimum de la porte pour accueillir les caisses d'expédition.

 Pour la caisse n° 1, les points d'accès du chariot élévateur sont du côté profond de la caisse. Veillez à vérifier le dégagement des portes et des ascenseurs lorsque vous transportez l'instrument dans la caisse.

Tableau 1 Dimensions de la caisse

Mesure	Caisse n° 1	Caisse n° 2
Hauteur	175,90 cm (69,25 po)	121,92 cm (48 po)
Largeur	109,22 cm (43 po)	91,44 cm (36 po)
Profondeur	154,76 cm (60,93 po)	101,6 cm (40 po)
Poids	722 kg (1 591 livres)	238 kg (525 livres)

Les éléments suivants sont inclus dans chaque caisse.

La caisse n° 1 contient l'instrument.

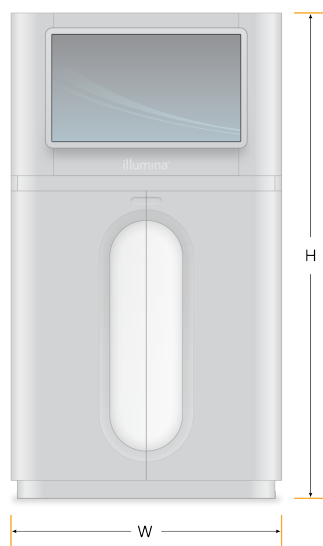
La caisse n° 2 contient cinq boîtes contenant ce qui suit :

- Boîte : alimentation sans interruption (ASI), poids 46 kg (100 livres)
- Boîte : trousse d'accessoires pour boîtier, poids 12 kg (26 livres)
- Boîte : accessoires d'alimentation et d'affichage, poids 13 kg (30 livres) :
 - Écran
 - Porte-câbles pour écran
 - Câble Ethernet
 - Cordon d'alimentation adapté à chaque région
 - Clavier
- Boîte : accessoires, poids 10 kg (22 livres) :
 - Adaptateur de cheminée
 - Remplacement des filtres à air (4)
 - Trousse d'assemblage pour tubes
 - Cartouche de réactifs de lavage
 - Flow Cell de lavage
 - Liquides de refroidissement (3)
 - Bouchons de déchets (4)
 - Adaptateur de bande de tubes de bibliothèque (2)
 - Tubes de réactifs usagés externes
 - Élingue en toile
 - Clip mousqueton

Spécifications du laboratoire

Utilisez les spécifications et les exigences fournies dans cette section pour configurer l'espace de laboratoire.

Dimensions de l'instrument



Mesure	Dimensions de l'instrument
Hauteur	158,8 cm (62,5 po)
Largeur	86,4 cm (34 po)
Profondeur	93,3 cm (36,7 po)
Poids	588 kg (1 296 livres)*

* poids total de l'instrument après l'installation, y compris l'ASI et les consommables.

Exigences de placement

Placez l'instrument de façon à assurer une ventilation adéquate, un accès suffisant pour l'entretien de l'instrument, et un accès au bouton d'alimentation, à la prise et au cordon d'alimentation.

- Placez l'instrument de sorte que le personnel puisse atteindre l'arrière par le côté droit de l'instrument, afin d'activer ou de désactiver le bouton d'alimentation. Ce bouton est situé sur le panneau arrière, à côté du cordon d'alimentation.
- Placez l'instrument de sorte que le personnel puisse débrancher rapidement le cordon d'alimentation de la prise.
- Assurez-vous que l'instrument est accessible depuis tous les côtés, en vous conformant aux dimensions minimales de dégagement suivantes.
- Maintenez l'avant de l'instrument dégagé de tout obstacle et le plancher propre pour éviter d'obstruer le filtre à air.
- Placez l'ASI d'un côté ou de l'autre de l'instrument. L'ASI peut être placée dans l'espace de dégagement minimal sur les côtés de l'instrument.

Accès	Dégagement minimal
Avant	Laissez un espace d'au moins 152,4 cm (60 po) devant l'instrument pour l'ouverture des portes avant et pour faciliter les déplacements du personnel de laboratoire.
Côtés	Laissez un espace d'au moins 70 cm (27,5 po) sur chaque côté de l'instrument pour faciliter l'accès et circuler autour de l'instrument. Les instruments placés côte à côte ne nécessitent qu'un espacement de 70 cm (27,5 po) au total entre les deux instruments.
Arrière	Laissez un espace d'au moins 30,5 cm (12 po) derrière l'instrument s'il est placé contre un mur pour la ventilation et l'accès. Laissez un espace d'au moins 61 cm (24 po) entre deux instruments placés dos à dos.
Haut	Assurez-vous qu'il n'y a pas d'étagères ni d'autres obstructions au-dessus de l'instrument. Laissez un dégagement d'au moins 80 cm (31,5 po) au-dessus de l'instrument.

 | Un emplacement inadéquat peut réduire la ventilation. Une ventilation réduite augmente l'émission de chaleur et le niveau de bruit produit, ce qui compromet l'intégrité des données et la sécurité du personnel.

Directives sur les vibrations

Gardez le niveau de vibration du plancher du laboratoire à la norme VC-A de 50 $\mu\text{m/s}$ pour une bande de tiers d'octave de 8 à 80 Hz ou plus basse. Ce niveau est habituel pour des laboratoires. N'excédez pas la norme ISO d'une salle d'opération (niveau de référence) de 100 $\mu\text{m/s}$ pour une bande de tiers d'octave de 8 à 80 Hz.

Au cours d'une série de séquençage, suivez les meilleures pratiques suivantes pour limiter les vibrations et garantir une performance optimale :

- Placez l'instrument sur une surface plane dure et gardez la zone de dégagement libre de tout encombrement.
- Ne posez pas de claviers, de consommables usagés ou d'autres objets sur l'instrument.
- N'installez pas l'instrument près d'une source de vibration qui excède la norme ISO pour une salle d'opération. Par exemple :
 - Moteurs, pompes, agitateurs, testeurs de chute et sources de circulation d'air importante dans le laboratoire.
 - Étages situés directement au-dessus ou en dessous de ventilateurs HVAC, de régulateurs et de plateformes d'hélicoptère.
 - Travaux de construction ou de réparation sur le même étage que l'appareil.
 - Zones à forte circulation piétonnière.

- Gardez les sources de vibration, comme les objets pouvant chuter ou les mouvements de machinerie lourde à au moins 100 cm (39,4 po) de l'instrument.
- Utilisez uniquement l'écran tactile, le clavier et le pavé tactile pour interagir avec l'instrument. Ne touchez pas directement la surface de l'instrument au cours d'une opération.

Installation du laboratoire pour les procédures PCR

Certaines méthodes de préparation des bibliothèques exigent une procédure PCR (amplification en chaîne par polymérase).

Afin d'éviter une contamination par le produit PCR, établissez des zones et des procédures de laboratoire exclusives avant de commencer à travailler dans le laboratoire. Les produits PCR peuvent contaminer les réactifs, les instruments et les échantillons, ce qui peut entraîner des résultats inexacts et retarder les opérations normales.

Zones pré-PCR et post-PCR

Suivez les directives ci-dessous pour éviter la contamination croisée.

- Établissez une zone pré-PCR pour la procédure pré-PCR.
- Établissez une zone post-PCR pour le traitement des produits PCR.
- N'utilisez jamais le même évier pour laver le matériel pré-PCR et post-PCR.
- Ne partagez pas le même système de purification d'eau entre les procédures pré-PCR et post-PCR.
- Stockez toutes les fournitures utilisées au cours des protocoles pré-PCR dans la zone pré-PCR. Transférez-les dans la zone post-PCR au besoin.

Équipements et fournitures dédiés

- N'utilisez jamais le même équipement et les mêmes fournitures durant la procédure pré-PCR et la procédure post-PCR. Réservez des fournitures et un équipement pour chaque zone.
- Établissez des zones de stockage dédiées aux consommables utilisés dans chaque zone. Pour connaître les exigences et les dimensions de température de stockage, reportez-vous à [Consommables nécessaires au séquençage à la page 35](#).

Exigences électriques

Ne retirez pas les panneaux extérieurs de l'instrument. Il n'y a aucun composant réparable par l'utilisateur à l'intérieur.

-  L'utilisation de l'instrument avec l'un des panneaux retirés crée une exposition potentielle aux tensions secteur et CC.

Tableau 2 Spécifications d'alimentation

Type	Spécification
Tension d'alimentation	200–240 VCA à 50/60 Hz
Consommation de puissance de crête	2 700 W

Prises de courant

Vos installations doivent être équipées d'une alimentation d'au moins 15 A mise à la terre avec tension appropriée. Les exigences peuvent varier en fonction de votre région. Consultez la section [Cordons d'alimentation à la page 25](#) pour connaître les exigences d'alimentation spécifiques au pays. Une mise à la terre électrique est nécessaire. Si la tension fluctue de plus de 10 %, un régulateur de ligne électrique est nécessaire.

L'instrument doit être connecté à un circuit dédié, lequel ne doit être partagé avec aucun autre équipement.

Cordons d'alimentation

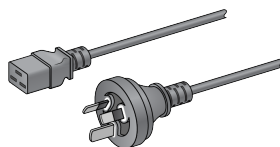
L'instrument est livré avec une prise standard internationale IEC 60320 C20 et est livré avec un cordon d'alimentation spécifique à la région. Pour obtenir des prises ou des cordons d'alimentation équivalents conformes aux normes locales, consultez un fournisseur tiers tel qu'Interpower Corporation (www.interpower.com). Tous les cordons d'alimentation mesurent 2,5 m (8 pi) de long.

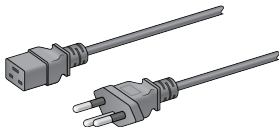
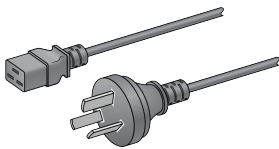
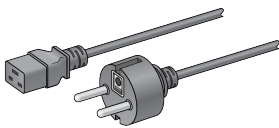
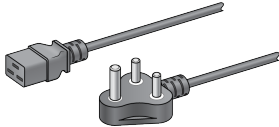
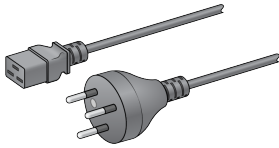
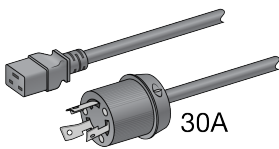
L'instrument n'est plus parcouru de tensions dangereuses uniquement lorsque le cordon d'alimentation est débranché de la source d'alimentation CA.

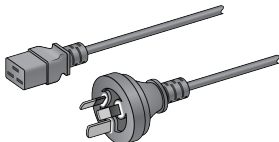
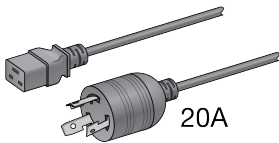
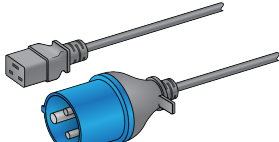
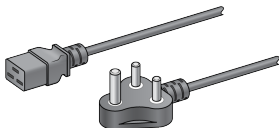
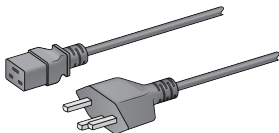
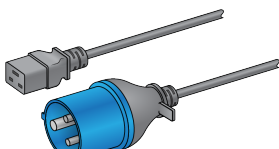
! N'utilisez jamais de rallonge pour brancher l'instrument à l'alimentation électrique.

Tableau 3 Exigences relatives au cordon d'alimentation dans les régions données

Région	Cordon d'alimentation livré	Alimentation électrique	Prise
Australie	Mâle AS 3112 SAA vers C19, 15 A	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 15 A	15 A, Type I



Région	Cordon d'alimentation livré	Alimentation électrique	Prise
Brésil	Connecteur NBR14136 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 220 VCA Ampérage minimum : 16 A	NBR 14136, Type N
Chine	GB2099 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 220 VCA Ampérage minimum : 16 A	GB 1002, GB 2099, Type I
Union européenne*	Schuko CEE 7 (EU1-16p) vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 220–240 VCA Ampérage minimum : 16 A	Schuko CEE 7/3
Inde	IS1293 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 16 A	BS546A, Type M
Israël	IEC 60320 C19, 16 A 	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 16 A	SI 32 16 Amp Type H
Japon	NEMA L6-30P, 30 A 	Tension de ligne : 200 VCA Ampérage minimum : 30 A	NEMA L6-30R

Région	Cordon d'alimentation livré	Alimentation électrique	Prise
Nouvelle-Zélande	Mâle AS 3112 SAA vers C19, 15 A 	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 15 A	Prise dédiée 15 A, Type I
Amérique du Nord	NEMA L6-20P vers C19, 20 A 	Tension de ligne : < 220 VCA Ampérage minimum : 20 A Tension de ligne : ≥ 220 VCA Ampérage minimum : 16 A	NEMA L6-20R
Singapour	IEC60309 316P6 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 230–250 VCA Ampérage minimum : 16 A	IEC60309 316C6
Afrique du Sud	SANS 164-1 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 16 A	BS546A, Type M
Suisse	SEV 1011, Type 23 Connecteur J, 16 A 	Tension de ligne : 230 VCA Ampérage minimum : 16 A	Prise d'alimentation SEV 1011, Type 23 J
Royaume-Uni	IEC60309 316P6 vers C19, 16 A 	Tension de ligne : 240 VCA Ampérage minimum : 16 A	IEC60309 316C6

* Excepté la Suisse et le Royaume-Uni.

i | Alternativement, toutes les régions peuvent utiliser la norme IEC 60309.

Alimentation sans interruption

Les spécifications suivantes s'appliquent à l'ASI internationale livrée avec l'instrument.

Pour connaître les pays exigeant une ASI et une batterie qui sont différentes, et pour obtenir de l'information sur les solutions de rechange, consultez la section [Alimentations sans interruption propres à certains pays à la page 29](#).

- **Onduleur** : APC Smart-UPS SRT 3 000 VA RM 208/230 V IEC, modèle n° SRT3000RMXLW-IEC

Spécification	ASI
Puissance de sortie maximale	2 700 W*/3 000 VA
Tension d'entrée	208 V, 230V
Fréquence d'entrée	40 à 70 Hz
Connexion d'entrée	British BS1363A IEC 60320 C20 Schuko CEE 7/EU1-16P
Temps d'une série typique (Puissance moyenne de 2 200 W)	5 minutes et 44 secondes
Temps d'une série typique (Puissance de crête de 2 700 W)	3 minutes et 58 secondes
Sortie thermique	703 BTU/h
Poids	31,3 kg (69 livres)
Dimensions (format de la tour : H x L x P)	43,2 cm × 63,5 cm × 8,5 cm (17 po × 25 po × 3,4 po)

* L'ASI nécessite jusqu'à 168 W pour charger la batterie et exécuter d'autres fonctions internes. Une puissance de sortie de 2 700 W est disponible pendant ce temps.

Alimentations sans interruption propres à certains pays

Illumina fournit les ASI qui sont propres à certains pays.

Pays	N° de modèle de l'ASI
Inde	N° de modèle de l'ASI : SUA3000UXI N° de modèle de la batterie : SUA48XLBP Autre ASI avec n° de modèle de batterie : SUA3000I-IND
Japon	SRT5KXLJ
Tous les autres pays	SMX3000RMHV2U

Pour obtenir plus d'information sur ces spécifications, consultez le site Web d'APC (www.apc.com).

i | La disponibilité exacte des options d'ASI et de batteries est sujette à modification sans préavis.

Illumina expédie vers tous les pays, à l'exception du Japon, un cordon d'alimentation de 16 A, 250 VCA avec l'ASI. Ce cordon d'alimentation connecte l'ASI et l'instrument. Pour le Japon, Illumina est livré avec un cordon d'alimentation de 30 A, 250 VCA. Le Japon dispose d'une entrée de tension plus faible et d'une capacité globale d'ASI plus élevée, ce qui se traduit par un courant nominal plus élevé et nécessite un câble de plus grand calibre pour s'adapter. La valeur nominale du cordon d'alimentation est imprimée sur le connecteur du cordon.

Considérations environnementales

Tableau 4 Considérations environnementales de l'instrument

Élément	Spécification
Température*	Maintenez une température de laboratoire de 15 °C à 25 °C. Au cours d'une série, ne laissez pas la température ambiante varier de plus de ± 2 °C. Le fait de ne pas faire fonctionner l'instrument dans la plage de température peut dégrader les performances ou entraîner l'échec de la série.
Humidité*	Maintenez une humidité relative sans condensation comprise entre 20 et 65 %.
Altitude	Placez l'instrument à une altitude inférieure à 2 000 m (6 500 pi).
Qualité de l'air	Faites fonctionner l'appareil dans un environnement intérieur avec un niveau de propreté des particules de l'air conformes à la norme ISO 9 (air ambiant ordinaire), ou mieux. Maintenez l'appareil à l'écart des sources de poussière.
Vibration	Limitez les vibrations continues du sol du laboratoire au niveau de la salle d'opération ISO (ligne de base), ou mieux. Pendant une série de séquençage, limitez les perturbations ou les chocs intermittents sur le sol à proximité de l'instrument. Ne dépassez pas le niveau de la salle d'opération ISO.

Élément	Spécification
Système d'évacuation du laboratoire	La ventilation doit être adaptée à la manipulation des matières dangereuses contenues dans les réactifs et être conforme aux lois et réglementations régionales, nationales et locales applicables. Pour de plus amples informations relatives à l'environnement, à la santé et à la sécurité, consultez la FDS à l'adresse support.illumina.com/sds.html .

* Évitez la combinaison d'une température élevée et d'une forte humidité. Par exemple, 25 °C et 65 % d'humidité relative.

Tableau 5 Émissions sonores

Émissions sonores	Distance de l'instrument
< 75 dB	1 m (3,3 pi)

Tableau 6 Production de chaleur

Consommation d'énergie	Sortie thermique
Maximum : 2 700 W	Maximum : 9 200 BTU/h*
Moyenne : 2 200 W	Moyenne : 7 507 BTU/h

*Exclut la sortie thermique de l'ASI.

Ventilation

Une cheminée verticale ronde de 25,4 cm (10 po) évacue 80 % des émissions de chaleur de l'instrument. Vous pouvez ventiler la pièce ou relier la cheminée à un conduit fourni par l'utilisateur.

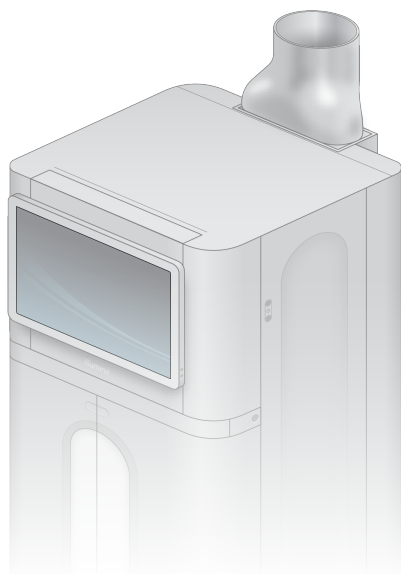
Suivez les recommandations ci-dessous concernant les conduits de ventilation.

- Les conduits flexibles sont préférables.
- Évitez de courber les conduits flexibles, si possible. Lorsque vous y êtes contraint, courbez-les au minimum.
- Les conduits flexibles courbés doivent respecter le diamètre de 25,4 cm (10 po) de la cheminée en tout point.
- Dépliez les conduits ou retirez tout autre obstacle pouvant faire obstruction à l'écoulement de l'air.
- Des conduits rigides peuvent être utilisés. L'utilisation de conduits rigides peut nécessiter le déplacement de l'instrument par le personnel d'Illumina pour la maintenance.
- Utilisez les conduits les plus courts possible.
- Assurez-vous que les ouvertures de ventilation ne sont pas obstruées.
- Dirigez les conduits vers un endroit suffisamment aéré afin de prévenir l'obstruction de l'écoulement de l'air ou son refoulement à l'intérieur de l'instrument.

 Le non-respect de ces directives peut nuire à la performance de l'instrument et causer des échecs de séries.

L'écoulement d'air de la cheminée peut atteindre jusqu'à 12,74 m³ (450 pi³) par minute. La température de l'air dans la cheminée peut être jusqu'à 12 °C plus élevée que la température ambiante.

Figure 3 Positionnement de la cheminée pour la ventilation



Manutention en vrac des réactifs usagés

Les Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus sont conçus pour évacuer les réactifs tampons usagés dans un contenant à vidange fourni par l'utilisateur afin d'être traités ou manipulés séparément. Les tubes externes pour l'évacuation des réactifs usagés fournis dans la trousse d'accessoires ont une longueur de 5 mètres et se branchent à l'arrière de l'instrument, à gauche.

Illumina ne prend en charge que l'évacuation externe des réactifs usagés au moyen des tubes fournis. Chaque tube contient les solutions de tampon usagées d'une position de Flow Cell unique et doit se déverser individuellement dans le contenant à vidange.

Ce contenant doit être placé à moins de 5 mètres de l'instrument. Son ouverture doit se trouver à 1 000 mm ou moins du sol.

Connexions réseau

Les Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus nécessitent une connexion réseau dédiée. Les systèmes ne sont pas conçus pour stocker les données d'analyse.

Une connexion Internet externe est facultative. Cependant, le téléchargement des données de performance de l'instrument vers l'assistance Illumina proactive et à distance du support technique Illumina nécessite une connexion Internet externe. Le téléchargement des données de séquençage vers BaseSpace Sequence Hub nécessite également une connexion Internet externe.

Illumina ne propose ni installation ni assistance technique en ce qui concerne les connexions réseau. Pour les directives de sécurité réseau pour les systèmes Illumina, reportez-vous à [Portail de sécurité des produits Illumina](#).

Suivez les recommandations suivantes pour installer et configurer une connexion réseau :

- NovaSeq X Series permet une configuration réseau double. Illumina recommande les connexions suivantes :
 - Connectez LAN1 à Internet à l'aide d'une connexion Ethernet 1 gigabit (GbE).
 - Connectez LAN2 à votre serveur réseau à l'aide d'une connexion 10 GbE.
- Utilisez une connexion dédiée entre l'instrument et le système de gestion des données à l'aide du câble RJ-45 fourni avec l'instrument. Cette connexion peut être établie directement ou à l'aide d'un commutateur réseau.
 - Une connexion intranet de 10 gigabits (Gb) (instrument au stockage réseau et pare-feu limite) est nécessaire pour maintenir les temps de transfert des données. Des vitesses de connexion plus faibles entraînent une disponibilité réduite de l'instrument, une augmentation des temps de transfert des données et peuvent avoir un impact sur les performances du séquençage.
 - Une connexion Internet est facultative.
- Illumina recommande des commutateurs gérés.

- Calculez la capacité totale de la charge de travail sur chaque commutateur réseau. Le nombre d'instruments connectés et d'équipements auxiliaires, tels qu'une imprimante, peut avoir un impact sur la capacité.
- Si possible, isolez le trafic de séquençage du reste du trafic sur le réseau.
- Illumina recommande l'utilisation d'au moins un câble CAT-6. Un câble réseau non blindé d'une longueur de 3 mètres (9,8 pieds) est fourni avec l'instrument aux fins de la connexion réseau. Une norme CAT-6A est recommandée pour les câbles de plus de 50 m (164 pieds).
- Pour se connecter aux réseaux locaux, l'instrument comprend deux interfaces en cuivre RJ-45 à utiliser avec les câbles fournis. Les connexions directes par fibre optique à l'instrument ne sont pas possibles.
- Une connexion intranet de 10 gigabits (Gb) au stockage du réseau est nécessaire. Des vitesses de connexion plus faibles entraînent une disponibilité réduite de l'instrument, une augmentation des temps de transfert des données et peuvent aussi avoir un impact sur les performances du séquençage.
- Les commutateurs doivent être non bloquants avec des ports full duplex et une négociation automatique de vitesse de liaison activée.

Utilisez la bande passante réseau recommandée suivante par instrument pour les connexions basées sur une efficacité réseau de 85 à 90 %.

- 800 mégabits par seconde (Mb/s) (analyse principale uniquement) ou ~3,5 gigabits par seconde (Gb/s) (analyse principale et analyse secondaire) de bande passante réseau soutenue pour le stockage des données sur le réseau local.
- Bande passante réseau de 800 Mb/s pour le téléchargement des données d'analyse principales vers le cloud.
- Bande passante Internet de 15 Mb/s pour la surveillance des séries ou Illumina Proactive Support (assistance proactive) uniquement.

Les fichiers d'analyse primaire comprennent les fichiers BCL et les fichiers auxiliaires générés par RTA4. Les fichiers d'analyse secondaire comprennent les fichiers de sortie DRAGEN de l'instrument.

Connexions internes

Connexion	Valeur	Utilisation
Hôte	https://127.0.0.1	GDS via la bibliothèque Kubernetes Client
Port	6443	GDS via la bibliothèque Kubernetes Client

Connexions sortantes

Pour une liste des points de terminaison requis pour les services cloud, reportez-vous à la documentation disponible sur le [Portail de sécurité des produits Illumina](#). Vous devez vous connecter pour accéder à la documentation.

Pour obtenir des instructions sur la façon de se connecter aux services basés sur le cloud sur votre système, reportez-vous à la section [Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina à la page 50](#).

Connexion	Valeur	Utilisation
Port	53	Résolution du nom de domaine avec les serveurs DNS du client
Port	443	Logiciel de contrôle hors-instrument UI ou UCS
URL	lus.edicogenome.com*	Serveur de licences DRAGEN

* Si lus.edicogenome.com échoue, utilisez http://lus.edicogenome.com.

Connexions entrantes

Connexion	Valeur	Utilisation
Port	80	Logiciel de commande hors instrument (certificat)
Port	443	Logiciel de contrôle hors-instrument (UI)

Sécurité

Les Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus disposent de lecteurs à chiffrement automatique (SED) basés sur le matériel qui utilisent le chiffrement complet du disque (FDE) avec une authentification préalable au démarrage. Les clés stockées sur les lecteurs et le contrôleur de disque chiffrent les données au repos et en transit. Cette approche réduit la pression sur les ressources du système d'exploitation, car le chiffrement et le déchiffrement sont effectués dans le matériel après le déchiffrement initial. Pour éviter une vulnérabilité de sécurité potentielle, les clés ne sont pas disponibles pour le système d'exploitation. Les SED chiffrent chaque fois que l'alimentation est coupée, de sorte que vous ne pouvez pas retirer physiquement un lecteur et le monter ailleurs pour accéder aux données.

Pour des directives détaillées sur la cybersécurité, reportez-vous à [Portail de sécurité des produits Illumina](#).

Consommables et équipement

Cette section énumère tous les composants inclus dans la trousse de réactifs avec les conditions de stockage. Cette section détaille également les consommables et équipements auxiliaires que vous devez acheter pour compléter le protocole et effectuer les procédures de maintenance et de dépannage.

Consommables nécessaires au séquençage

Le séquençage sur le NovaSeq X ou le NovaSeq X Plus nécessite une trousse de réactifs NovaSeq X Series à usage unique. Pour les séries de séquençage doubles sur le NovaSeq X Plus, utilisez deux trousse de réactifs. Chaque composant utilise l'identification par radiofréquence (RFID) pour un suivi précis des consommables et pour des questions de compatibilité. La trousse de réactifs contient les composants suivants :

- Cartouche de tampon
- Flow Cell
- Bande de tube de bibliothèque
- Insert Lyo
- Tampon de préchargement
- Cartouche de réactifs

Les consommables NovaSeq X Series sont emballés dans les configurations suivantes.

Nom de la trousse	Numéro de référence Illumina
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit	20104706 (300 cycles) 20125968 (200 cycles) 20125967 (100 cycles)
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit	20085594 (300 cycles) 20085595 (200 cycles) 20085596 (100 cycles)
NovaSeq X Series 5B Reagent Kit	20145967 (300 cycles) 20145966 (200 cycles) 20145965 (100 cycles)
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit	20145964 (600 cycles) 20104705 (300 cycles) 20104704 (200 cycles) 20104703 (100 cycles)

Lorsque vous recevez votre trousse, inspectez visuellement chaque composant et stockez rapidement ses composants à la température indiquée afin de garantir leurs performances.

Tous les composants de la trousse sont expédiés à température ambiante.

Températures et dimensions de stockage

Utilisez les spécifications suivantes pour déterminer les besoins de stockage. Une série de Flow Cell simple nécessite un de chacun des objets suivants. Une série de Flow Cell double nécessite deux de chaque objet. Lorsque vous recevez votre trousse, stockez rapidement ses composants à la température indiquée afin de garantir leurs performances.

Élément	Température de stockage	Dimensions des consommables	Dimensions du colis
Cartouche de réactifs	-25 °C à -15 °C	19,9 cm x 29,3 cm x 8,5 cm (7,8 po x 11,5 po x 3,3 po)	31,2 cm x 23,9 cm x 9,7 cm (12,3 po x 9,4 po x 3,8 po)
Insert Lyo	-25 °C à -15 °C	9,1 cm x 2,6 cm x 8,3 cm (3,6 po x 1,0 po x 3,3 po)	14,2 cm x 19,1 cm x 2,5 cm (5,6 po x 7,5 po x 1,0 po)
Tampon de primer personnalisés*	-25 °C à -15 °C	11,9 cm x 1,8 cm (4,7 po x 0,7 po)	3,8 cm x 4,9 cm x 12,6 cm (1,5 po x 1,9 po x 5,0 po)
Tampon de préchargement*	-25 °C à -15 °C	9,2 cm x 1,6 cm (3,6 po x 0,6 po)	3,8 cm x 3,8 cm x 10,2 cm (1,5 po x 1,5 po x 4,0 po)
Flow Cell	2 °C à 8 °C	8,2 cm x 10,8 cm x 1,3 cm (3,2 po x 4,3 po x 0,5 po)	15,2 cm x 2,5 cm x 20,1 cm (6,0 po x 1 po x 7,9 po)
Cartouche de tampon	15 °C à 30 °C	8,0 cm x 30,9 cm x 13,3 cm (3,1 po x 12,2 po x 5,2 po)	31,2 cm x 8,4 cm x 14,0 cm (12,3 po x 3,3 po x 5,5 po)
Bande de tube de bibliothèque	15 °C à 30 °C	9,0 cm x 1,9 cm x 4,1 cm (3,5 po x 0,7 po x 1,6 po)	9,7 cm x 3,8 cm x 5,1 cm (3,8 po x 1,5 po x 2 po)

* Stockez les tampons de préchargement et de primer personnalisé verticalement et dans l'emballage pour éviter les fuites.

 Évitez de faire tomber les cartouches. Une chute peut provoquer des blessures. Une irritation de la peau peut se produire si les réactifs fuient des cartouches. Vérifier l'absence de fissures dans les cartouches avant de les utiliser.

Sensibilité à la lumière

La cartouche de réactifs, la cartouche de tampon et l'insert lyo contiennent des réactifs sensibles à la lumière. Conservez les objets emballés jusqu'à leur utilisation et stockez-les dans l'obscurité, à l'abri de toute source de lumière.

Détails sur les consommables

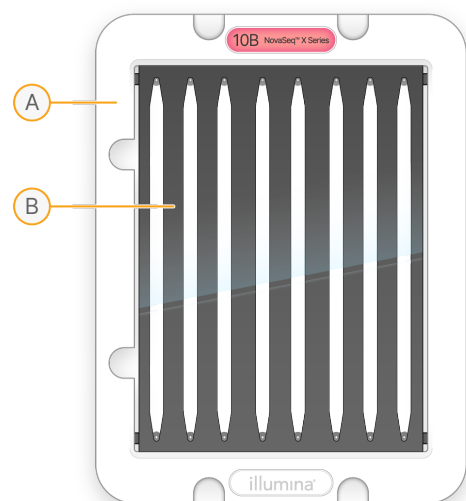
Cette section comprend des informations supplémentaires sur les consommables fournis et l'adaptateur de bande de tubes de la bibliothèque.

Flow Cell

NovaSeq X Series correspond à des Flow Cells structurées enchâssées dans des cartouches plastiques. La Flow Cell est un substrat en verre contenant des milliards de nanopuits disposés de manière ordonnée, ce qui augmente le nombre de lectures de sortie et de données de séquençage. Les amplifiats sont générés dans les nanopuits, dans lesquels le séquençage est effectué.

NovaSeq X Series 25B Flow Cell, NovaSeq X Series 10B Flow Cell et NovaSeq X Series 5B Reagent Kit comportent huit lignes pour le séquençage des bibliothèques groupées. NovaSeq X Series 1.5B Flow Cell comporte deux lignes pour le séquençage des bibliothèques groupées. Chaque ligne est imagée en plusieurs témoins. Le logiciel divise ensuite l'image de chaque témoin en portions plus petites appelées plaques. Pour plus d'informations, consultez la section [Real-Time Analysis à la page 89](#).

Figure 4 NovaSeq X Series 10B Flow Cell



- A. Cartouche de Flow Cell
- B. Flow Cell à 8 lignes (10B)

Figure 5 NovaSeq X Series 25B Flow Cell

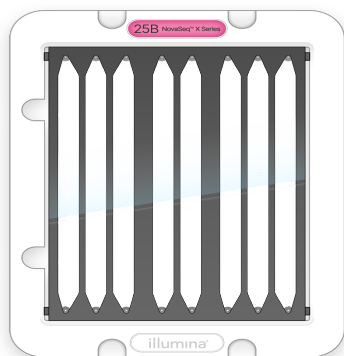


Figure 6 NovaSeq X Series 5B Flow Cell

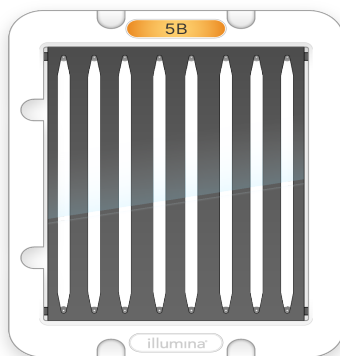
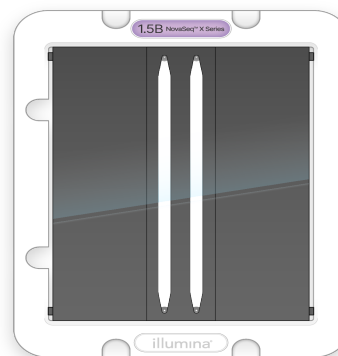


Figure 7 NovaSeq X Series 1.5B Flow Cell



Les faces inférieures de NovaSeq X Series 25B Flow Cell, NovaSeq X Series 10B Flow Cell et NovaSeq X Series 5B Reagent Kit contiennent un joint d'entrée et huit joints de sortie. La face inférieure de NovaSeq X Series 1.5B Flow Cell contient un joint d'entrée et deux joints de sortie. Les réactifs entrent dans les lignes de la Flow Cell par le joint sur l'extrémité d'entrée de la Flow Cell. Les réactifs sont expulsés des lignes par les joints sur l'extrémité de sortie.

i | Évitez de toucher les joints lorsque vous manipulez une Flow Cell.

Cartouche de réactifs

La cartouche de réactifs de séquençage est préremplie de réactifs, de tampons et de solution de lavage.

La cartouche contient tous les réactifs pour une série. La bande de tubes de bibliothèque et l'insert Iyo sont chargés dans la cartouche décongelée, qui est ensuite chargée sur l'instrument. Une fois la série commencée, les réactifs et la bibliothèque sont automatiquement transférés de la cartouche à la Flow Cell. Lors du transport, ne transporter qu'une seule cartouche à la fois et saisir la cartouche par les côtés.

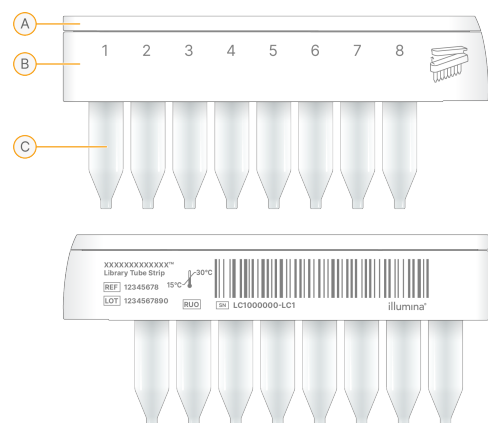
Les puits de la position 3 et de la position 8 contiennent du formamide. Pour faciliter l'élimination sûre de tout réactif non utilisé après l'analyse de séquençage, ce réservoir est amovible. Pour plus d'informations, consultez la section [Recycler une cartouche de réactifs à la page 85](#).



Bande de tubes de bibliothèque

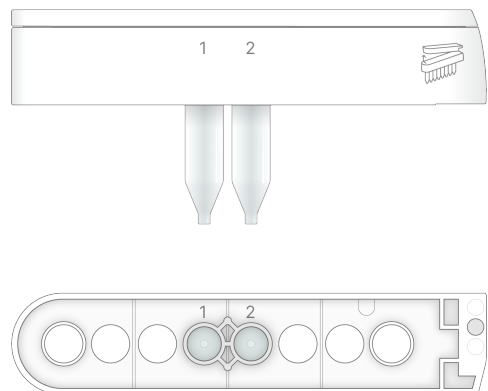
La bande de tubes de bibliothèque contient un tube d'échantillon pour chaque ligne de la Flow Cell. Chaque tube d'échantillon est numéroté. Pendant la planification de la série, saisissez le numéro du tube d'échantillon comme numéro de ligne.

Figure 8 Bande de tubes de bibliothèque (8 lignes)



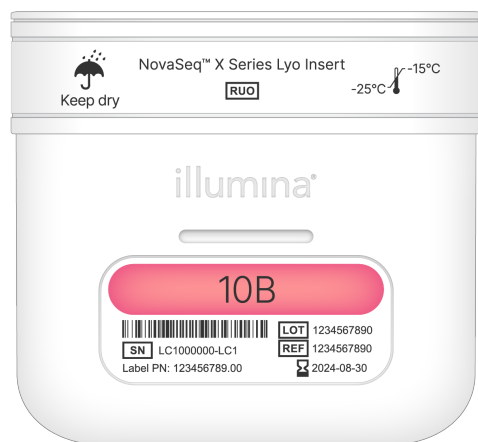
- A. Bouchon de bande de tubes de bibliothèque
- B. Numéro de ligne de la Flow Cell
- C. Tube d'échantillon

Figure 9 Bande de tubes de bibliothèque (2 lignes)



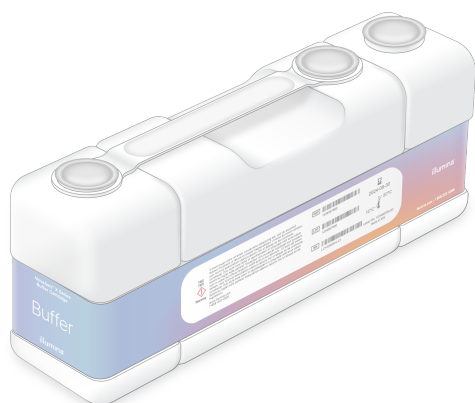
Insert Lyo

L'insert lyo est prérempli de réactifs SBS et ExAmp préparés. Pendant le séquençage, l'instrument réhydrate automatiquement le réactif ExAmp puis transfère le mélange dans la Flow Cell.



Cartouche de tampon

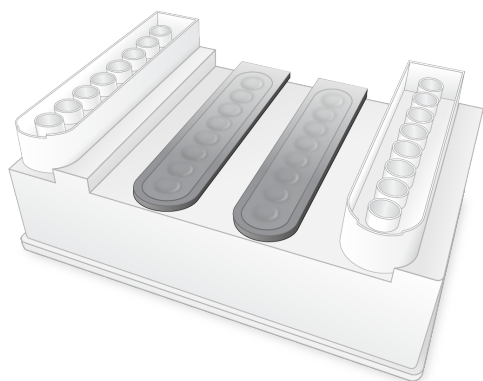
La cartouche de tampon est préremplie de tampons de séquençage et pèse jusqu'à 2,5 kg (5,5 livres). Les indentations sur le fond permettent d'empiler les cartouches de tampon. La cartouche de tampon est chargée directement sur l'instrument.



Adaptateur de bande de tubes de bibliothèque

Utilisez l'adaptateur pour bande de tubes de bibliothèque lors du transport, de la centrifugation et du stockage de la bande de tubes de bibliothèque. L'adaptateur comprend des emplacements pour insérer les tubes d'échantillon et le bouchon de la bande de tubes de la bibliothèque. Si vous préparez une seule bande de tubes de bibliothèque pour le séquençage, assurez-vous d'équilibrer l'adaptateur avec une autre bande de tubes de bibliothèque remplie avant la centrifugation.

Les dimensions de l'adaptateur sont de 8,6 cm (3,4 po) x 12,8 cm (5,0 po) x 3,0 cm (1,2 po).



Descriptions des symboles

Le tableau suivant explique les symboles présents sur les consommables ou leur emballage.

Symbole	Description
	La date de péremption du consommable. Pour de meilleurs résultats, utilisez le consommable avant cette date.
	Indique le fabricant (Illumina).
	Indique le numéro de référence afin que le consommable puisse être identifié*.
	Indique le code de lot pour identifier le lot de fabrication du consommable*.
	Présente un risque pour la santé.
	Plage de température de stockage en degrés Celsius. Conservez le consommable dans la plage indiquée.

* REF identifie le composant individuel, tandis que LOT identifie le lot auquel le composant appartient.

Consommables et équipement fournis par l'utilisateur

Les sections suivantes fournissent des informations sur les consommables et l'équipement requis fournis par l'utilisateur. Des consommables supplémentaires fournis par l'utilisateur sont nécessaires pour diluer et dénaturiser les bibliothèques. Pour plus d'informations, consultez la section [Générateur du protocole de dénaturation et de dilution](#).

Consommables

Consommable	Fournisseur	Utilisation
Filtre à air	Illumina, n° de référence 20073109	Remplacement du filtre à air. NovaSeq X Series est livré avec un filtre à air et quatre pièces de rechange.
Flacon pour centrifugeuse, 500 ml	Fournisseur de laboratoire général	Dilution de Tween 20 pour un lavage de maintenance.
Tube pour centrifugeuse, 50 ml	Fournisseur de laboratoire général	Dilution de NaOCl pour un lavage de maintenance.
Lingettes Contec polynit Heatseal	VWR, n° de référence 68310-176, ou équivalent	Nettoyage et séchage de la Flow Cell et de l'étape de la Flow Cell.
Gants jetables sans talc	Fournisseur de laboratoire général	Usage général.
NaOCl de qualité « réactif », 5 %	Sigma-Aldrich, n° de référence 239305	Effectuer un lavage de maintenance.
Embouts de pipette, 20 µl	Fournisseur de laboratoire général	Pipetage pour le chargement des bibliothèques.
Embouts de pipette, 200 µl	Fournisseur de laboratoire général	Pipetage pour le chargement des bibliothèques.
Embouts de pipette, 1 000 µl	Fournisseur de laboratoire général	Pipetage pour le chargement des bibliothèques.
Alcool isopropylique (70 %) de qualité réactif ou spectrophotomètre, flacon de 100 ml	Fournisseur de laboratoire général	Nettoyer le plateau de la Flow Cell.
Tween 20	Sigma-Aldrich, n° de référence P7949	Effectuer un lavage de maintenance.
Eau, usage en laboratoire	Fournisseur de laboratoire général	Dilution de Tween 20 et d'hypochlorite de sodium pour les lavages de maintenance.

Consommable	Fournisseur	Utilisation
Conditionneur d'eau	Electron Microscopy Sciences, n° de référence 60502-01, ou équivalent	Stabilisation de l'eau dans les bains-marie et prévention de la croissance microbienne.
[Facultatif] EZwaste HD 20 L, HDPE, 83 mm Cap, 4x 1/16 po, 3x 1/4 po OD Raccords pour tubes et filtres, raccord cannelé et filtre ID 1x 1/4 ou 3/8 po	VWR, n° de référence 76018-558, ou équivalent	Collecte des déchets de tampon de réactifs usagés en vrac.
[Facultatif] Tampon de primer personnalisé NovaSeq X Series	Illumina, réf. catalogue 20100055	Exécution du flux de travail de primer personnalisé.
[Facultatif] PhiX Control v3	Illumina, n° de référence FC-110-3001	Impulsion dans le contrôle PhiX.

Équipement

Élément	Source
Centrifugeuse	Fournisseur de laboratoire général
Congélateur, de -15 à -25 °C	Fournisseur de laboratoire général
Cylindre gradué, 500 ml, stérile	Fournisseur de laboratoire général
Seau d'eau glacée	Fournisseur de laboratoire général
Pipette, 20 µl	Fournisseur de laboratoire général
Pipette, 200 µl	Fournisseur de laboratoire général
Pipette, 1 000 µl	Fournisseur de laboratoire général
Réfrigérateur, de 2 °C à 8 °C	Fournisseur de laboratoire général
Cuve, bains d'eau*	Fournisseur de laboratoire général

* Utilisez une cuve pouvant accueillir des cartouches de réactifs et le niveau d'eau approprié.

Directives relatives à l'eau de laboratoire

Utilisez toujours de l'eau de laboratoire ou de l'eau désionisée pour effectuer les procédures sur l'instrument. N'utilisez jamais l'eau du robinet. Utilisez uniquement les catégories d'eau suivantes ou leurs équivalents :

- Eau désionisée
- Illumina PW1
- Eau 18 mégohms (M Ω)
- Eau Milli-Q
- Eau Super-Q
- Eau de biologie moléculaire

Configuration du système

Cette section fournit des instructions pour l'installation et la configuration du système. Vous pouvez modifier les paramètres système sur l'instrument ou sur un ordinateur en réseau.

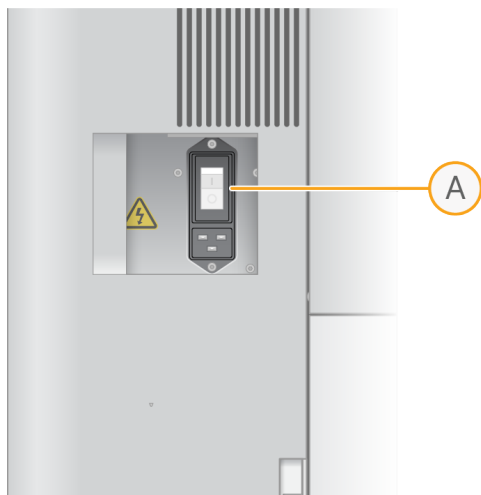
Pour en savoir plus sur l'ordinateur de contrôle de l'instrument, les comptes utilisateurs Linux, la mise en réseau ou les paramètres de sécurité, consultez [Portail de sécurité des produits Illumina](#).

Démarrer l'instrument

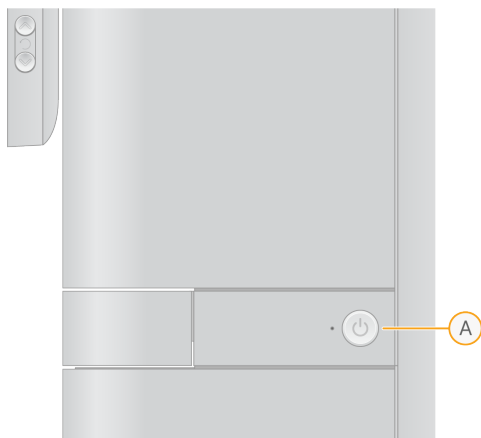
Lors de la première mise sous tension du NovaSeq X Series, le système d'exploitation doit initialiser le NovaSeq X Series Control Software.

Allumer l'instrument comme suit.

1. Appuyez sur l'interrupteur d'alimentation (A) situé à l'arrière de l'instrument en position (I) (marche).



2. Lorsque le bouton d'alimentation (A) situé à droite de l'instrument clignote, appuyez dessus.



3. Attendez que le système d'exploitation termine l'initialisation (~ 35 minutes).

4. Saisissez votre nom d'utilisateur et votre mot de passe pour vous connecter à l'instrument.
Pour plus d'informations, consulter [Se connecter et se déconnecter à la page 83](#).

Comptes utilisateur

Le NovaSeq X Series Control Software a les groupes d'utilisateurs suivants :

- **Sequencer Operator** (Opérateur du séquenceur) : permet aux utilisateurs d'effectuer le séquençage et d'accéder à toutes les fonctions de séquençage. Pour accéder au logiciel de commande sur l'instrument, l'utilisateur doit faire partie du groupe d'opérateurs de séquençage.
- **Administrator** (Administrateur) : permet aux utilisateurs d'accéder à toutes les fonctions d'administration des paramètres. Vous pouvez affecter le groupe d'administrateurs lors de l'ajout d'un utilisateur. Les administrateurs sont automatiquement inclus dans le groupe d'opérateurs du séquenceur.

Autorisations de l'utilisateur

Les autorisations suivantes sont disponibles pour chaque groupe d'utilisateur. Le groupe d'opérateurs du séquenceur est sélectionné par défaut. Cependant, les deux groupes peuvent être sélectionnés lors de l'ajout d'un utilisateur. Pour plus d'informations, consultez la section [Ajouter des utilisateurs à la page 47](#).

Autorisations	Opérateur du séquenceur	Administrateur
Modifier les paramètres de l'instrument	X	X
Afficher, ajouter, modifier et supprimer des utilisateurs		X
Définir des règles pour le mot de passe		X
Afficher les applications	X	X
Installer, désinstaller et modifier la configuration des applications		X
Effectuer des vérifications du système	X	X
Afficher et télécharger les mises à jour logicielles disponibles	X	X
Effectuer des mises à jour du logiciel		X
Afficher les ressources	X	X
Ajouter, modifier et supprimer des ressources		X
Gérer le logiciel DRAGEN		X
Afficher le journal d'audit		X

Autorisations	Opérateur du séquenceur	Administrateur
Exporter les journaux	X	X
Configurer les paramètres de connectivité cloud	X	X
Configurer les paramètres de stockage externe	X	X
Configurer les paramètres réseau		X
Afficher, ajouter, modifier et supprimer des trousse d'adaptateurs d'index personnalisés et des trousse de préparation de bibliothèque personnalisées	X	X
Afficher l'écran du logiciel de contrôle About (À propos de)	X	X
Réduire et quitter le logiciel de commande	X	X
Arrêter ou redémarrer l'instrument	X	X
Déverrouiller les portes de l'instrument	X	X
Créer, modifier ou supprimer les séries planifiées	X	X
Supprimer les séries terminées	X	X
Configurer la suppression automatique des données de la série transférées dans les paramètres de l'instrument		X
Effectuer le séquençage	X	X
Déverrouiller les séries	X	X
Effectuer un lavage de maintenance	X	X
Remplacer le filtre à air	X	X

Ajouter des utilisateurs

Vous pouvez ajouter de nouveaux utilisateurs à l'aide du NovaSeq X Series Control Software. Seuls les administrateurs peuvent ajouter des utilisateurs.

Les utilisateurs cloud sont automatiquement créés lorsqu'ils se connectent pour la première fois à l'instrument à l'aide de leurs identifiants BaseSpace Sequence Hub. Après la création d'un utilisateur cloud, son groupe d'utilisateurs est configuré manuellement.

Ajouter un utilisateur

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Users** (Utilisateurs).
3. Sélectionnez **Add user** (Ajouter un utilisateur).

4. Saisissez les informations suivantes :
 - Nom d'utilisateur
 - Prénom
 - Nom
5. Vérifiez que la case User enabled (Utilisateur activé) est cochée pour définir le statut de l'utilisateur comme Active (Actif).
Seuls les utilisateurs actifs peuvent se connecter à l'instrument.
6. Saisissez un mot de passe temporaire. Les mots de passe temporaires ne peuvent pas être réutilisés.
L'utilisateur modifie le mot de passe lors de sa première connexion. Reportez-vous à la section [Exigences relatives au mot de passe à la page 48](#) pour les recommandations relatives aux mots de passe.
7. Pour ajouter un utilisateur en tant qu'administrateur, cochez la case **Administrators** (Administrateurs).
Consultez la section [Autorisations de l'utilisateur à la page 46](#) pour de plus amples informations sur les autorisations de groupe.
8. Sélectionnez **Save** (Enregistrer) lorsque vous avez terminé.

Exigences relatives au mot de passe

Lorsque vous créez un utilisateur, utilisez les recommandations suivantes en matière de mot de passe.

Politique	Paramètres de sécurité
Longueur du mot de passe	8 à 64 caractères
Exigences minimales en matière de caractères de mot de passe	• Un caractère en majuscule • Un caractère en minuscule • Un caractère numérique • Un caractère spécial
Historique des mots de passe	Ne peut pas être l'un des cinq mots de passe précédents

Gérer les utilisateurs

Les administrateurs peuvent gérer les utilisateurs à l'aide de NovaSeq X Series Control Software. Pour de plus amples informations sur l'ajout d'un utilisateur, consultez la section [Ajouter un utilisateur à la page 47](#).

Modifier un utilisateur

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Users** (Utilisateurs).

3. Sélectionnez l'utilisateur à modifier.
4. Modifiez les paramètres de l'utilisateur, puis sélectionnez **Save** (Enregistrer).
Vous ne pouvez pas modifier le nom de l'utilisateur.

Supprimer des utilisateurs

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Users** (Utilisateurs).
3. Sélectionnez **Remove** (Supprimer) pour supprimer l'utilisateur que vous souhaitez.
4. Dans la boîte de dialogue, sélectionnez **Yes, remove** (Oui, supprimer).
5. Répétez les étapes 3 et 4 pour chaque utilisateur que vous souhaitez supprimer.

Mettre à jour les mots de passe

Les administrateurs peuvent réinitialiser les mots de passe et mettre à jour les paramètres de mot de passe.

Réinitialisation du mot de passe

Les administrateurs peuvent réinitialiser les mots de passe à tout moment. Lorsqu'un administrateur réinitialise un mot de passe, l'utilisateur peut se connecter à l'aide du mot de passe temporaire généré. Sur un ordinateur en réseau, vous pouvez accéder au menu du profil utilisateur dans le coin supérieur droit pour modifier votre mot de passe. Vous pouvez réinitialiser votre propre mot de passe lorsque vous recevez la notification d'expiration du mot de passe.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Users** (Utilisateurs).
3. Sélectionnez l'utilisateur à modifier.
4. Sélectionnez **Reset password** (Réinitialiser le mot de passe). Reportez-vous à [Exigences relatives au mot de passe à la page 48](#) pour en savoir plus sur les restrictions de mot de passe.
L'utilisateur saisit un nouveau mot de passe lors de sa prochaine connexion.
5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer) lorsque vous avez terminé.

Modifier les paramètres du mot de passe

Les administrateurs peuvent modifier la fréquence d'expiration des mots de passe, le délai jusqu'à la déconnexion automatique et le nombre de tentatives de connexion autorisées. Lorsqu'un mot de passe a expiré, les utilisateurs reçoivent une invite pour définir un nouveau mot de passe lors de la connexion.

Les paramètres de mot de passe utilisent les valeurs par défaut suivantes :

- Expiration du mot de passe : 90 jours
- Temps de déconnexion automatique : 30 minutes d'inactivité

- Tentatives de connexion non valides : cinq tentatives

Pour modifier les paramètres par défaut du mot de passe, procédez comme suit.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Password policy** (Politique de mot de passe).
3. Modifiez les paramètres du mot de passe comme vous le souhaitez.



La désactivation de l'expiration du mot de passe ou la modification de la durée de déconnexion automatique à plus de 90 minutes d'inactivité rend le système plus sensible aux menaces de sécurité.

4. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina

Utilisez les instructions suivantes pour configurer Assistance proactive Illumina et BaseSpace Sequence Hub ou ICA sur votre système. Pour plus d'informations sur BaseSpace Sequence Hub, consultez la [page Web d'assistance pour BaseSpace Sequence Hub](#). Pour plus d'informations sur ICA, consultez la [page Web d'assistance pour Illumina Connected Analytics](#).

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Cloud Settings** (Paramètres du cloud).
3. Pour activer une connexion au cloud, sélectionnez l'emplacement de votre domaine BaseSpace Sequence Hub ou ICA dans la liste déroulante Hosting (Hébergement).
4. Si vous utilisez BaseSpace Sequence Hub Enterprise ou ICA, saisissez le nom de domaine privé. Non requis pour les comptes BaseSpace Sequence Hub professionnels ou de base.
5. Sélectionnez **Test configuration** (Tester la configuration) pour vérifier votre connexion au cloud. Assurez-vous d'avoir ajouté les points de terminaison requis à la liste d'autorisation de votre pare-feu. Pour obtenir une liste des points de terminaison, reportez-vous à la documentation disponible sur le [Portail de sécurité des produits Illumina](#). Vous devez vous connecter pour accéder à la documentation.



Si les points de terminaison requis ne figurent pas sur la liste d'autorisation, vous ne pouvez pas vous connecter aux services basés sur le cloud Illumina.

6. Sélectionnez un paramètre d'exécution par défaut parmi les options suivantes. Vous pouvez modifier le paramètre d'analyse par défaut pendant la configuration de la série.
 - **Cloud run monitoring** (Surveillance des séries dans le cloud) : sélectionnez cette option pour activer la surveillance à distance des séries. Illumina L'assistance proactive est automatiquement incluse. La surveillance des séries n'est visible que dans BaseSpace Sequence Hub.

- **Cloud run storage** (Stockage de série dans le cloud) : sélectionnez pour stocker les données de la série dans le cloud et lancer automatiquement l'analyse. L'assistance proactive Illumina et la surveillance des séries sont automatiquement incluses.
7. Si le stockage de série dans le cloud est activé, cochez les cases suivantes pour télécharger ces fichiers secondaires intermédiaires de l'analyse locale vers le cloud :
 - Téléverser des fichiers FASTQ dans le cloud
 - Téléverser des fichiers BAM/CRAM dans le cloud
 8. Pour activer l'assistance proactive Illumina, sélectionnez la case à cocher **Send instrument performance data to Illumina** (Envoyer les données de performance de l'instrument à Illumina). Selon vos paramètres cloud, cette option peut être requise.
 9. Sélectionnez **Save** (Enregistrer) pour terminer.

Paramètres réseau

Les informations d'identification de l'administrateur sont requises pour mettre à jour les paramètres réseau, définir un serveur proxy, mettre à jour les paramètres du pare-feu ou renouveler un certificat TLS (Transport Layer Security). Les paramètres de temps ne nécessitent pas d'informations d'identification d'administrateur. Pour obtenir de l'aide sur la mise à jour des paramètres réseau, contactez l'assistance technique d'Illumina.

Mettre à jour les paramètres réseau

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Network Settings** (Paramètres réseau).
Le nom d'hôte, le nom de domaine et les configurations réseau en cours s'affichent.
3. Pour mettre à jour le nom d'hôte ou le nom de domaine facultatif, sélectionnez **Edit** (Modifier).
Modifiez selon vos besoins, puis sélectionnez **Save** (Enregistrer).
Après avoir modifié le nom de domaine, vous devez vous connecter au logiciel de commande.
4. Sélectionnez **Edit** (Modifier) pour l'interface réseau que vous souhaitez mettre à jour.
Si deux interfaces réseau sont configurées (LAN1 et LAN2), l'étiquette principale désigne le réseau prioritaire.
5. Pour configurer l'adresse IP, utilisez l'une des options suivantes :
 - **Manually enter IP address** (Saisir manuellement l'adresse IP) : utilisez les champs modifiables pour configurer l'adresse IP, le masque de réseau et la passerelle. La passerelle est facultative.
 - **Automatically assign IP address (DHCP)** (Attribuer automatiquement une adresse IP [DHCP]) : le protocole de configuration dynamique de l'hôte (DHCP) fournit automatiquement une adresse IP, un masque de réseau et une passerelle.
6. Pour configurer l'adresse IP du serveur DNS, utilisez l'une des options suivantes :

- **Manually enter DNS server IP address** (Saisir manuellement l'adresse IP du serveur DNS) : saisissez l'adresse IP du serveur DNS. S'il n'y a pas d'adresse IP de serveur DNS, laissez le champ vide. Pour saisir plusieurs adresses, séparez-les par une virgule pour créer une liste.
 - **Automatically assign DNS server IP address** (Attribuer automatiquement l'adresse IP du serveur DNS) : le DHCP fournit automatiquement une ou plusieurs adresses IP de serveur DNS.
7. **[Facultatif]** Saisissez un domaine de recherche DNS.
Pour saisir plusieurs domaines de recherche, séparez-les par une virgule pour créer une liste.
 8. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Configurer un serveur proxy

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Proxy Settings** (Paramètres du proxy).
3. Cochez la case **Enable proxy** (Activer le proxy).
4. Saisissez l'adresse et le port du serveur.
5. Si le serveur proxy nécessite une authentification, cochez la case **Requires user name and password** (Nom d'utilisateur et mot de passe obligatoires), puis saisissez le nom d'utilisateur et le mot de passe.
6. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Renouveler le certificat TLS

Sur NovaSeq X Series Control Software v1.4 et les versions ultérieures, vous pouvez renouveler votre certificat TLS en suivant les instructions suivantes. Pour renouveler votre certificat TLS sur les versions antérieures de logiciel de commande, contactez l'assistance technique d'Illumina.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **TLS certificates** (Certificats TLS).
Détails pour l'affichage du certificat TLS actuellement installé.
3. Pour générer un certificat, sélectionnez **Use self-signed certificate** (Utiliser un certificat auto-signé).
4. Pour télécharger un nouveau certificat TLS, sélectionnez **Use my own certificate** (Utiliser mon propre certificat). Cette option vous oblige à télécharger les fichiers suivants :
 - Certificat TLS
 - Clé TLS
 - Certificat CA
5. Sélectionnez **Renew TLS Certificate** (Renouveler le certificat TLS).
Le renouvellement du certificat TLS prend environ 15 minutes.
6. Sélectionnez **Continue** (Continuer) pour vous connecter à l'instrument.

Mettre à jour les paramètres de temps

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Time Settings** (Paramètres de temps).
S'il est configuré, l'adresse du serveur de protocole de temps réseau (NTP) en cours s'affiche.
3. Pour mettre à jour l'adresse du serveur, saisissez l'adresse d'un serveur de protocole de temps réseau ou d'un pool de serveurs.
Pour saisir plusieurs serveurs de protocole de temps réseau, séparez-les par une virgule pour créer une liste.
4. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Mettre à jour les paramètres du pare-feu

Activez les ports réseau 80 et 443 pour prendre en charge les fonctionnalités qui nécessitent un accès à distance, notamment la planification à distance des séries, la surveillance des séries, la gestion des utilisateurs ou la gestion des applications d'analyse secondaire.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Firewall settings** (Paramètres de pare-feu).
3. Sélectionnez la case à cocher **Enable network ports 80 and 443 for remote access** (Activer les ports réseau 80 et 443 pour l'accès à distance).
4. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut

Suivez les instructions de cette section pour spécifier un dossier de sortie par défaut ou configurer un stockage externe. Vous pouvez modifier le dossier de sortie pour chaque série pendant la configuration de la série. Le logiciel enregistre les fichiers CBCL et les autres données de la série dans le dossier de sortie.

Un dossier de sortie est nécessaire, sauf si le stockage en cloud est activé. Utilisez uniquement un lecteur ou réseau comme dossier de sortie par défaut. L'utilisation d'un dossier de sortie sur l'instrument a un impact négatif sur le temps de votre série de séquençage.

Ajouter un lecteur réseau au stockage externe

Suivez les instructions suivantes pour monter un lecteur réseau persistant et spécifier l'emplacement par défaut du dossier de sortie. Server Message Block (SMB) et Network File System (NFS) sont les seules méthodes prises en charge pour le montage persistant d'un lecteur réseau sur le NovaSeq X Series.

Pour utiliser votre lecteur réseau comme dossier de sortie, vous devez d'abord l'ajouter en tant qu'option de stockage externe disponible.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.

2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **External storage** (Stockage externe).
3. Sélectionnez **Add network storage** (Ajouter un stockage réseau).
4. Sélectionnez le type de lecteur réseau.
5. Saisissez les informations suivantes :
 - Emplacement du serveur
 - **[Facultatif]** Domaine
 - Nom d'utilisateur
 - Mots de passe
6. Si vous utilisez un lecteur SMB pour le stockage réseau, sélectionnez une option de chiffrement de fichier. Il est recommandé d'utiliser le chiffrement.
7. Sélectionnez **Test configuration** (Tester la configuration) pour tester la connexion de stockage réseau.
8. Une fois le test terminé, sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Après l'enregistrement, l'option de stockage réseau devient un emplacement de dossier de sortie disponible. Pour obtenir des instructions sur la sélection de l'option de dossier de sortie par défaut, reportez-vous à la section [Spécifier le stockage externe comme dossier de sortie à la page 54](#).

Pour supprimer le lecteur réseau ultérieurement, sélectionnez **Remove volume** (Supprimer le volume) dans la colonne Actions du serveur sur l'écran External Storage (Stockage externe).

Spécifier le stockage externe comme dossier de sortie

Pour utiliser une option de stockage externe comme dossier de sortie par défaut, sélectionnez le dossier de sortie de stockage externe comme suit.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **External storage** (Stockage externe).
3. Si un dossier de sortie a été ajouté, sélectionnez **Edit folders** (Modifier les dossiers), puis **Add folder** (Ajouter un dossier).
4. Si aucun dossier de sortie n'a été ajouté, sélectionnez **Add folder** (Ajouter un dossier).
5. Sélectionnez un emplacement de serveur dans la liste déroulante, puis sélectionnez l'un des dossiers disponibles.
6. Saisissez un surnom de dossier.
7. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).
8. Pour supprimer des dossiers de sortie, sélectionnez **Remove** (Supprimer) sur l'écran Edit folders (Modifier les dossiers).

Gérer les applications DRAGEN

Les administrateurs peuvent installer ou désinstaller des applications DRAGEN. Consultez la section [Planifier une série de séquençage à la page 64](#) pour plus d'informations sur la création d'une série planifiée.

Installer les applications

1. Téléchargez l'application (*.iapp) à partir de la [page d'assistance NovaSeq X Series](#). Enregistrez le programme d'installation sur un lecteur réseau.

 | Si le format de fichier de l'application est IPB2, reportez-vous aux instructions de [Mises à jour des logiciels à la page 96](#).

2. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
3. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Applications**.
4. Sélectionnez **Install applications** (Installer les applications).
5. Accédez au fichier d'application, puis sélectionnez **Open** (Ouvrir).
Après le téléchargement du fichier, les informations sur l'application s'affichent.
6. Sélectionnez **Install** (Installer).
Après l'installation de l'application, vous pouvez consulter la configuration de l'application.
Consultez la section [Modifier les paramètres de l'application à la page 55](#).

Modifier les paramètres de l'application

L'application DRAGEN fournit une trousse de préparation de bibliothèque par défaut, une trousse d'adaptateur d'index, des informations de lecture, des informations d'index et des autorisations. Certaines applications fournissent également des paramètres et une configuration pour l'analyse secondaire.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Applications**.
3. Sélectionnez l'application à afficher.
Après avoir installé une application, l'écran Configuration s'ouvre automatiquement.
4. Modifier l'une des informations suivantes :
 - Trousses de préparation de la bibliothèque
 - Trousses d'adaptateurs d'index
 - Lectures d'index
 - Type de lecture
 - Longueurs d'index

- Longueur de lecture

5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Désinstaller les applications

Les administrateurs peuvent désinstaller des applications.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Applications**.
3. Sélectionnez l'application à désinstaller.
4. Sélectionnez **Uninstall** (Désinstaller).
5. Confirmez la désinstallation de l'application.

Importer des fichiers de ressources

Vous pouvez importer des génomes de référence ou des fichiers de référence. Pour une liste des génomes de référence sur l'instrument, reportez-vous à la page [Produits compatibles avec NovaSeq X Series](#). Vous pouvez supprimer les génomes de référence ou les fichiers de référence existants pour libérer de l'espace sur le disque dur.

Importer des génomes de référence

Vous pouvez ajouter et supprimer des génomes de référence dans l'onglet Genomes (Génomes) de référence de l'écran Resource files (Fichiers de ressources). L'onglet Genomes (Génomes) affiche le nom du génome, s'il s'agit d'un génome standard ou personnalisé, l'espèce et la source du génome.

1. Assurez-vous qu'aucune série de séquençage ou analyse secondaire sur l'instrument n'est en cours.
2. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
3. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Resource files** (Fichiers de ressources).
4. Dans l'onglet Genomes (Génomes), sélectionnez **Import Genome** (Importer un génome).
5. Accédez au génome de référence (*.tar.gz), puis sélectionnez **Select** (Sélectionner).

Le système importe le génome sélectionné.

Importer des fichiers de référence

Vous pouvez ajouter et supprimer des fichiers de référence dans l'onglet Reference files (Fichiers de référence) de l'écran Resource files (Fichiers de ressources). L'onglet Reference files (Fichiers de référence) affiche le nom du fichier de référence, le type de fichier, la description du fichier et le nombre de génomes de référence associés.

Générer des fichiers de référence

Si vous effectuez un appel CNV, vous pouvez utiliser un panneau facultatif de fichiers normaux. Le fichier de panel de valeurs normales est un algorithme de normalisation basé sur la référence qui utilise des échantillons normaux appariés fournis en externe pour déterminer un niveau de référence à partir duquel appeler les événements CNV. Ces échantillons normaux appariés doivent être dérivés du même type d'échantillon, de la même préparation de bibliothèque et du même flux de travail de séquençage que celui utilisé pour l'échantillon de cas. L'algorithme soustrait les biais au niveau du système qui ne sont pas spécifiques à l'échantillon.

Vous pouvez utiliser un panneau de fichiers normaux pour les variants de lignée somatique et germinale.

Si vous utilisez l'analyse secondaire de DRAGEN Enrichment, vous pouvez utiliser un fichier de référence de bruit pour filtrer le séquençage ou le bruit systématique. Vous pouvez télécharger des fichiers de bruit personnalisés standard à partir du [site d'assistance Illumina](#) ou créer un fichier de base de bruit personnalisé.

Utilisez l'une des options suivantes pour générer un panneau de fichiers de référence de normalité ou de bruit. Il est recommandé d'utiliser environ 50 échantillons.

- Utilisez le serveur DRAGEN. Reportez-vous à la [page Web d'assistance pour Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT](#) pour obtenir des instructions.
- Utilisez l'application DRAGEN Baseline Builder sur Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT, qui accepte FASTQ, BAM ou CRAM. L'application Baseline Builder génère un fichier CNV Baseline (*.combined.counts.txt.gz file).

Importer des fichiers de référence

1. Assurez-vous qu'aucune série de séquençage ou analyse secondaire sur l'instrument n'est en cours.
2. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
3. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Resource files** (Fichiers de ressources).
4. Dans l'onglet Reference files (Fichiers de référence), sélectionnez **Import Reference File** (Importer un fichier de référence).
5. Accédez au génome de référence, puis sélectionnez **Open** (Ouvrir).
6. **[Facultatif]** Saisissez une description pour le fichier de référence.
7. Saisissez un numéro de version.
8. Sélectionnez un type de fichier dans la liste déroulante.
Si votre type de fichier ne figure pas dans la liste, sélectionnez **Other** (Autre) et saisissez le type de fichier dans le champ qui apparaît.
9. Sélectionnez les génomes de référence liés au fichier de référence.
10. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Importation des trousse de préparation de bibliothèque personnalisée et d'adaptateur d'index

Vous pouvez importer des trousse de préparation de bibliothèque personnalisée et d'adaptateur d'index pour une utilisation dans vos séries de séquençage. Vous devez être un administrateur pour importer des trousse personnalisées. La trousse d'adaptateur d'index personnalisé est référencée par la trousse de préparation de bibliothèque personnalisée et doit d'abord être importée.

Importer la trousse d'adaptateur d'index personnalisé

Vous pouvez importer des trousse d'adaptateurs d'index personnalisés à l'aide du modèle disponible.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Custom kits** (Trousse personnalisées).
3. Pour télécharger le fichier modèle TSV, sélectionnez **Download the template** (Télécharger le modèle).
4. Modifiez les sections suivantes :
Les champs doivent commencer par un caractère alphanumérique et ne peuvent contenir que des caractères alphanumériques, des points, des tirets et des traits de soulignement.
 - **IndexKit** : Présentation des informations pour la trousse d'adaptateur d'index, y compris le nom, la version, la description et la stratégie d'index.
 - **Resources** (Ressources) : vous permet de fournir des séquences d'adaptateur pour les lectures 1 et 2. En fonction des valeurs de cette section, le fichier importé définit le type de kit d'index comme l'une des options suivantes :
 - Standard layout (Disposition standard) (non fixe)
 - Fixed layout (Disposition fixe) (plaque unique)
 - Fixed plate layout (Disposition de plaque fixe) (multiplaque)
 - **Indices** : une liste d'index, y compris le nom, la séquence d'adaptateur et si l'index est pour l'index 1 ou l'index 2.
5. Retirez les instructions du modèle incluses dans les crochets (< >), puis enregistrez le fichier TSV.
6. Sélectionnez **Import index adapter kit** (Importer la trousse d'adaptateur d'index), accédez à la trousse d'adaptateur d'index personnalisé (*.tsv), puis sélectionnez **Open** (Ouvrir).
7. Après avoir importé avec succès la trousse d'adaptateur d'index personnalisé, sélectionnez le nom pour examiner et modifier les informations.

Ajouter une trousse de préparation de bibliothèque personnalisée

Suivez les instructions suivantes pour télécharger des trousse de préparation de bibliothèque personnalisées.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Custom kits** (Trousse personnalisées).
3. Sélectionnez **Add library prep trousse** (Ajouter une trousse de préparation de bibliothèque), puis saisissez les informations suivantes :
 - Nom de la trousse de préparation de la bibliothèque
 - **[Facultatif]** Description
 - **[Facultatif]** Organisation. L'entreprise ou l'institution qui possède la trousse de préparation de bibliothèque personnalisée. L'organisation ne peut pas être Illumina.
 - Types de lecture autorisés
 - Type de lecture par défaut
 - Cycle de lecture par défaut
4. Dans la liste déroulante, sélectionnez au moins une trousse d'adaptateur d'index compatible.
5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).
6. Après avoir ajouté avec succès la trousse de préparation de la bibliothèque, sélectionnez le nom pour examiner et modifier les informations.

Personnaliser les paramètres du système

Cette section comprend des informations sur la configuration des paramètres de personnalisation disponibles. Vous pouvez également modifier les paramètres de série par défaut sur une base par série pendant l'examen de la série.

Veuillez consulter la section [Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut à la page 53](#) pour définir un dossier de sortie par défaut.

Nommer l'instrument

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Instrument settings** (Paramètres de l'instrument).
3. Saisissez un nom préféré pour l'instrument.
Le nom peut inclure jusqu'à 20 caractères alphanumériques et apparaît en haut de chaque écran.
4. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Incompatibilité de l'ID du tube de bibliothèque

Pour configurer la façon dont le système gère une discordance entre l'ID de bande de tubes de bibliothèque dans la feuille d'échantillon et la bande de tubes de bibliothèque chargée, procédez comme suit.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.

2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Instrument settings** (Paramètres de l'instrument).
3. Sélectionnez l'une des options suivantes :
 - **Display warning and allow to continue with mismatch** (Afficher l'avertissement et autoriser à continuer avec une discordance) : permet à l'utilisateur de sélectionner une autre série, de recharger une autre bande de tubes de bibliothèque ou de continuer avec une discordance.
 - **Block from continuing with sequencing** (Empêcher la poursuite du séquençage) : l'utilisateur doit choisir entre sélectionner une autre série ou recharger la bande de tubes de la bibliothèque.
4. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Définir la sélection de série par défaut

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Instrument settings** (Paramètres de l'instrument).
3. Sélectionnez une sélection de séries par défaut parmi les options suivantes :
 - Sélectionnez la série planifiée
 - Saisissez manuellement les informations de série (BCL uniquement)
 - Importez la feuille d'échantillon pour l'analyse locale
4. **[Facultatif]** Définissez les longueurs de lecture par défaut pour les analyses manuelles comme suit.
 - a. Confirmez que le type d'analyse manuelle est la sélection d'analyse par défaut.
 - b. Cochez la case **Default read lengths** (Longueurs de lecture par défaut).
 - c. Saisissez les informations de lecture et d'index.
5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Détecter automatiquement les informations d'index

Cette fonctionnalité nécessite BCL Convert 1.4 ou une version ultérieure. Lorsqu'elle est activée, cette fonctionnalité permet au système de détecter automatiquement les informations d'index et de générer des rapports de démultiplexage et BCL Convert. Ce paramètre système s'applique à toutes les analyses, sauf si la détection automatique des index est autrement configurée dans une feuille d'échantillon importée. Pour plus d'informations, reportez-vous à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Instrument settings** (Paramètres de l'instrument).
3. Pour modifier le paramètre par défaut, désélectionnez la case à cocher **Automatically detect and update index information** (Détecter et mettre à jour automatiquement les informations d'index).
4. **[Facultatif]** Cochez la case **Save FASTQ files for sequencing only runs** (Enregistrer les fichiers FASTQ pour les analyses de séquençage uniquement).
5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Définir la gestion des données de série par défaut

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Cloud Settings** (Paramètres du cloud).
3. Pour modifier le paramètre par défaut des séries avec analyse secondaire locale, désélectionnez la case **Transfer BCL data folder to the external storage and/or cloud** (Transférer le dossier de données BCL vers le stockage externe et/ou le cloud).
Ce paramètre ne s'applique pas aux séries manuelles générant uniquement des fichiers BCL ou aux séries avec analyse cloud.
4. **[Facultatif]** Sélectionnez l'option pour supprimer les fichiers d'analyse secondaire de l'instrument après leur transfert vers le stockage externe ou le cloud.
Ce paramètre nécessite des autorisations d'administrateur.
5. Sélectionnez **Save** (Enregistrer).

Primers personnalisés

L'utilisation de primers personnalisés pour une série nécessite deux étapes supplémentaires pendant la configuration de la série :

- Préparez et ajoutez le volume approprié de chaque primer personnalisé aux positions de primer personnalisées de la cartouche de réactif.
- Pendant l'examen de la série, configurez la série pour une utilisation de primer personnalisé.
 - Pour NovaSeq X Series Control Software v1.2 et les versions antérieures, téléchargez le fichier XML de recette de primer personnalisé approprié à partir de la [page Web d'assistance pour NovaSeq X Series](#). Téléchargez la recette de primer personnalisé pendant l'examen de la série.
 - Pour NovaSeq X Series Control Software v1.3 et les versions ultérieures, cochez les cases de primer personnalisé applicables. Le téléchargement d'une recette personnalisée désactive les cases à cocher de primer personnalisé.

Toutes les autres étapes suivent le flux de travail standard. Reportez-vous à [Protocole à la page 64](#) pour les instructions du protocole de séquençage.

Lorsque des primers personnalisés sont utilisés pour la lecture 1 ou la lecture 2, le logiciel ordonne à l'instrument de tirer des puits CP1 et CP2. Par conséquent, les primers Illumina ne sont pas utilisés pour le séquençage. Les primers Illumina font référence aux primers déjà présents dans la cartouche de réactif.

Si les primers Illumina ne sont pas utilisés pour la lecture 1 ou la lecture 2, le contrôle Illumina PhiX facultatif n'est *pas* séquencé. Pour utiliser le contrôle PhiX avec des primers personnalisés, contactez l'assistance technique d'Illumina pour obtenir des conseils.

i | Comme PhiX n'est pas indexé, les données de séquençage du contrôle PhiX ne sont pas générées pour les lectures d'index, quel que soit le primer d'indexation utilisé.

Préparer et ajouter des primers personnalisés

Les primers personnalisés sont préparés à l'aide du tampon de primer personnalisé NovaSeq X Series puis ajoutés à la cartouche de réactif. S'assurer que la cartouche de réactif est décongelée et inspectée avant de continuer.

Préparer les primers personnalisés

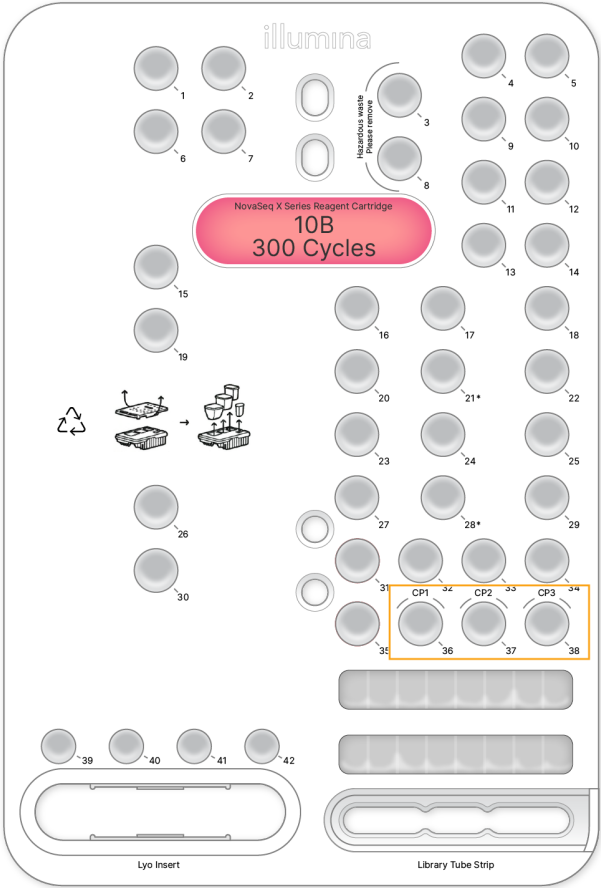
1. S'il est congelé, décongelez chaque primer personnalisé à utiliser.
2. Utilisez le tampon de précharge personnalisé NovaSeq X Series pour diluer les primers personnalisés afin de produire les volumes suivants à une concentration finale de 0,3 µM. Lors de la combinaison de primers pour réaliser la lecture d'index personnalisée ou tout mélange de primers de lecture personnalisée, la concentration totale de chaque primer doit être de 0,3 µM.

Primer personnalisé	Volume (ml) pour 1.5B Flow Cell	Volume (ml) pour Flow Cell 5B, 10B ou 25B
Primer Lecture personnalisée 1	3	5
Primer Lecture personnalisée 2	3	5
Mélange de primers Index personnalisés 1 et 2	5	6

Ajouter des primers personnalisés

1. Utilisez une lingette thermoscellée en polynite pour nettoyer l'opercule en aluminium couvrant chaque position de primer personnalisé.

Position	Primer personnalisé
CP1	Primer Lecture personnalisée 1
CP2	Primer Lecture personnalisée 2
CP3	Mélange de primers Index personnalisés 1 et 2



2. À l'aide d'un embout de pipette propre, percez le joint en aluminium recouvrant chaque position de primer personnalisé.
3. Ajouter les volumes suivants de primer personnalisé à la position appropriée sur la cartouche de réactif. Évitez de toucher le joint en aluminium lorsque vous distribuez le primer.

Position	Primer personnalisé	Volume (ml) pour 1.5B Flow Cell	Volume (ml) pour Flow Cell 5B, 10B ou 25B
CP1	Primer Lecture personnalisée 1	3	5
CP2	Primer Lecture personnalisée 2	3	5
CP3	Mélange de primers Index personnalisés 1 et 2	5	6

Protocole

Cette section fournit des instructions étape par étape sur la façon de préparer les consommables et de configurer une analyse de séquençage.

Lorsque vous manipulez des réactifs et autres produits chimiques, portez des lunettes de sécurité, une blouse de laboratoire et des gants sans talc.

Assurez-vous d'avoir les consommables et l'équipement nécessaires avant de commencer un protocole. Consultez la section [Consommables et équipement à la page 35](#).

Suivez les protocoles dans l'ordre indiqué, en utilisant les volumes, les températures et les durées spécifiés.

Planifier une série de séquençage

Vous pouvez utiliser l'une des options suivantes pour planifier une série de séquençage pour le NovaSeq X Series. Après avoir configuré une série, la série planifiée s'affiche dans l'onglet Planned (Planifié) sur l'écran Runs (Séries) et peut être sélectionnée lors du lancement d'une série de séquençage.

- Pour planifier votre série dans le cloud, utilisez BaseSpace Sequence Hub.
 - Avant de planifier une analyse, assurez-vous d'avoir configuré vos paramètres cloud. Consultez la section [Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina à la page 50](#), pour plus d'informations.
 - Après l'enregistrement, la série est disponible sur l'instrument pour le séquençage. Si l'instrument n'est pas connecté au cloud, vous pouvez exporter un fichier de feuille d'échantillon v2 et importer la série de séquençage dans votre système de séquençage.
 - Pour plus d'informations sur BaseSpace Sequence Hub, consultez la [page Web d'assistance pour BaseSpace Sequence Hub](#).
- Pour planifier votre série localement, vous pouvez utiliser le NovaSeq X Series Control Software disponible sur l'instrument ou via un ordinateur en réseau.
 - Après le séquençage, l'analyse sur l'instrument démarre automatiquement. Les données CBCL et les fichiers de sortie de l'analyse secondaire DRAGEN sont stockés dans le dossier de sortie sélectionné.
 - Si vous utilisez un ordinateur en réseau, l'ordinateur doit être connecté au même réseau local que le système de séquençage et avoir un certificat racine installé.
 - Pour configurer une série et effectuer le séquençage sans connexion réseau, consultez la section [Démarrer une série manuelle à la page 74](#) ou [Importer la feuille d'échantillon à la page 73](#).

Créer une série planifiée

Pour planifier une nouvelle série de séquençage, utilisez l'interface de planification des séries sur l'instrument ou dans le cloud. Vous pouvez également importer un fichier de feuille d'échantillon v2 pour créer une série planifiée.

Si nécessaire, utilisez l'une des options suivantes pour générer une feuille d'échantillon :

- Naviguez jusqu'au logiciel de commande à distance. Sélectionnez le nom de la série, puis sélectionnez **Export sample sheet** (Exporter la feuille d'échantillon). Sélectionnez **Export** (Exporter) pour enregistrer la feuille d'échantillon.
- Planifiez un séquençage dans BaseSpace Sequence Hub Run Planning (Planification de la série dans le nuage) et utilisez le stockage local. Exportez la feuille d'échantillon après avoir terminé la planification de la série.
- Utilisez une feuille d'échantillon située dans le dossier de sortie d'une série de séquençage terminée.

Créer une série

Pour planifier une série sur l'instrument, accédez à l'onglet Planned (Planifié) sur l'écran Runs (Séries). Dans BaseSpace Sequence Hub, utilisez l'option de planification d'une série. Fournissez les informations nécessaires comme indiqué dans l'interface.

Paramètres de la série	Détails
Nom de la série	Nom unique pour identifier la série.
Description de la série	Description de la série.
Plateforme d'instrument	Le système de séquençage (NovaSeq X Series).
Analyse secondaire	Indique l'emplacement de l'analyse secondaire, le cas échéant. Analysez les données de séquençage dans le cloud avec BaseSpace Sequence Hub ou sur l'instrument. Sinon, configurez une série sans analyse secondaire.
Nombre de cycles dans chaque lecture	Saisissez les valeurs pour Lecture 1, Index 1, Index 2 et Lecture 2. Pour plus d'informations, consultez la section Nombre de cycles à la page 66 . Pour une série PhiX uniquement, saisissez 0 dans les deux champs d'index.
Identifiant de tube de bibliothèque	L'identifiant se trouvant sur l'étiquette de votre bande de tubes de bibliothèque. Ce paramètre peut également être appelé Identifiant de conteneur d'échantillon.

Pour des informations sur la configuration de l'analyse secondaire, consultez la section [Configurer l'analyse secondaire à la page 67](#).

Importer une feuille d'échantillon

1. Accédez à l'onglet **Planned** (Planifié) sur l'écran **Runs** (Séries).
2. Sélectionnez **Import sample sheet** (Importer la feuille d'échantillon), puis ouvrez votre fichier de feuille d'échantillon v2.
Pour en savoir plus sur le formatage et les exigences de la feuille d'échantillon, reportez-vous à la [page d'assistance Ressources de feuille d'échantillon v2](#).
3. Une fois la feuille d'échantillon validée, sélectionnez **Next** (Suivant) pour examiner les détails de la série importée.
Pendant la révision, les détails de la série importée sont modifiables.
4. **[Facultatif]** Effectuez l'une des actions suivantes :
 - Pour modifier les paramètres de série ou les paramètres de configuration, sélectionnez **Edit** (Modifier) à côté de la série ou de la configuration.
 - Pour supprimer une configuration, sélectionnez **Delete** (Supprimer) à côté de configuration, puis sélectionnez **Yes, delete** (Oui, supprimer).
 - Pour ajouter une autre configuration d'analyse à la série, sélectionnez **Add another configuration** (Ajouter une autre configuration).
5. Pour enregistrer la série, sélectionnez l'une des options suivantes.
 - Pour modifier les détails de la série ultérieurement, sélectionnez **Save as draft** (Enregistrer comme brouillon).
 - Sélectionnez **Save as planned** (Enregistrer comme planifié) pour finaliser les détails de la série et programmer le séquençage.

Nombre de cycles

Le nombre total de cycles de lecture et de cycles d'indexation ne peut pas dépasser le nombre de cycles spécifié par la trousse de réactifs. La limite de cycles d'indexation s'applique aux cycles utilisés en tant qu'indice, et non aux cycles d'identifiant moléculaire unique (UMI) ou aux lectures coupées.

Si vous planifiez une série dans le cloud qui utilise plusieurs configurations d'analyse, fournissez la longueur de lecture la plus longue requise par la configuration. Lors du paramétrage d'une configuration, le remplacement ajuste automatiquement la longueur en fonction des longueurs recommandées pour le kit de préparation de bibliothèque sélectionné.

Cette valeur de Lecture 2 est généralement la même que celle de la Lecture 1.

Limites de cycle

- Lecture 1 : Jusqu'à 301 cycles.
- Index 1 : Jusqu'à 12 cycles pour une série planifiée dans BaseSpace Sequence Hub. Jusqu'à 10 cycles pour les séries planifiées sur l'instrument.
- Index 2 : Jusqu'à 12 cycles pour une série planifiée dans BaseSpace Sequence Hub. Jusqu'à 10 cycles pour les séries planifiées sur l'instrument.

- Lecture 2 : Jusqu'à 301 cycles.

Configurer l'analyse secondaire

Les Systèmes de séquençage NovaSeq X et NovaSeq X Plus vous permettent d'effectuer plusieurs analyses DRAGEN au cours d'une seule série de séquençage. Avant de configurer l'analyse secondaire, assurez-vous d'avoir installé l'application DRAGEN appropriée sur l'instrument. Pour de plus amples informations sur l'installation des applications DRAGEN, consultez la section [Installer les applications à la page 55](#).

Vous pouvez créer jusqu'à 12 combinaisons d'application d'analyse et de génome de référence avec une application BCL Convert-only supplémentaire. Pour chaque combinaison, vous pouvez utiliser jusqu'à 32 configurations en utilisant une trousse de préparation de bibliothèque, une trousse d'adaptateur d'index ou des paramètres de configuration différents pour une application d'analyse et une combinaison de génome de référence déjà utilisées.

Les combinaisons suivantes sont incluses dans la limite des 12 configurations :

- La même application d'analyse et la même version d'application avec un génome de référence différent
- Le même génome de référence avec une application ou une version d'application différente
- Une application ou une version d'application différente avec un génome de référence différent

Configurer l'analyse secondaire comme suit.

1. Sélectionnez une application et fournissez les paramètres de configuration suivants pour votre série :

- **[Facultatif]** Description de la configuration
- Library prep kit (Trousse de préparation de la bibliothèque)
- Index adapter kit (Trousse d'adaptateurs d'index)
- Génome de référence (non applicable pour BCL Convert DRAGEN)

Lorsqu'une trousse de préparation des bibliothèques Illumina est sélectionnée, les séquences d'adaptateur pour les lectures 1 et 2 se remplissent automatiquement et ne peuvent pas être modifiées. Les Override Cycles (Cycles d'annulation) se remplissent également automatiquement.

2. Fournissez des paramètres d'analyse supplémentaires si nécessaire. Les paramètres disponibles ou requis varient en fonction de l'application, de sa version et des paramètres de configuration sélectionnés. Pour plus d'informations sur l'analyse DRAGEN secondaire, reportez-vous à la [page d'assistance Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT](#) et à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).
3. Pour saisir des informations concernant des échantillons, utilisez l'une des options suivantes :
 - Pour importer des informations concernant des échantillons, téléchargez le modèle CSV, ajoutez les données de vos échantillons et importez le fichier CSV modifié.

- Collez les ID d'échantillon et les positions de puits de plaque d'index ou les index i7 et i5 directement à partir d'un fichier externe. Avant de coller, ajoutez des lignes supplémentaires pour les échantillons si nécessaire. Les ID d'échantillon peuvent contenir jusqu'à 20 caractères alphanumériques, traits d'union et traits de soulignement.

i | Les plaques d'indexation à disposition fixe nécessitent des entrées pour la position du puits. Les index qui n'ont pas de disposition fixe nécessitent des entrées pour les index i7 et i5. Les index i5 doivent être entrés dans l'orientation avant.

- Saisissez manuellement les ID des échantillons et les positions des puits ou les index. Si Not Specified (Non spécifié) est sélectionné pour la trousse de préparation de la bibliothèque, saisissez les séquences Index 2 (i5) dans l'orientation avant.

4. Terminez la configuration de la série.

- Pour modifier les détails de la série ultérieurement, sélectionnez **Save as draft** (Enregistrer comme brouillon).
- Sélectionnez **Save as planned** (Enregistrer comme planifié) pour finaliser les détails de la série et la rendre disponible pour le séquençage.

Consommables de décongélation

Suivez les instructions suivantes pour décongeler les consommables avant le séquençage.

Décongeler la cartouche de réactifs dans un bain-marie contrôlé

Suivez les instructions suivantes pour décongeler la cartouche de réactifs dans un bain-marie à température ambiante (15 °C à 30 °C).

! | Insérer la bande de tubes de bibliothèque ou l'insert lyo dans la cartouche de réactifs pendant la décongélation peut entraîner une baisse de la qualité des données ou un échec de la série.

- Mettez une nouvelle paire de gants sans talc et retirez la cartouche du stockage à -25 °C ou -15 °C.
- Retirez la cartouche de la boîte, puis du sac.
- Immergez la cartouche de réactif dans un bain-marie d'eau destinée à un usage en laboratoire à température ambiante jusqu'à ce que l'eau atteigne le fond du couvercle de la cartouche.



 Utiliser de l'eau chaude pour décongeler les réactifs peut réduire la qualité des données ou causer un échec de la série.

4. Décongelez pendant 4 heures. Ne pas dépasser 24 heures.
5. **[25B, 10B, 5B]** Afin de confirmer que les réactifs sont décongelés, vérifiez la position n° 30 du puits sur la face inférieure de la cartouche et assurez-vous que le contenu est exempt de glace.
Pour le NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit, Illumina recommande de respecter strictement les conditions et les horaires de décongélation fournis. Des contrôles visuels visant à confirmer que les réactifs sont décongelés peuvent ne pas être adaptés à cette trousse.
6. Séchez bien la cartouche avec des essuie-tout. Épongez entre les puits sous la cartouche pour que toute l'eau soit enlevée.
7. Retournez ou tapotez doucement le fond de la cartouche sur le banc pour éliminer l'excès d'eau.
8. Vérifiez la présence d'eau sur les opercules en aluminium.
9. S'il reste de l'eau, épongez-la avec un tissu non pelucheux.
10. Retournez la cartouche 10 fois pour mélanger les réactifs.
11. Tapotez doucement le fond de la cartouche sur la paillasse pour réduire les bulles d'air.
12. Si la cartouche de réactifs ne peut pas être chargée dans l'instrument dans les 24 heures, conservez-la entre 2 °C et 8 °C pendant 72 heures maximum ou restockez-la entre -25 °C et -15 °C pendant 7 jours maximum. Après décongélation, ne pas recongeler plus d'une fois.

Décongeler de la cartouche de réactifs au réfrigérateur

Suivez les instructions suivantes pour décongeler la cartouche de réactifs dans un réfrigérateur à une température comprise entre 2 °C et 8 °C.

 Insérer la bande de tubes de bibliothèque ou l'insert lyo dans la cartouche de réactifs pendant la décongélation peut entraîner une baisse de la qualité des données ou un échec de la série.

1. Mettez une nouvelle paire de gants sans talc et retirez la cartouche du stockage à -25 °C ou -15 °C.
2. Retirez la cartouche de la boîte, puis du sac.
3. Décongelez-la dans un réfrigérateur entre 2 °C et 8 °C pendant 48 heures.
4. Retournez la cartouche 10 fois pour mélanger les réactifs.
5. Tapotez doucement le fond de la cartouche sur la paillasse pour réduire les bulles d'air.
6. Si la cartouche de réactifs ne peut pas être chargée dans l'instrument dans les 24 heures, conservez-la entre 2 °C et 8 °C pendant 72 heures maximum ou restockez-la entre -25 °C et -15 °C pendant 7 jours maximum. Après décongélation, ne pas recongeler plus d'une fois.

Décongélation de l'insert Lyo

1. Retirez l'insert lyo du stockage de -25 °C à -15 °C.
2. Décongelez-le à température ambiante pendant 10 minutes.

3. Si l'insert lyo ne peut pas être chargé dans les 24 heures, remettez-le dans un lieu de stockage entre -25 °C et -15 °C. Après décongélation, ne pas recongeler plus d'une fois.

Décongélation des tampons de précharge et de primer personnalisé

1. Retirez les tampons de préchargement et de primer personnalisé du stockage de -25 °C à -15 °C.
2. Décongelez-les à température ambiante pendant 10 minutes, puis inversez-les cinq fois.
3. Si les tampons de préchargement et de primer personnalisé ne peuvent pas être chargés dans les 8 heures, remettez-les dans un endroit où ils sont conservés à une température maintenue entre -25 °C et -15 °C. Après décongélation, ne pas recongeler plus d'une fois.

Décongélation de la Flow Cell

1. Sortez un nouvel emballage de Flow Cell du lieu de stockage à une température maintenue entre 2 et 8 °C.
2. Mettez l'emballage scellé de la Flow Cell de côté pendant 10 à 15 minutes pour permettre à la Flow Cell d'atteindre la température ambiante.
3. Laissez la Flow Cell dans l'emballage jusqu'à utilisation. Utilisez la Flow Cell dans les 2 heures après avoir l'avoir retirée du stockage. Si la Flow Cell ne peut pas être utilisée dans les 2 heures, la conserver entre 2 °C et 8 °C et l'utiliser dans les 24 heures.

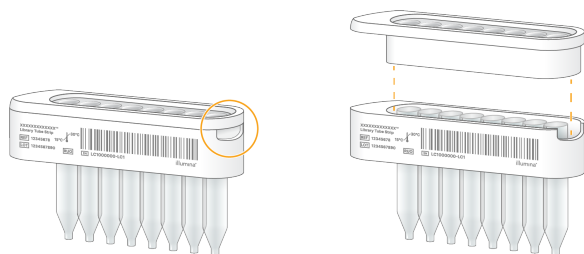
Diluer et dénaturer les bibliothèques

Pour plus d'informations sur la dénaturation et la dilution, reportez-vous à la section [Générateur du protocole de dénaturation et de dilution](#).

Chargez l'insert Lyo et la bande de tubes de bibliothèque

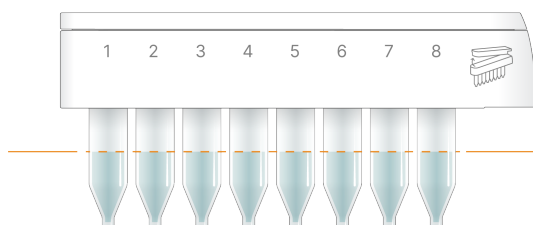
Avant le séquençage, chargez l'insert lyo et la bande de tubes de bibliothèque dans la cartouche de réactifs comme suit.

1. Enregistrez l'ID du tube de bibliothèque sur la bande de tubes de bibliothèque. L'ID du tube de bibliothèque est utilisé lors de la planification d'une série de séquençage.
2. Enlevez le bouchon de la bande de tube de bibliothèque. Ne percez pas les feuilles de la bande de tubes de bibliothèque.



3. Distribuez la quantité appropriée de bibliothèque dénaturée ou bibliothèque dénaturée avec PhiX dans chaque tube d'échantillon.
 - [25B] 275 µl
 - [10B, 5B, 1.5B] 165 µl
4. Ajoutez la quantité appropriée de tampon de préchargement à tous les tubes d'échantillon non utilisés.
 - [25B] 275 µl
 - [10B, 5B, 1.5B] 165 µl
5. Après avoir distribué les bibliothèques, remettez le bouchon de la bande de tubes de bibliothèque. Assurez-vous qu'aucun espace d'air n'est présent au fond des tubes.
6. Centrifugez à $280 \times g$ pendant 1 minute à l'aide de l'adaptateur pour bande de tubes de la bibliothèque. Assurez-vous d'équilibrer l'adaptateur de bande de tubes de bibliothèque chargé avec un autre adaptateur chargé avec une bande de tubes de bibliothèque remplie à 275 ou 165 µl par tube.

! La centrifugation à une vitesse supérieure à celle recommandée par Illumina peut entraîner le détachement de la RFID de la bande de tubes de la bibliothèque.
7. Répétez la centrifugation si les bibliothèques ne sont pas recueillies au fond du tube.
8. Vérifiez que le volume est homogène dans tous les tubes.



9. Insérez la bande de tube de bibliothèque dans la cartouche de réactif et appuyez. Un clic audible indique que la bande de tubes de bibliothèque est en place.
10. Insérez l'insert Iyo dans la cartouche de réactifs et appuyez. Un clic audible indique que l'insert Iyo est en place.

Lancer une série de séquençage

Vous pouvez lancer une série de séquençage en sélectionnant une série planifiée ou en créant une série manuelle. Pour lancer une série du côté inactif de l'instrument pendant qu'une série est en cours de l'autre côté, reportez-vous à la section [Démarriage échelonné de séries à la page 82](#).

Si vous analysez des données dans le cloud, l'analyse secondaire commence automatiquement dans BaseSpace Sequence Hub ou ICA. Si vous analysez les données localement, l'analyse sur l'instrument commence automatiquement et les fichiers de sortie sont stockés dans le dossier de sortie sélectionné.

Avant de commencer une série, assurez-vous d'avoir l'espace disque nécessaire disponible. Les exigences de stockage sont affectées par le nombre de cycles de séquençage, la taille des échantillons, la configuration de l'analyse secondaire et le type de compression. NovaSeq X Series peut stocker au moins 2 Flow Cells représentant 25B de données pour toute configuration d'analyse secondaire. Pour les configurations d'analyse secondaire qui génèrent de plus petites quantités de données (par exemple, DRAGEN BCL Convert ou DRAGEN Enrichment), le système de séquençage peut stocker 4 Flow Cells d'une valeur de 25B de données.

Si le stockage n'est pas suffisant pour démarrer une série, un message d'erreur vous invite à libérer de l'espace. Pour plus d'informations, consultez la section [Libérer de l'espace sur le disque dur à la page 95](#).

Par exemple, la sortie de données pour chaque type de Flow Cell, reportez-vous à la section [Sortie et stockage des données à la page 92](#).

Démarrer une série planifiée

Si vous utilisez BaseSpace Sequence Hub ou ICA, assurez-vous que vous avez configuré vos paramètres de cloud. Consultez la section [Configurer les Paramètres du cloud et Assistance proactive Illumina à la page 50](#), pour plus d'informations.

1. Si vous n'êtes pas connecté, suivez les instructions dans [Se connecter et se déconnecter à la page 83](#).
2. Naviguez jusqu'à l'écran Démarrer, puis sélectionnez **Start** (Démarrer).
3. Sélectionnez **Sequencing** (Séquençage).
4. Sur le NovaSeq X Plus, sélectionnez un côté de l'instrument pour une série unilatérale ou sélectionnez les deux côtés pour une série bilatérale.

i | Si une série unilatérale est en cours, le côté inactif de l'instrument affiche la prochaine heure disponible pour un démarrage échelonné. Pour plus d'informations, consulter [Démarrage échelonné de séries à la page 82](#).

5. Sélectionnez une série pour chaque côté dans la liste des séries planifiées.
Pour une série double sur le NovaSeq X Plus, sélectionnez une série pour chaque côté.
6. Sélectionnez **Review** (Examiner), puis examinez les informations relatives à la série.
7. Si vous utilisez des primers personnalisés, cochez les cases **Custom primer** (Primer personnalisé). Consultez la section [Primers personnalisés à la page 61](#) pour de plus amples informations sur les primers personnalisés.
8. Si l'instrument est connecté au cloud, vérifiez le paramètre de série du cloud.
9. Vérifiez le dossier de sortie.
Pour les séries avec stockage dans le cloud activé, les options suivantes sont disponibles :
 - Pour transférer les données sur les séries vers un dossier de stockage local en plus du cloud, fournissez un dossier de sortie.

- Pour transférer uniquement les données sur les séries vers le cloud, sélectionnez **Don't transfer run data to external output folder** (Ne pas transférer les données sur les séries vers un dossier de sortie externe).

Pour modifier le dossier de sortie par défaut, reportez-vous à la section [Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut à la page 53](#).

10. Si vous effectuez une analyse secondaire locale, vérifiez le paramètre de transfert du dossier de données BCL.
Pour mettre à jour la sélection de gestion des données sur les séries par défaut, consultez la section [Personnaliser les paramètres du système à la page 59](#).
11. **[Facultatif]** Sélectionnez un fichier de recette personnalisé.
12. Après avoir terminé de vérifier les informations de la série, sélectionner **Load consumables** (Charger les consommables).

Importer la feuille d'échantillon

1. Si vous n'êtes pas connecté, suivez les instructions dans [Se connecter et se déconnecter à la page 83](#).
2. Naviguez jusqu'à l'écran Démarrer, puis sélectionnez **Start** (Démarrer).
3. Sélectionnez **Sequencing** (Séquençage).
4. Sur le NovaSeq X Plus, sélectionnez un côté de l'instrument pour une série unilatérale ou sélectionnez les deux côtés pour une série bilatérale.

i | Si une série unilatérale est en cours, le côté inactif de l'instrument affiche la prochaine heure disponible pour un démarrage échelonné. Pour plus d'informations, consulter [Démarrage échelonné de séries à la page 82](#).
5. En haut de la liste des séries, sélectionnez **Import sample sheet** (Importer la feuille d'échantillon).
Pour modifier le paramètre de série par défaut, reportez-vous à la section [Personnaliser les paramètres du système à la page 59](#).
6. Sélectionnez **Select file** (Sélectionner le fichier), puis ouvrez votre fichier de feuille d'échantillons v2.

i | La feuille d'échantillon sélectionnée doit être au format v2. Pour en savoir plus sur le formatage et les exigences de la feuille d'échantillon v2, reportez-vous à la [page d'assistance Ressources de feuille d'échantillon v2](#).
7. Sélectionnez **Review** (Examiner), puis examinez les informations relatives à la série.
8. Si vous utilisez des primers personnalisés, cochez les cases **Custom primer** (Primer personnalisé).
Consultez la section [Primers personnalisés à la page 61](#) pour de plus amples informations sur les primers personnalisés.
9. Si l'instrument est connecté au cloud, vérifiez le paramètre de série du cloud.
10. Vérifiez le dossier de sortie.

Pour les séries avec stockage dans le cloud activé, les options suivantes sont disponibles :

- Pour transférer les données sur les séries vers un dossier de stockage local en plus du cloud, fournissez un dossier de sortie.
- Pour transférer uniquement les données sur les séries vers le cloud, sélectionnez **Don't transfer run data to external output folder** (Ne pas transférer les données sur les séries vers un dossier de sortie externe).

Pour modifier le dossier de sortie par défaut, reportez-vous à la section [Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut à la page 53](#).

11. Si vous effectuez une analyse secondaire locale, vérifiez le paramètre de transfert du dossier de données BCL.

Pour mettre à jour la sélection de gestion des données sur les séries par défaut, consultez la section [Personnaliser les paramètres du système à la page 59](#).

12. **[Facultatif]** Sélectionnez un fichier de recette personnalisé.

Si vous utilisez la trousse Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus ou la trousse Illumina Stranded mRNA Prep, la sélection de la formule personnalisée est requise. Consultez la section [Séquençage du cycle obscur à la page 115](#), pour plus d'informations.

13. Lorsque vous avez terminé, sélectionnez **Load consumables** (Charger les consommables).

Démarrer une série manuelle

1. Si vous n'êtes pas connecté, suivez les instructions dans [Se connecter et se déconnecter à la page 83](#).
2. Naviguez jusqu'à l'écran Démarrer, puis sélectionnez **Start** (Démarrer).
3. Sélectionnez **Sequencing** (Séquençage).
4. Sur le NovaSeq X Plus, sélectionnez un côté de l'instrument pour une série unilatérale ou sélectionnez les deux côtés pour une série bilatérale.



Si une série unilatérale est en cours, le côté inactif de l'instrument affiche la prochaine heure disponible pour un démarrage échelonné. Pour plus d'informations, consulter [Démarrage échelonné de séries à la page 82](#).

5. En haut de la liste des séries, sélectionnez **Manual** (Manuel).
Pour modifier le paramètre de série par défaut, reportez-vous à la section [Personnaliser les paramètres du système à la page 59](#).
6. Saisissez un nom de série.
Le nom de la série peut contenir un maximum de 225 caractères alphanumériques, espaces, tirets et traits de soulignement.
7. Sélectionnez une lecture simple ou appariée pour le type de lecture.
8. Saisissez le nombre de cycles effectués dans chaque lecture et la longueur de chaque lecture d'index.

Le nombre total de cycles de lecture et de cycles d'indexation ne peut pas dépasser le nombre de cycles spécifié par la trousse de réactifs.

- **Read 1** (Lecture 1) : saisissez le nombre de cycles pour la Lecture 1.
- **Index 1** : saisissez la longueur de l'index lu pour l'index 1. Pour une série non-indexée PhiX uniquement, saisissez 0 dans les deux champs d'index.
- **Index 2** : saisissez la longueur de l'index lu pour l'index 2.
- **Read 2** (Lecture 2) : saisissez le nombre de cycles pour la Lecture 2. Cette valeur est généralement la même que celle de la Lecture 1.

9. **[Facultatif]** Sélectionnez votre feuille d'échantillon.



La feuille d'échantillon sélectionnée doit être au format v2. Pour en savoir plus sur le formatage et les exigences de la feuille d'échantillon v2, reportez-vous à la [page d'assistance Ressources de feuille d'échantillon v2](#).

10. Sélectionnez **Review** (Examiner), puis examinez les informations relatives à la série.

11. Si vous utilisez des primers personnalisés, cochez les cases **Custom primer** (Primer personnalisé). Consultez la section [Primers personnalisés à la page 61](#) pour de plus amples informations sur les primers personnalisés.

12. Si l'instrument est connecté au cloud, vérifiez le paramètre de série du cloud.

13. Vérifiez le dossier de sortie.

Pour les séries avec stockage dans le cloud activé, les options suivantes sont disponibles :

- Pour transférer les données sur les séries vers un dossier de stockage local en plus du cloud, fournissez un dossier de sortie.
- Pour transférer uniquement les données sur les séries vers le cloud, sélectionnez **Don't transfer run data to external output folder** (Ne pas transférer les données sur les séries vers un dossier de sortie externe).

Pour modifier le dossier de sortie par défaut, reportez-vous à la section [Spécifier l'emplacement du dossier de sortie par défaut à la page 53](#).

14. Si vous effectuez une analyse secondaire locale, vérifiez le paramètre de transfert du dossier de données BCL.

Pour mettre à jour la sélection de gestion des données sur les séries par défaut, consultez la section [Personnaliser les paramètres du système à la page 59](#).

15. **[Facultatif]** Sélectionnez un fichier de recette personnalisé.

Si vous utilisez la trousse Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero Plus ou la trousse Illumina Stranded mRNA Prep, la sélection de la formule personnalisée est requise. Consultez la section [Séquençage du cycle obscur à la page 115](#), pour plus d'informations.

16. Lorsque vous avez terminé, sélectionnez **Load consumables** (Charger les consommables).

Charger les consommables

Sur le NovaSeq X, seul le côté A est disponible pour charger les consommables. Sur le NovaSeq X Plus, les deux côtés sont disponibles. Pour les séries unilatérales sur le NovaSeq X Plus le côté instrument qui n'a pas été sélectionné affiche l'état d'inactivité et n'est pas modifiable.

Chargez la Flow Cell

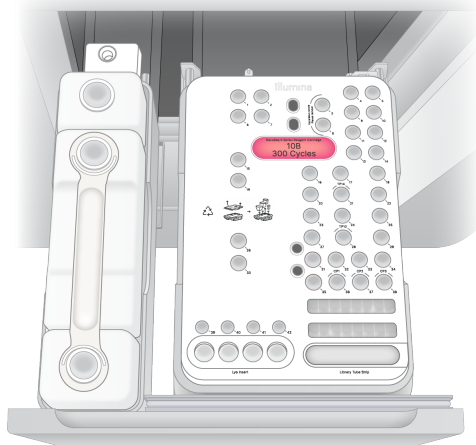
1. Assurez-vous que la Flow Cell a atteint la température ambiante avant le chargement.
2. Sur l'écran de chargement des consommables, sélectionnez **Load Flow Cells** (Charger les Flow Cells).
L'écran d'affichage se lève et la porte de la Flow Cell s'ouvre. Le voyant de la Flow Cell indique que le séquençage est en cours du côté de l'instrument.
Attendez que la platine de la Flow Cell se soit complètement étendue avant de continuer.
3. Retirez et éliminez la Flow Cell usagée conformément aux normes applicables dans votre région.
La Flow Cell n'est pas recyclable.
4. Nettoyez le plateau de la Flow Cell comme suit.
 - a. Mouillez une lingette thermoscellée en polynite avec de l'alcool isopropylique (70 %).
 - b. Nettoyez délicatement la surface de la platine de Flow Cell. Essuyez uniquement dans le sens de la longueur.
À moins que vous ne trouviez des contaminants sur les collecteurs, évitez de les toucher.
 - c. Répétez les étapes **a** et **b** jusqu'à ce que les surfaces soient exemptes de tous les contaminants.
 - d. Séchez avec une nouvelle lingette thermoscellée en polynite ou un côté non utilisé de la lingette usagée pour éviter toute contamination.
5. Enfilez une nouvelle paire de gants sans talc pour éviter de contaminer la surface en verre de la Flow Cell.
6. Placez l'emballage en aluminium sur une surface plate, puis ouvrez-le en partant de l'extrémité angulaire.
7. Sortez la Flow Cell de son emballage. Saisissez la Flow Cell par les côtés en évitant de toucher le verre et les joints du dessous.
8. Nettoyez la Flow Cell comme suit.
 - a. Mouillez une lingette thermoscellée en polynite avec de l'alcool isopropylique (70 %).
 - b. Nettoyez délicatement la surface de la Flow Cell. Essuyez uniquement dans le sens de la longueur.
 - c. Répétez les étapes **a** et **b** jusqu'à ce que les surfaces soient exemptes de tous les contaminants.
 - d. Séchez avec une nouvelle lingette thermoscellée en polynite ou un côté non utilisé de la lingette usagée pour éviter toute contamination.

- ! | Un nettoyage inadéquat de la Flow Cell et de sa platine peut entraîner la présence de zones contenant moins de clusters passant à travers le filtre ou présentant des scores de qualité inférieurs.

9. Jetez l'emballage de manière appropriée.
10. Placez la Flow Cell dans la platine de la Flow Cell de sorte que la surface supérieure soit orientée vers le haut.
11. Une fois les Flow Cells chargées, sélectionnez **Close flow cell door** (Fermer la porte de la Flow Cell). Le NovaSeq X Series affiche les informations de la Flow Cell analysée après une 1 minute.
12. Une fois la Flow Cell confirmée, chargez les cartouches de réactif et de tampon. Consultez la section [Chargement des cartouches de réactifs et de tampon à la page 77](#).

Chargement des cartouches de réactifs et de tampon

1. Assurez-vous que la cartouche de réactif a été préalablement décongelée et que l'insert Iyo et la bande de tube de bibliothèque sont insérés dans la cartouche avant le chargement.
2. Sur l'écran de chargement des consommables, sélectionnez **Load reagents and buffers** (Charger les réactifs et les tampons).
Les portes de l'instrument se déverrouillent automatiquement et le système affiche des informations sur le chargement des cartouches de réactifs et de tampon.
3. Retirez les cartouches de réactifs et de tampon usagées. Consultez la section [Recyclage des consommables usagés à la page 83](#) pour obtenir des instructions sur le recyclage des cartouches de réactifs et de tampon.
4. Inspectez les feuilles de la cartouche de tampon pour détecter toute fuite.
5. Chargez les cartouches comme suit :
 - Placez la cartouche de tampon dans la position de gauche.
 - Placez la cartouche de réactifs en position droite de sorte que l'étiquette Illumina soit face à vous.



6. Vider les flacons de réactifs usagés. Consultez la section [Vider les flacons de réactifs usagés à la page 78](#), pour plus d'informations.
7. Sélectionnez **Confirm** (Confirmer) une fois que vous avez fini de vider les flacons de réactifs usagés.
8. Fermez les réactifs et les tiroirs de réactifs usagés, puis les portes de l'instrument.
Le NovaSeq X Series affiche les informations des consommables analysés après 1 minute.
9. Une fois les consommables chargés, sélectionnez **Verify** (Vérifier).
10. Vérifiez les détails de la série, puis sélectionnez **Start Run** (Démarrer la série).
Après le démarrage d'une série, les portes de l'instrument se verrouillent automatiquement.

Vider les flacons de réactifs usagés

Suivez les instructions ci-dessous pour vider les flacons de réactifs usagés avant chaque série de séquençage et lavage de maintenance. Le conteneur à déchets externe en option recueille les réactifs tampons utilisés, qui seraient autrement acheminés vers le grand flacon de réactif utilisé. Si le conteneur à déchets externe est installé, vous devez tout de même vider le contenu du petit flacon de réactif.

Pour plus d'informations sur le recyclage de la cartouche de réactifs et des flacons de tampon usagés, reportez-vous à la section [Recyclage des consommables usagés à la page 83](#).

 **Cet ensemble de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des dommages corporels peuvent survenir en cas d'inhalation, d'ingestion, de contact avec la peau ou les yeux. La ventilation doit être appropriée pour la manipulation de matières dangereuses dans les réactifs. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes de protection, des gants et une blouse de laboratoire adaptés au risque d'exposition. Manipulez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et mettez-les au rebut conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour de plus amples informations relatives à l'environnement, à la santé et à la sécurité, consultez la FDS à l'adresse support.illumina.com/sds.html.**

Vider les petits flacons usagés

1. Retirez le petit flacon de réactifs usagés à l'arrière du tiroir des réactifs usagés. Tenez le flacon par les côtés.
2. Retirez le bouchon fileté du porte-bouchon situé derrière les flacons de réactifs usagés.
3. Fermez hermétiquement le flacon à l'aide du bouchon pour prévenir les déversements pendant le transport.
4. Jetez le contenu conformément aux normes en vigueur, en le gardant séparé du contenu du grand flacon.
5. Remettez le flacon débouché dans le tiroir de réactifs usagés. Placez le bouchon sur le porte-bouchon.



Vider le grand flacon usagé

1. Utilisez la poignée du dessus pour retirer le grand flacon de réactifs usagés de l'avant du tiroir de tampon.
2. Retirez le bouchon fileté du porte-bouchon situé derrière les flacons de déchets de réactifs usagés.
3. Fermez hermétiquement le flacon à l'aide du bouchon pour prévenir les déversements pendant le transport.
4. Débouchez l'évent (A).

Le décapsulage de l'évent permet de minimiser les déversements sur les côtés du flacon.



5. Retirez le bouchon de l'ouverture du flacon.

6. Jetez le contenu par l'ouverture du flacon conformément aux normes en vigueur dans votre région. Tenez les deux poignées durant la vidange.
7. Une fois le flacon vide, fermez l'évent avec le bouchon.
8. Remettez le flacon non bouché avec l'évent bouché dans le tiroir à déchets. Placez le bouchon fileté sur le porte-bouchon.



9. Enfilez une nouvelle paire de gants sans talc.

Vérifications préalables à la série

Les vérifications préalables à l'analyse comprennent une vérification du système logiciel, une vérification des instruments, une vérification de l'alignement et une vérification fluidique.

1. Attendez ~35 minutes pour que les vérifications préalables à la série se terminent.
Une fois les vérifications préalables à la série terminées, la série démarre automatiquement.
2. Pour arrêter les vérifications préalables à la série, sélectionnez **Cancel** (Annuler), puis **Yes, cancel checks** (Oui, annuler les vérifications) pour confirmer.

 La Flow Cell et la cartouche de tampon ne peuvent pas être réutilisées après le début de la vérification fluidique.

3. Si une erreur se produit, sélectionnez **Retry** (Réessayer) pour refaire la vérification.
Les erreurs ne pouvant pas faire l'objet d'une nouvelle tentative n'affichent pas d'option de nouvelle tentative.
4. Si une erreur fluidique se produit, contactez l'assistance technique d'Illumina. Vous ne pouvez pas réessayer les vérifications fluidiques.

Surveiller la progression de la série

L'écran Sequencing (Séquençage) permet de suivre la progression de la série, d'annuler une série ou d'en lancer une nouvelle. Vous pouvez surveiller la progression de la série sur l'instrument ou à l'aide d'un ordinateur en réseau. Si le suivi des séries dans le cloud est activé, vous pouvez visualiser la progression de la série dans BaseSpace Sequence Hub. Pour afficher d'autres détails et l'état d'une série, reportez-vous à la section [Gestion de la série à la page 17](#).

Pour afficher des mesures et des visualisations supplémentaires, vous pouvez utiliser Sequencing Analysis Viewer (SAV). Pour plus d'informations sur SAV, consultez la [page Web d'assistance pour Sequencing Analysis Viewer](#).

Si la série est annulée à tout moment, un lavage post-série est effectué automatiquement. Si un lavage post-série échoue ou n'est pas effectué en raison d'une erreur, effectuez un lavage de maintenance avant de commencer une nouvelle série de séquençage. Pour obtenir des instructions, consultez la section [Effectuer un lavage de maintenance à la page 102](#).

1. Surveillez l'état de la série sur l'écran Sequencing (Séquençage) ou sur l'onglet Active (Actif) de l'écran Runs (Séries).
L'écran Sequencing (Séquençage) contient le temps de fin de série estimé, qui nécessite 10 séries précédentes pour calculer le temps de fin de série précis.
L'onglet Active (Actif) sur l'écran Runs (Séries) comprend l'heure à laquelle le processus a été démarré et des informations supplémentaires sur l'état de la série. Le statut indique lesquelles des activités suivantes sont en cours :
 - Séquençage
 - Transfert de données de séquençage vers un stockage externe
 - Transfert de fichiers externe
 - Analyse secondaire
 - Transfert des données d'analyse secondaire vers un stockage externe
2. Surveillez les paramètres suivants sur l'écran Sequencing (Séquençage) ou Runs (Séries).
 - **% ≥ Q30** : le pourcentage moyen de définition de base avec un score de qualité ≥ 30.
 - **Yield** (Rendement) : le nombre prévu de bases définies pour la série.
 - **Total Reads PF** (Total des lectures PF) : le nombre de lectures à lectures appariées (le cas échéant) passant le filtre (en millions).
3. Pour revoir les détails supplémentaires de la série, sélectionnez le nom de la série sur l'écran Sequencing (Séquençage) ou l'onglet Active (Actif) sur l'écran Runs (Séries).
4. Une fois la série terminée, vous pouvez afficher les résultats supplémentaires de la série. Sélectionnez le nom de l'analyse sur l'écran Sequencing (Séquençage) ou l'onglet Completed (Terminé) sur l'écran Runs (Séries).
5. Laissez les consommables dans l'instrument. Ne les retirez pas avant d'y être invité lors de la prochaine configuration de la série.

Démarrage échelonné de séries

À des moments spécifiques pendant une série unilatérale, vous pouvez configurer et démarrer une série du côté inactif de NovaSeq X Series. Le système affiche l'heure de démarrage disponible suivante pour le côté inactif, qui reste verrouillé sauf si vous demandez un démarrage. Si les informations de démarrage échelonné ne sont pas disponibles, la fonctionnalité n'est pas compatible avec la recette en cours d'utilisation. Si un lavage d'entretien est nécessaire du côté inactif de l'instrument, vous ne pouvez pas demander un démarrage échelonné.

Après avoir demandé un démarrage échelonné, le logiciel met automatiquement en pause la série en cours pour permettre la configuration d'une nouvelle série. Le côté en pause est placé dans un état sûr et reprend automatiquement.

i | Lorsqu'une série échelonnée démarre, le temps d'achèvement estimé de la série en cours peut changer. Assurez-vous de rechercher les dernières estimations de temps.

Le tableau suivant montre la durée approximative pendant laquelle le démarrage échelonné est disponible pour la première fois pour une série en cours. Des points de pause supplémentaires sont disponibles à la fin de chaque cycle.

Type de Flow Cell	Temps (heures)
1.5B (600 cycles)	~8
25B	~6,5
10B, 5B, 1.5B (100, 200 ou 300 cycles)	~6

! | Si vous annulez la configuration de la série après une pause ou si la pause s'arrête après 30 minutes sans lancer la configuration de la série, vous pouvez demander un nouveau démarrage échelonné. Cependant, la mise en pause d'une série plusieurs fois peut avoir un impact négatif sur la qualité des données de la série.

Pour lancer un démarrage échelonné, procédez comme suit.

1. Dans l'écran Séquençage, sélectionnez **Request** (Demander) du côté inactif.
Lorsque la série en cours s'arrête, l'option de démarrage d'une nouvelle série apparaît du côté précédemment verrouillé.
2. Sélectionnez **Start** (Démarrer).
3. Configurez une analyse de séquençage. Pour obtenir des instructions, consultez la section [Lancer une série de séquençage à la page 71](#).
Une fois la configuration de la série et les vérifications préalables à la série terminées, la nouvelle série démarre et la série en pause reprend.

! | Évitez les retards pendant la configuration de la série. La mise en pause d'une série pendant une période prolongée peut avoir un impact négatif sur la qualité des données de la série.

Se connecter et se déconnecter

Vous êtes automatiquement déconnecté du logiciel de commande après 30 minutes d'inactivité ou la durée de déconnexion définie. Suivez les instructions suivantes pour vous connecter et vous déconnecter manuellement.

Se connecter

Une fois déconnecté, cliquez n'importe où pour vous connecter. En fonction de la configuration de votre instrument, les identifiants de connexion peuvent varier.

- Si vous n'êtes pas connecté au cloud, connectez-vous avec votre nom d'utilisateur et votre mot de passe locaux.
- Si vous êtes connecté au cloud, connectez-vous avec votre nom d'utilisateur BaseSpace Sequence Hub et votre mot de passe, puis sélectionnez votre groupe de travail. Vous pouvez uniquement sélectionner les séries planifiées créées par les utilisateurs du groupe de travail sélectionné. Vous pouvez également sélectionner **Sign in to local instrument** (Se connecter à l'instrument local) et vous connecter à l'aide de votre compte local.
- Si vous vous connectez pour la première fois, saisissez le mot de passe temporaire créé par votre administrateur. Vous êtes invité à créer un nouveau mot de passe une fois la connexion établie.

Au niveau du système, un seul utilisateur peut être connecté à la fois, mais il peut choisir un utilisateur de chaque côté pour sélectionner une série.

Se déconnecter

Suivez les instructions suivantes pour vous déconnecter avant que la déconnexion automatique ne se produise.

Vous pouvez ajuster l'heure de déconnexion par défaut dans l'écran Password policy (Politique de mot de passe) dans Settings (Paramètres). Pour obtenir des instructions, consultez la section [Modifier les paramètres du mot de passe à la page 49](#).

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Profile** (Profil) puis **Sign out** (Se déconnecter).
Après s'être déconnecté, le logiciel de commande ferme le menu Profile (Profil) et revient à l'écran Sequencing (Séquençage).

Recyclage des consommables usagés

Suivez les instructions suivantes pour recycler le tampon pré-charge, le tampon de primer personnalisé, la cartouche de réactifs, la bande de tubes de bibliothèque, l'insert Iyo et la cartouche de tampon. La Flow Cell n'est pas recyclable.

Recycler les tampons

Suivez les instructions suivantes pour recycler le tampon de précharge, le tampon de primer personnalisé et la cartouche de tampon.

Recyclez les tampons de précharge et de primer personnalisé

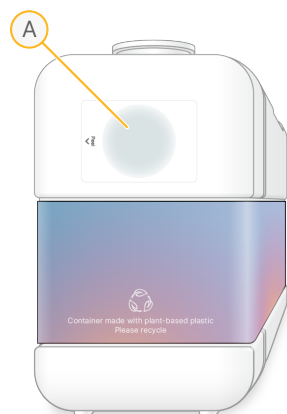
Les tubes de préchargement et de tampon de primer personnalisé sont composés de plastique polypropylène (PP). Les bouchons tampons de primers personnalisés et de précharge sont composés de polyéthylène haute densité (PEHD).

1. Rincez les tubes de préchargement et les tubes tampons de primer personnalisés.
2. Recyclez les tubes et les bouchons conformément aux normes applicables dans votre région.

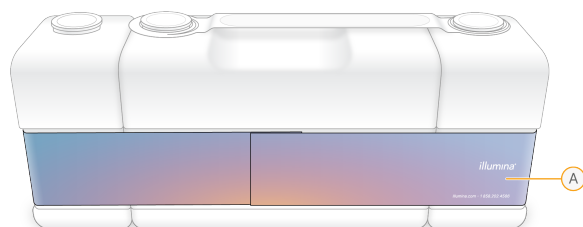
Recyclez la cartouche de tampon

Les flacons et la poignée de la cartouche de tampon sont composés de polyéthylène haute densité (PEHD). Suivez les instructions suivantes pour recycler la cartouche de tampon.

1. Retirez la cartouche de tampon de l'instrument.
2. Retirez les feuilles d'aluminium, puis jetez-les.
3. Videz la cartouche de tampon conformément aux normes applicables dans votre région.
4. Retirez l'étiquette RFID (A) et la RFID, puis jetez-les.



5. Placez la cartouche de tampon sur une surface plane, puis retirez la bande de rétention (A) pour séparer les trois flacons de tampon.



- Rincez les flacons de tampon, puis recyclez conformément aux normes applicables dans votre région.

Recycler une cartouche de réactifs

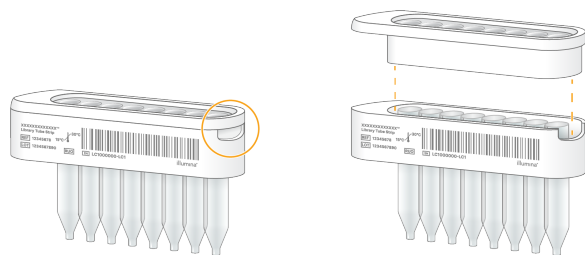
Après avoir retiré la cartouche de réactifs de l'instrument, effectuez les étapes suivantes pour recycler la bande de tubes de bibliothèque, l'insert Iyo et la cartouche de réactifs. Les puits de la position 3 et de la position 8 contiennent du formamide. Retirer ces puits de la cartouche de réactif et les éliminer séparément.

⚠ Cet ensemble de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des dommages corporels peuvent survenir en cas d'inhalation, d'ingestion, de contact avec la peau ou les yeux. La ventilation doit être appropriée pour la manipulation de matières dangereuses dans les réactifs. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes de protection, des gants et une blouse de laboratoire adaptés au risque d'exposition. Manipulez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et mettez-les au rebut conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour de plus amples informations relatives à l'environnement, à la santé et à la sécurité, consultez la FDS à l'adresse support.illumina.com/sds.html.

Recyclez la bande de tubes de bibliothèque et l'adaptateur

La bande de tubes de la bibliothèque est en plastique polypropylène (PP). L'adaptateur de bande de tubes de la bibliothèque est composé de polyéthylène haute densité (PEHD).

- Séparez la bande de tubes de bibliothèque de la cartouche de réactifs en poussant la bande de tubes de bibliothèque vers le haut.
- Retirez le bouchon de la bande de tubes de bibliothèque, puis jetez-le.



- Retirez l'étiquette (A) RFID et la RFID situées sous la bande de tubes de la bibliothèque, puis jetez-les.



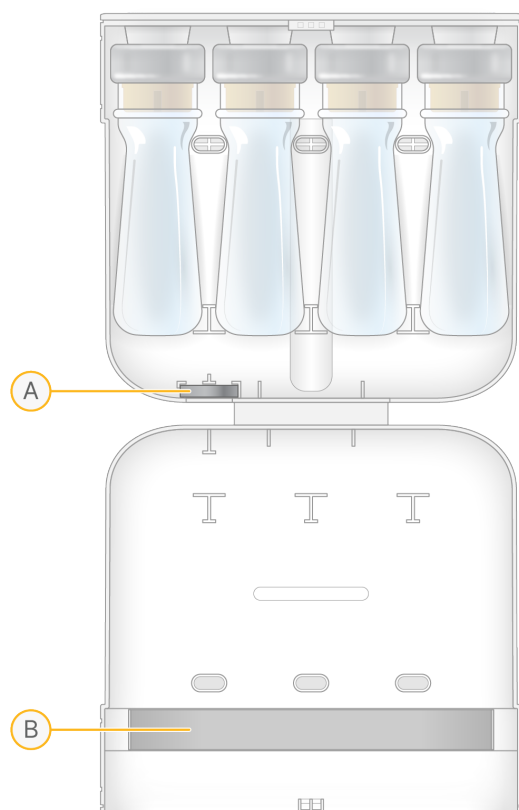
- Rincez la bande de tubes de la bibliothèque, puis recyclez-la conformément aux normes en vigueur dans votre région.

- Recyclez l'adaptateur de bande de tubes de la bibliothèque conformément aux normes applicables à votre région.

Recyclez l'insert Lyo

Le couvercle de l'insert lyo est composé de plastique polypropylène (PP). Les flacons de réactifs lyophilisés ne sont pas recyclables.

- Séparez l'insert lyo de la cartouche de réactif en appuyant sur l'étiquette de l'insert lyo, puis en poussant vers le haut.
- Retirez l'étiquette en haut de l'insert lyo, puis jetez-la.
- Pour ouvrir le couvercle de l'insert lyo, compressez les côtés de l'insert lyo.
- Retirez et éliminez les flacons de réactifs lyophilisés conformément aux normes applicables dans votre région.
- Retirez et éliminez la RFID et la bande de mousse.



A. RFID

B. Bande de mousse

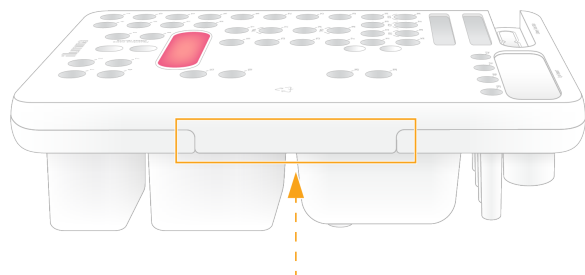
- Recyclez le couvercle de l'insert lyo conformément aux normes applicables dans votre région.

Recycler les composants des réactifs

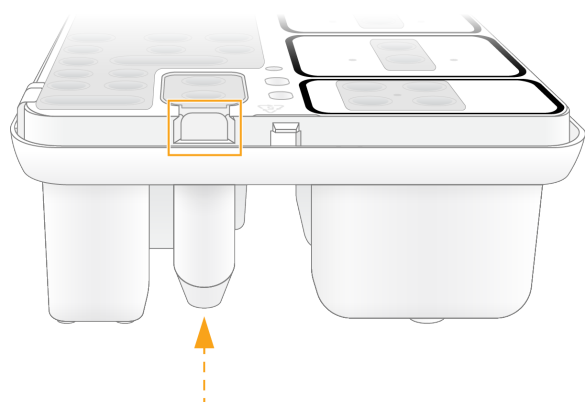
Il est possible de séparer les puits n° 3, n° 8 et SBS de la cartouche de réactif avant le recyclage. Le couvercle de la cartouche de réactif, la cartouche de réactif démontée et les puits des positions n° 3, et n° 8 ainsi que le SBS n° 3 sont composés de plastique polypropylène (PP). Les puits SBS n° 1 et n° 2 sont composés de plastique polyéthylène-téréphtalate (PET).

1. Retirez le couvercle de la cartouche de réactif en tirant les languettes situées sur les côtés du couvercle vers l'extérieur, puis en le soulevant vers le haut.

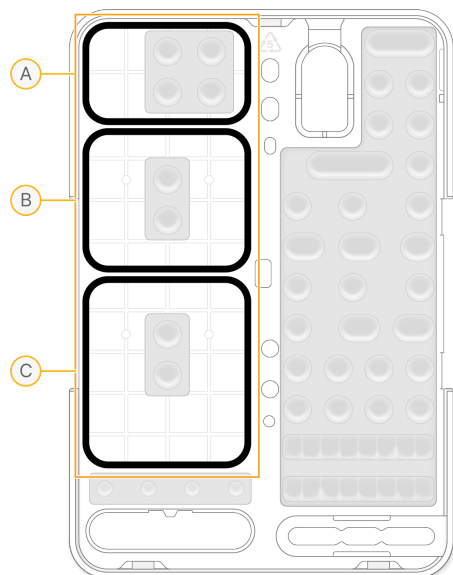
Un clic audible indique que le couvercle de la cartouche de réactifs est déconnecté.



2. Pour détacher les puits de position n° 3 et n° 8 de la cartouche de réactifs, appuyez sur la languette, puis poussez le puits vers le haut.



3. Recyclez les puits des positions n° 3 et n° 8 conformément aux normes applicables dans votre région.
4. Pour séparer les trois puits SBS de la cartouche de réactifs, compressez les côtés du puits et poussez vers le haut avec force.

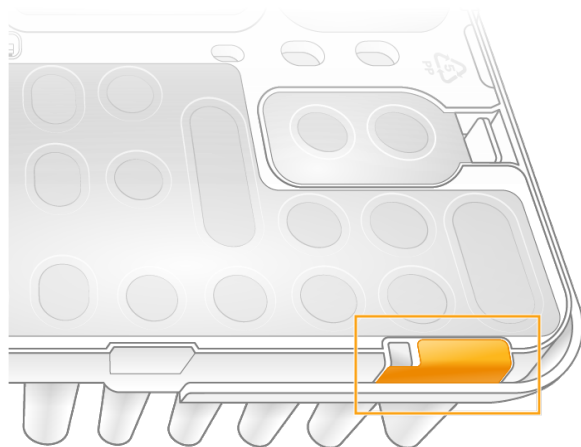


A. Puits SBS n° 1 : plastique polyéthylène-téréphtalate (PET)

B. Puits SBS n° 2 : plastique polyéthylène-téréphtalate (PET)

C. Puits SBS n° 3 : plastique polypropylène (PP)

5. Recyclez les puits SBS conformément aux normes applicables dans votre région.
6. Retirez toutes les feuilles, l'étiquette RFID et la RFID et jetez-les.



7. Rincez la cartouche de réactif démontée et le couvercle, puis recyclez conformément aux normes en vigueur dans votre région.

Sortie de séquençage

Après avoir lancé un séquençage, Real-Time Analysis démarre automatiquement. Vous pouvez afficher les indicateurs RTA4 sur l'écran Séquençage ou Séries. Pour afficher les résultats du séquençage et de l'analyse secondaire, sélectionnez le nom de la série dans l'onglet Completed (Terminé) de l'écran Runs (Séries). Les résultats de la série comprennent des indicateurs de séquençage détaillés, des indicateurs d'analyse secondaires et des rapports d'application DRAGEN au niveau de l'échantillon et de la série.

Vous pouvez également trouver des fichiers de sortie dans l'emplacement de dossier de sortie par défaut spécifié.

Real-Time Analysis

NovaSeq X Series exécute RTA4, une version du logiciel Real-Time Analysis, à partir de son propre moteur de calcul (CE). RTA4 extrait les intensités des images reçues de la caméra, effectue les définitions des bases, associe un score de qualité à chaque définition des bases, effectue l'alignement à PhiX et élabore les rapports dans les fichiers InterOp pour les visualiser dans le NovaSeq X Series Control Software.

Pour optimiser le délai de traitement, RTA4 conserve les données en mémoire. Si RTA4 est arrêté, le traitement ne reprend pas et les données de la série en cours de traitement dans la mémoire sont perdues.

Entrées RTA4

RTA4 nécessite les images des plaques contenues dans la mémoire locale du système aux fins du traitement. RTA4 reçoit l'information sur la série et des commandes de logiciel de commande.

Sorties RTA4

Les images de chaque canal de couleur passent de la mémoire à RTA4 sous forme de plaques. À l'aide de ces images, RTA4 produit un ensemble de fichiers de filtrage et de fichiers de définition des bases dont la qualité est notée. Toutes les autres données de sortie sont des données complémentaires des principaux fichiers de sortie.

Type de fichiers	Description
Fichiers de définition des bases	Chaque plaque analysée est incluse dans un fichier de définition des bases concaténé (*.cbcl). Les plaques de la même ligne et de la même surface sont rassemblées dans un fichier *.cbcl pour chacune des lignes et des surfaces.
Fichiers de filtrage	Chaque plaque produit un fichier de filtrage (*.filter) qui précise si un amplifiat a franchi les filtres.

Type de fichiers	Description
Fichiers d'emplacement des amplifiats	Les fichiers de localisation des amplifiats (*.locs) contiennent les coordonnées X,Y de chaque amplifiat dans une plaque. Un fichier d'emplacement d'amplifiat est généré pour chaque série.
Fichiers InterOp	Fichiers de rapports binaires utilisés pour Sequencing Analysis Viewer. Les fichiers InterOp sont mis à jour tout au long de la série.

Les fichiers de sortie sont utilisés pour l'analyse en aval.

Scores de qualité

Un score de qualité, ou Q-score, est une prévision de la probabilité d'une définition des bases erronée. Un score de qualité plus élevé suppose qu'une définition des bases est de plus haute qualité et plus susceptible d'être correcte. Une fois le score de qualité établi, les résultats sont enregistrés dans des fichiers de définition des bases (*.cbcl).

Le score de qualité communique de manière concise les probabilités de petites erreurs. Les scores de qualité sont représentés sous la forme Q(X), où X est le score. Le tableau suivant montre la relation entre le score de qualité et la probabilité d'une erreur.

Score de qualité Q(X)	Probabilité d'une erreur
Q40	0,0001 (1 sur 10 000)
Q30	0,001 (1 sur 1 000)
Q20	0,01 (1 sur 100)
Q10	0,1 (1 sur 10)

Notation de la qualité et rapports

La notation de la qualité calcule un ensemble d'indicateurs prévisionnels pour chaque définition des bases, puis utilise ces valeurs pour rechercher un score de qualité dans un tableau de qualité. Les tableaux de qualité servent à fournir des indicateurs de qualité extrêmement précis pour des séries générées par une configuration spécifique de plateforme de séquençage et de version de chimie.

i | La notation de la qualité s'appuie sur une version modifiée de l'algorithme Phred.

Afin de générer le tableau de qualité pour le NovaSeq X Series, trois groupes de définitions des bases ont été déterminés, selon la génération d'amplifiats de ces fonctions prédictives spécifiques. À la suite du regroupement de ces définitions de bases, le taux d'erreur moyen est calculé empiriquement pour chacun des trois groupes et les scores Q correspondants sont enregistrés dans le tableau de qualité avec les fonctions prédictives corrélant avec ce groupe. En tant que tels, seuls trois scores de qualité sont possibles avec RTA4 et ces scores de qualité représentent le taux d'erreurs moyen du groupe. Pour résumer, ces résultats sont simplifiés, mais très justes en tant que score de qualité. Les trois

groupes du tableau de qualité correspondent aux définitions de bases de qualité marginale (< Q18), moyenne (Q18 à Q29), et haute (> Q29). Les groupes reçoivent des scores spécifiques tels que 9, 24 et 41, respectivement. De plus, un score de 0 est assigné à tous les « no-call » (absence de définition) écrits sur les fichiers BCL. Une fois que les fichiers BCL ont été convertis au format FASTQ, un score de 2 est attribué aux définitions absentes. Ce modèle de rapport sur les scores de qualité réduit les besoins d'espace de stockage et de bande passante sans nuire à la précision ni à la performance.

Fichiers de sortie de séquençage

Type de fichiers	Description, emplacement et nom des fichiers
Fichiers de définition des bases	Chaque amplifiat analysé est compris dans un fichier de définition des bases ; ces fichiers sont rassemblés dans un fichier pour chaque cycle, chaque ligne et chaque surface. Le fichier rassemblé contient la définition des bases ainsi que le score de qualité codé associé à chaque amplifiat. Data\Intensities\BaseCalls\L001\C1.1 L[lane]_[surface].cbcl, par exemple L001_1.cbcl
Fichiers d'emplacement des amplifiats	Pour chaque Flow Cell, un fichier d'emplacement des amplifiats binaire comprend les coordonnées XY des amplifiats sur la plaque. Une disposition hexagonale qui concorde avec l'emplacement des nanopuits de la Flow Cell prédéfinit les coordonnées. Data\Intensities s_[lane].locs
Fichiers de filtrage	Le fichier de filtrage spécifie si un amplifiat a franchi les filtres. Les fichiers de filtrage sont générés au cycle 26 et portent sur 25 cycles de données. Un fichier de filtrage est généré pour chaque plaque. Data\Intensities\BaseCalls\L001 s_[lane]_[tile].filter
Fichier de renseignements sur la série	Indique le nom de la série, le nombre de cycles à chaque lecture, si la lecture est une lecture d'index et le nombre de témoins et de plaques sur la Flow Cell. Le fichier de renseignements sur la série est créé au début de la série. [Root folder], RunInfo.xml

Structure du dossier de sortie

Par défaut, le NovaSeq X Series génère des fichiers de sortie dans le dossier de sortie sélectionné dans les paramètres de stockage externe.

À un niveau élevé, les sorties sont organisées selon la structure suivante :

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

 **Analysis (fichiers d'analyse secondaire)**

 **Data (fichiers BCL d'analyse primaire)**

 **InstrumentAnalyticsLogs**

 **InterOp**

Logs

 RTA.cfg
 RTAComplete.txt
 CopyComplete.txt
 RunCompletionStatus.xml
 RunInfo.xml
 RunParameters.xml
 SampleSheet.csv
 Manifest.tsv

Le fichier de manifeste contient une somme de contrôle de l'intégrité des données pour les fichiers copiés dans le dossier de sortie. Une vérification de redondance cyclique 32 bits (CRC-32) génère la somme de contrôle.

En plus de générer des fichiers spécifiques à chaque application, DRAGEN fournit les indicateurs de l'analyse sur une base par échantillon ou dans des rapports rassemblés. Selon les modes de fonctionnement, il peut y avoir des fichiers de mesure supplémentaires inclus dans la sortie. Pour plus d'informations sur les différents niveaux des rapports, consultez la section [Rapports d'analyse secondaire NovaSeq X Series à la page 93](#).

Pour en savoir plus sur les fichiers de sortie et les indicateurs de l'analyse secondaire DRAGEN, consultez la [page Web d'assistance pour Plateforme Illumina DRAGEN Bio-IT](#).

Sortie et stockage des données

Les tableaux suivants fournissent des exemples de données de stockage. Étant donné que la rétention effective de données fait l'objet de politiques locales, vérifiez les conditions avant de calculer les besoins en matière de stockage. Pour plus d'informations, reportez-vous à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).

i | Les tailles des séries et d'autres détails varient en fonction de plusieurs facteurs. Les nombres indiqués visent simplement à donner une idée de l'étendue relative de l'empreinte de données.

Tableau 7 Sortie de données pour les double Flow Cells

Fonctions	Type de fichiers	25B Flow Cell (TB)	10B Flow Cell (TB)	5B Flow Cell (TB)	1.5B Flow Cell (TB)
Real-Time Analysis	BCL	11,1	4,2	2,1	0,6
	Interop	0,03	0,01	0,01	0,01

Fonctions	Type de fichiers	25B Flow Cell (TB)	10B Flow Cell (TB)	5B Flow Cell (TB)	1.5B Flow Cell (TB)
FASTQ	GZIP	14,5	5,8	2,9	0,9
	ORA	2,9	1,2	0,6	0,2
Carte/Alignement	BAM	12,7	5,1	2,6	0,8
	CRAM	4,9	2,0	1,0	0,3
Définition de variant	GVCF+VCF	1,1	0,4	0,2	0,1

Tableau 8 Sortie de données pour les Flow Cells uniques

Fonctions	Type de fichiers	25B Flow Cell (TB)	10B Flow Cell (TB)	5B Flow Cell (TB)	1.5B Flow Cell (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
Carte/Alignement	BAM	6,3	2,5	1,3	0,4
	CRAM	2,5	1,0	0,5	0,1
Définition de variant	GVCF+VCF	0,5	0,2	0,1	0,0

Rapports d'analyse secondaire NovaSeq X Series

Dans l'écran de Sequencing complete (Séquençage terminé), sélectionnez le nom de la série pour afficher les résultats de la série. Naviguez jusqu'au bas de l'écran des détails de la série, puis sélectionnez **View DRAGEN report** (Afficher le rapport DRAGEN) pour afficher les résultats d'analyse secondaire. Vous pouvez également utiliser le menu global pour naviguer jusqu'à l'écran Runs (Séries) et sélectionner une série terminée.

Vous pouvez afficher les résultats du rapport DRAGEN aux niveaux suivants :

- **Run** (Série) : le résumé de la série renvoie aux rapports de flux de travail, y compris un rapport démultiplex, et fournit un aperçu des informations suivantes :
 - Numéro de version
 - Nombre total d'échantillons
 - Nombre d'échantillons réalisés
 - Nombre d'erreurs
- **Workflow** (Flux de travail) : flux de travail rapporte les données agrégées de tous les échantillons inclus dans cette application DRAGEN et établit un lien vers des rapports d'échantillons individuels.
- **Sample** (Échantillon) : les rapports d'échantillons comprennent des indicateurs détaillés pour la lecture 1 et la lecture 2 d'un échantillon individuel.

Les indicateurs disponibles au niveau du flux de travail et de l'échantillon varient en fonction du rapport. Reportez-vous au rapport sur l'instrument pour les définitions des indicateurs.

Maintenance

Cette section contient les procédures nécessaires à la maintenance du NovaSeq X Series.

Libérer de l'espace sur le disque dur

Si l'espace de stockage des données est insuffisant, une notification d'avertissement s'affiche pendant les vérifications préalables à la série. Vous pouvez vérifier l'espace disponible et l'espace consommé par les séries ou les ressources. Utilisez les étapes suivantes pour libérer de l'espace en supprimant les séries terminées et les ressources installées d'un dossier des séries d'un instrument.

Supprimer une série

Utilisez uniquement NovaSeq X Series Control Software pour supprimer des séries. Évitez de supprimer des séries manuellement via le système d'exploitation. La suppression manuelle des séries peut avoir un impact négatif sur le logiciel de commande. Vous ne pouvez pas mettre en file d'attente une série supprimée.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Runs** (Séries).
3. Pour la série que vous souhaitez supprimer, sélectionnez l'icône d'ellipse dans la colonne Action.
4. Sélectionnez l'une des options suivantes.
 - **Delete run data** (Supprimer les données de la série) : supprime les dossiers de sortie de séquençage et d'analyse, mais ne supprime pas la série de l'onglet Terminé. Vous pouvez afficher les détails de la série, mais vous ne pouvez pas afficher le rapport d'analyse secondaire DRAGEN.
 - **Delete run** (Supprimer la série) : supprime les données de série et supprime la série de l'onglet Completed (Terminé).
5. Dans la boîte de dialogue, confirmez la suppression de la série.
6. Répétez les étapes 3 à 5 pour chaque série que vous souhaitez supprimer.

Supprimer les ressources

Suivez les instructions suivantes pour supprimer les génomes de référence ou les fichiers de référence. Avec NovaSeq X Series Control Software version 1.4 et les versions ultérieures, vous pouvez également supprimer des ressources dans Illumina Software Update Manager (ISUM). Consultez la section [Mises à jour des logiciels à la page 96](#).

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Resource files** (Fichiers de ressources).

3. Sélectionnez l'onglet **Genomes** (Génomes) ou l'onglet **Reference files** (Fichiers de référence).
4. Pour le génome ou le fichier de référence que vous souhaitez supprimer, sélectionnez l'icône de suppression.
5. Dans la boîte de dialogue, sélectionnez **Yes, remove** (Oui, supprimer) pour confirmer.
6. Répétez les étapes 4 et 5 pour chaque génome ou fichier de référence que vous souhaitez supprimer.

Mises à jour des logiciels

Bien que tous les utilisateurs puissent afficher le logiciel installé, rechercher des mises à jour et télécharger les mises à jour, seuls les administrateurs peuvent effectuer des mises à jour logicielles. La mise à jour du logiciel garantit que votre système dispose des dernières fonctionnalités et corrections. Les mises à jour logicielles sont regroupées dans un package numérique, qui peut inclure les actifs suivants :

- Installateur de la suite système (SSI) :
 - NovaSeq X Series Control Software
 - Formules NovaSeq X Series
 - Universal Copy Service
 - Real-Time Analysis
 - Illumina Run Manager
- Emballage des consommables
- Correctifs du système d'exploitation
- DRAGEN
- Applications DRAGEN
- Fichiers de génome

Si le système dispose d'un accès Internet, il peut rechercher des mises à jour logicielles automatiquement ou sur demande. Si le système n'a pas d'accès Internet, téléchargez manuellement les installateurs pour effectuer la mise à jour logicielle.

 Si votre système utilise NovaSeq X Series Control Software v1.3 ou une version antérieure, contactez votre représentant Illumina pour effectuer les mises à jour logicielles. Vérifiez les correctifs [Portail de sécurité des produits Illumina](#) disponibles dans le système d'exploitation.

Mise à jour du logiciel avec accès Internet

1. Assurez-vous que les activités suivantes ne sont pas en cours :
 - Série de séquençage
 - Analyse secondaire

- Transfert de fichiers
 - Installation de DRAGEN
 - Installation de la licence DRAGEN
 - Auto-test DRAGEN
2. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
 3. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Software update** (Mise à jour du logiciel). Les versions actuelles du logiciel s'affichent.
 4. Selon la configuration de votre système, examinez les mises à jour disponibles :
 - Si le système est configuré pour rechercher automatiquement des mises à jour logicielles, le nombre de mises à jour disponibles s'affiche lors du chargement de la page.
 - Si le système n'est pas configuré pour rechercher automatiquement des mises à jour logicielles, sélectionnez **Check for updates** (Rechercher des mises à jour).
 5. Sélectionnez **View updates** (Afficher les mises à jour).
 6. Cochez la case pour toute mise à jour que vous souhaitez installer, y compris le logiciel, les applications, les génomes ou les fichiers de référence.

 Pour éviter les erreurs d'espace disque pendant l'installation, sélectionnez uniquement les génomes pertinents pour vos applications et flux de travail DRAGEN. Reportez-vous à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).
 7. Sélectionnez **Next** (Suivant).

Une liste des mises à jour sélectionnées s'affiche pour examen.
 8. **[Facultatif]** Téléchargez les mises à jour et terminez l'installation plus tard comme suit.
 - a. Cochez la case **Download only** (Télécharger uniquement).

L'option de téléchargement n'est pas disponible pour les génomes en raison de contraintes de taille.
 - b. Sélectionnez **Download** (Télécharger).
 - c. Une fois le téléchargement terminé, revenez à l'écran de mise à jour du logiciel.
 - d. Sélectionnez **View downloads** (Afficher les téléchargements).

Les mises à jour téléchargées sont disponibles pour examen et vous pouvez procéder à l'installation.
 9. Sélectionnez **Install** (Installer).

Une barre de progression affiche le temps restant approximatif.
 10. Sélectionnez **Restart software** (Redémarrer le logiciel) pour terminer la mise à jour.

Mise à jour du logiciel sans accès Internet

1. Si l'instrument n'a pas d'accès Internet, téléchargez le programme d'installation (*.ipb2) à partir de l'emplacement approprié :
 - Pour les installateurs de packages numériques, téléchargez à partir de la [page Web d'assistance pour NovaSeq X Series](#).
 - Pour les programmes d'installation qui ne contiennent que des fichiers de correctifs du système d'exploitation, téléchargez à partir du [Portail de sécurité des produits Illumina](#).

i | Si le format de fichier pour le programme d'installation est IRES ou IAPP, reportez-vous aux instructions pour [Installer ou désinstaller les versions DRAGEN à la page 99](#) ou [Gérer les applications DRAGEN à la page 55](#), respectivement.
2. Enregistrez le programme d'installation localement ou sur un lecteur réseau.
3. Assurez-vous que les activités suivantes ne sont pas en cours :
 - Série de séquençage
 - Analyse secondaire
 - Transfert de fichiers
 - Installation de DRAGEN
 - Installation de la licence DRAGEN
 - Auto-test DRAGEN
4. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
5. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Software update** (Mise à jour du logiciel). Les versions actuelles du logiciel s'affichent.
6. Sélectionnez **Select folder...** (Sélectionner le dossier...) pour rechercher des mises à jour logicielles.
7. Naviguez jusqu'à votre fichier d'installation, puis sélectionnez **Select** (Sélectionner). Le système recherche des mises à jour dans cet emplacement de dossier et affiche le nombre de mises à jour disponibles.
8. Sélectionnez **View updates** (Afficher les mises à jour).
9. Cochez la case pour toute mise à jour que vous souhaitez installer, y compris le logiciel, les applications, les génomes ou les fichiers de référence.

! | Pour éviter les erreurs d'espace disque pendant l'installation, sélectionnez uniquement les génomes pertinents pour vos applications et flux de travail DRAGEN. Reportez-vous à DRAGEN dans les notes de version NovaSeq X Series disponibles sur la [page d'assistance NovaSeq X Series](#).
10. Sélectionnez **Next** (Suivant). Une liste des mises à jour sélectionnées s'affiche pour examen.

11. **[Facultatif]** Téléchargez les mises à jour et terminez l'installation plus tard comme suit.
 - a. Cochez la case **Download only** (Télécharger uniquement).
L'option de téléchargement n'est pas disponible pour les génomes en raison de contraintes de taille.
 - b. Sélectionnez **Download** (Télécharger).
 - c. Une fois le téléchargement terminé, revenez à l'écran de mise à jour du logiciel.
 - d. Sélectionnez **View downloads** (Afficher les téléchargements).
Les mises à jour téléchargées sont disponibles pour examen et vous pouvez procéder à l'installation.
12. Sélectionnez **Install** (Installer).
Une barre de progression affiche le temps restant approximatif.
13. Sélectionnez **Restart software** (Redémarrer le logiciel) pour terminer la mise à jour.

Désinstaller le logiciel

Suivez les instructions suivantes pour désinstaller des logiciels ou des ressources telles que des génomes et des fichiers de référence.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Software update** (Mise à jour du logiciel).
Les versions actuelles du logiciel s'affichent.
3. Sélectionnez **Uninstall** (Désinstaller).
4. Cochez la case pour tous les composants de DRAGEN à désinstaller.
5. Sélectionnez **Next** (Suivant).
6. Cochez la case pour tous les génomes à désinstaller.
7. Sélectionnez **Next** (Suivant).
8. Cochez la case pour tous les fichiers de référence à désinstaller.
9. Sélectionnez **Next** (Suivant).
Une liste des fichiers sélectionnés s'affiche pour examen.
10. Sélectionnez **Uninstall** (Désinstaller).
Une barre de progression affiche le temps restant approximatif.
11. Sélectionnez **Close** (Fermer).

Installer ou désinstaller les versions DRAGEN

Les administrateurs peuvent installer ou désinstaller plusieurs versions DRAGEN. Si vous désinstallez la dernière version DRAGEN, toutes les versions sont désinstallées du système de séquençage.

Installer les versions DRAGEN

1. Lorsqu'une nouvelle version de DRAGEN est disponible, téléchargez le programme d'installation DRAGEN (*.ires) à partir de la [page d'assistance NovaSeq X Series](#). Enregistrez le programme d'installation localement ou sur un lecteur réseau.

 Si le format de fichier du programme d'installation est IPB2, reportez-vous aux instructions de [Mises à jour des logiciels à la page 96](#).
2. Assurez-vous qu'aucune série de séquençage ou analyse secondaire sur l'instrument n'est en cours.
3. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
4. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **DRAGEN**.
5. Dans l'onglet Versions, sélectionnez **Install version** (Installer la version).
6. Naviguez jusqu'à votre fichier d'installation, puis sélectionnez **Open** (Ouvrir).
7. Sélectionnez **Install** (Installer).
Un message indique si l'installation a réussi ou échoué.

Désinstaller les versions DRAGEN

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **DRAGEN**.
3. Pour désinstaller une version DRAGEN précédente, procédez comme suit.
 - a. Dans l'onglet Versions, sélectionnez l'icône de points de suspension dans la colonne Actions.
 - b. Sélectionnez **Uninstall** (Désinstaller).
 - c. Sélectionnez **Yes, uninstall** (Oui, désinstaller).
4. Pour désinstaller la dernière version DRAGEN, procédez comme suit.
 - a. Dans l'onglet Versions, sélectionnez l'icône de points de suspension dans la colonne Actions.
 - b. Sélectionnez **Uninstall all** (Tout désinstaller).
 - c. Sélectionnez **Yes, uninstall all** (Oui, tout désinstaller).

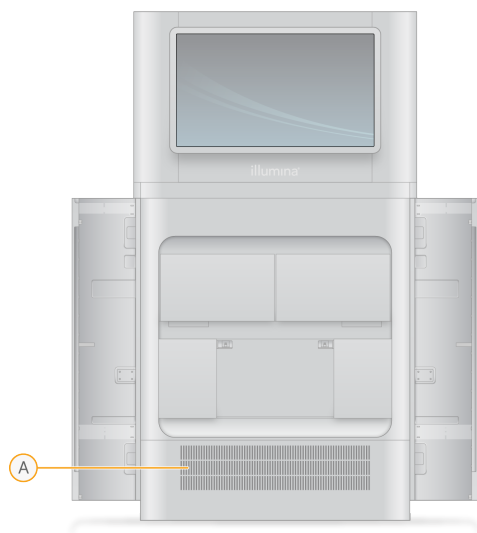
Remplacer le filtre à air

Le filtre à air est à usage unique et recouvre le ventilateur situé dans le tiroir inférieur à l'avant de l'instrument. Il assure un refroidissement correct et empêche les débris de pénétrer dans le système. L'instrument est livré avec un filtre à air et quatre filtres de rechange. Des pièces de rechange supplémentaires sont incluses avec un contrat de service d'instrument valide, ou elles peuvent être achetées séparément auprès d'Illumina.

Suivez les instructions suivantes pour remplacer un filtre à air périmé tous les 3 mois. Après avoir remplacé le filtre à air, réinitialisez l'expiration du filtre à air.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.

2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Unlock doors** (Déverrouiller les portes).
3. Sur NovaSeq X Plus, sélectionnez les deux côtés.
Pour NovaSeq X, les deux côtés se déverrouillent automatiquement.
4. Sélectionnez **Unlock doors** (Déverrouiller les portes).
Les portes de l'instrument se déverrouillent et vous pouvez accéder au tiroir du filtre à air (A) situé en bas de l'instrument.



5. Appuyez sur le loquet sous le tiroir du filtre à air et maintenez-le enfoncé.
6. Tirez sur le tiroir du filtre pour l'ouvrir.
7. Retirez le filtre à air usagé et jetez-le.
8. Insérez le nouveau filtre à air de manière à ce que l'étiquette soit orientée vers vous.
9. Appuyez sur le loquet sous le tiroir du filtre à air et maintenez-le enfoncé.
10. Fermez le tiroir du filtre.
11. Sur l'écran Unlock doors (Déverrouiller les portes), sélectionnez **Reset filter expiry** (Réinitialiser l'expiration du filtre).
12. Assurez-vous que les portes de l'instrument sont fermées, puis sélectionnez **Lock doors** (Verrouiller les portes).

Maintenance préventive

Illumina vous recommande de planifier un service de maintenance préventive chaque année. Si vous n'êtes pas lié par un contrat de services, communiquez avec le gestionnaire de compte commercial de votre zone ou avec l'assistance technique d'Illumina pour organiser un service de maintenance préventive facturable.

Effectuer un lavage de maintenance

Un lavage de maintenance est requis tous les 14 jours. Un lavage d'entretien est également requis lorsqu'un lavage post-série échoue ou est incomplet ou lorsqu'une erreur du système critique interrompt une série.

Le lavage de maintenance rince le système avec des dilutions de Tween 20 et de NaOCl fournies par l'utilisateur. Les dilutions sont pompées des cartouches de lavage vers la Flow Cell, les flacons de réactifs usagés et chaque réservoir de cartouche, afin de laver tous les dispositifs d'aspiration. La durée du lavage est de ~3 heures.

Un lavage d'entretien nécessite une cartouche de réactif de lavage, une cartouche de tampon usagée ou bien la Flow Cell de lavage fournie ou une Flow Cell de séquençage à 8 lignes usagée qui n'a pas été retirée du système. Vous ne pouvez pas effectuer de lavage d'entretien avec le 2 lignes NovaSeq X Series 1.5B Flow Cell.

Lorsqu'elle n'est pas utilisée, conservez la Flow Cell de lavage à température ambiante et dans son emballage d'origine, y compris le plateau en plastique et la poche. Jetez la cellule de lavage après 20 utilisations ou à la date de péremption sur l'emballage, à la première échéance.

Préparation de la solution de lavage et du NaOCl

1. Ajoutez 400 ml d'eau de laboratoire à un flacon de centrifugeuse de 500 ml.
2. Ajouter 200 µl de Tween 20 à 100 % ou un volume analogue d'une solution diluée avec du Tween. Par exemple, 1 ml de Tween 20 à 20 % dans de l'eau destinée à un usage en laboratoire. Utiliser une solution de Tween 20 fraîchement préparée pour limiter l'introduction de contaminants biologiques dans le système fluide.
3. Retournez pour mélanger.
4. Combinez les volumes suivants dans un tube pour centrifugeuse de 50 ml pour préparer 49 ml de NaOCl de qualité « réactif » à 0,12 % :
 - Eau désionisée (48 ml)
 - NaOCl de qualité « réactif », 5 % (1,2 ml)

 Utilisez du NaOCl de qualité « réactif » uniquement. Évitez l'utilisation de produits de blanchiment, car ils peuvent contenir des composés d'ammoniaque, ce qui pourrait entraîner des séries avec un faible pourcentage de lectures passant le filtre.

5. Retournez pour mélanger.

Charger les consommables de lavage

Suivez les instructions suivantes pour charger les consommables de lavage d'entretien sur l'instrument.

Démarrer un lavage d'entretien

1. Pour lancer un lavage de maintenance, sélectionnez **Start** (Démarrer), puis **Wash** (Lavage).
2. Sur le NovaSeq X Plus, sélectionnez un côté de l'instrument pour un lavage simple ou sélectionnez les deux côtés pour un lavage double.
Si un lavage de maintenance est nécessaire d'un côté ou des deux, le ou les côtés sont sélectionnés par défaut.
3. Passez à [Charger des Flow Cell de lavage à la page 103](#).

Charger des Flow Cell de lavage

Effectuez un lavage d'entretien avec soit une Flow Cell de séquençage à 8 lignes déjà chargée sur l'instrument et qui n'a pas été retirée ou une Flow Cell de lavage nouvellement chargée. Si vous effectuez un lavage d'entretien après qu'une erreur système critique a interrompu une série, utilisez une Flow Cell de lavage nouvellement chargée.

Si vous effectuez un lavage d'entretien avec la Flow Cell de séquençage utilisée de la série de séquençage précédente, la Flow Cell est déjà chargée sur l'instrument. Passez à [Charger la cartouche de réactif de lavage à la page 104](#).

Pour utiliser une Flow Cell de lavage nouvellement chargée, procédez comme suit.

1. Sur l'écran Lavage de d'entretien, cochez la case **Load wash flow cell** (Charger la Flow Cell de lavage) pour remplacer la flow cell de séquençage utilisée par une flow cell de lavage.
2. Sélectionnez **Load wash flow cells** (Charger les Flow Cells de lavage).
Après la sélection, l'écran d'affichage se lève et la porte de la Flow Cell s'ouvre. Le voyant de la Flow Cell indique que le lavage est en cours du côté de l'instrument.
3. Nettoyez le plateau de la Flow Cell comme suit.
 - a. Mouillez une lingette thermoscellée en polynite avec de l'alcool isopropylique (70 %).
 - b. Nettoyez délicatement la surface de la platine de Flow Cell. Essuyez uniquement dans le sens de la longueur.
À moins que vous ne trouviez des contaminants sur les collecteurs, évitez de les toucher.
 - c. Répétez les étapes **a** et **b** jusqu'à ce que les surfaces soient exemptes de tous les contaminants.
 - d. Séchez avec une nouvelle lingette thermoscellée en polynite ou un côté non utilisé de la lingette usagée pour éviter toute contamination.
4. Enfilez une nouvelle paire de gants sans talc pour éviter de contaminer la surface en verre de la Flow Cell.
5. Placez l'emballage en aluminium de la Flow Cell de lavage sur une surface plate, puis ouvrez-le en partant de l'extrémité angulaire.
6. Sortez la Flow Cell de lavage de son emballage. Saisissez la Flow Cell de lavage par les côtés en évitant de toucher le verre et les joints du dessous.

7. Nettoyez la Flow Cell de lavage comme suit.
 - a. Mouillez une lingette thermoscellée en polynite avec de l'alcool isopropylique (70 %).
 - b. Nettoyez délicatement la surface de la Flow Cell. Essuyez uniquement dans le sens de la longueur.
 - c. Répétez les étapes **a** et **b** jusqu'à ce que les surfaces soient exemptes de tous les contaminants.
 - d. Séchez avec une nouvelle lingette thermoscellée en polynite ou un côté non utilisé de la lingette usagée pour éviter toute contamination.
8. Jetez l'emballage de manière appropriée.
9. Placez la Flow Cell de lavage dans la platine de la Flow Cell de sorte que la surface supérieure soit orientée vers le haut.
10. Une fois les Flow Cell chargées, sélectionnez **Close flow cell door** (Fermer la porte de la Flow Cell). Le logiciel de commande affiche les informations de la Flow Cell analysée après une 1 minute.
11. Passez à [Charger la cartouche de réactif de lavage à la page 104](#).

Charger la cartouche de réactif de lavage

Suivez les instructions suivantes pour charger la cartouche de réactif de lavage sur l'instrument. Il n'est pas nécessaire de remplacer la cartouche de tampon pour effectuer un lavage d'entretien.

Assurez-vous de nettoyer et de stocker correctement la cartouche de réactif de lavage pour la réutiliser. La cartouche de réactif de lavage peut également résister à l'autoclavage comme méthode de nettoyage.

1. Rincer la cartouche de réactif de lavage eau destinée à un usage en laboratoire deux fois, puis sécher la face inférieure de la cartouche à l'aide d'une serviette en papier.
Ne pas sécher à l'intérieur des puits de la cartouche. Le séchage des puits de lavage de la cartouche de réactif peut avoir un impact sur le processus de lavage.
2. Ajouter 380 ml de solution de lavage dans le puits de solution de lavage sur la cartouche de réactif.
3. Ajoutez 49 ml de NaOCl à 0,12 % pour bien blanchir la cartouche de réactif de lavage.
4. Sur l'écran Wash (Lavage), sélectionnez **Load wash cartridges** (Charger les cartouches de lavage). Les portes de l'instrument se déverrouillent automatiquement et le système affiche des informations sur le chargement des cartouches de réactifs de lavage et de tampon.
5. Retirez les cartouches de réactifs de séquençage usagées. Consultez la section [Recyclage des consommables usagés à la page 83](#) pour obtenir des instructions sur le recyclage des cartouches de réactifs.
6. Chargez la cartouche de réactif de lavage en position droite de sorte que l'étiquette Illumina soit face à vous.
7. Fermez les tiroirs de réactifs, puis les portes de l'instrument.
8. Sélectionnez **Verify wash reagents** (Vérifier les réactifs de lavage).

9. Videz les flacons de réactifs usagés. Consultez la section [Vider les flacons de réactifs usagés à la page 78](#), pour plus d'informations.
10. Une fois les consommables chargés, sélectionnez **Start wash** (Commencer le lavage). Après le démarrage d'un lavage, les portes de l'instrument se verrouillent automatiquement. Une fois le lavage terminé, les portes se déverrouillent et l'écran Start (Démarrer) s'affiche.
11. Pour préserver la cartouche de réactifs de lavage pour plusieurs utilisations, rincez deux fois avec de l'eau destinée à un usage en laboratoire et conserver à l'envers.

Vider les flacons de réactifs usagés

Suivez les instructions ci-dessous pour vider les flacons de réactifs usagés avant chaque série de séquençage et lavage de maintenance. Le conteneur à déchets externe en option recueille les réactifs tampons utilisés, qui seraient autrement acheminés vers le grand flacon de réactif utilisé. Si le conteneur à déchets externe est installé, vous devez tout de même vider le contenu du petit flacon de réactif.

Pour plus d'informations sur le recyclage de la cartouche de réactifs et des flacons de tampon usagés, reportez-vous à la section [Recyclage des consommables usagés à la page 83](#).

 **Cet ensemble de réactifs contient des produits chimiques potentiellement dangereux. Des dommages corporels peuvent survenir en cas d'inhalation, d'ingestion, de contact avec la peau ou les yeux. La ventilation doit être appropriée pour la manipulation de matières dangereuses dans les réactifs. Portez un équipement de protection, y compris des lunettes de protection, des gants et une blouse de laboratoire adaptés au risque d'exposition. Manipulez les réactifs usagés comme des déchets chimiques et mettez-les au rebut conformément aux lois et règles régionales, nationales et locales en vigueur. Pour de plus amples informations relatives à l'environnement, à la santé et à la sécurité, consultez la FDS à l'adresse support.illumina.com/sds.html.**

Vider les petits flacons usagés

1. Retirez le petit flacon de réactifs usagés à l'arrière du tiroir des réactifs usagés. Tenez le flacon par les côtés.
2. Retirez le bouchon fileté du porte-bouchon situé derrière les flacons de réactifs usagés.
3. Fermez hermétiquement le flacon à l'aide du bouchon pour prévenir les déversements pendant le transport.
4. Jetez le contenu conformément aux normes en vigueur, en le gardant séparé du contenu du grand flacon.
5. Remettez le flacon débouché dans le tiroir de réactifs usagés. Placez le bouchon sur le porte-bouchon.



Vider le grand flacon usagé

1. Utiliser la poignée du dessus pour retirer le grand flacon de réactifs usagés de l'avant du tiroir de tampon.
2. Retirez le bouchon fileté du porte-bouchon situé derrière les flacons de déchets de réactifs usagés.
3. Fermez hermétiquement le flacon à l'aide du bouchon pour prévenir les déversements pendant le transport.
4. Débouchez l'évent (A).

Le décapsulage de l'évent permet de minimiser les déversements sur les côtés du flacon.



5. Retirez le bouchon de l'ouverture du flacon.

6. Jetez le contenu par l'ouverture du flacon conformément aux normes en vigueur dans votre région. Tenez les deux poignées durant la vidange.
7. Une fois le flacon vide, fermez l'évent avec le bouchon.
8. Remettez le flacon non bouché avec l'évent bouché dans le tiroir à déchets. Placez le bouchon fileté sur le porte-bouchon.



9. Enfilez une nouvelle paire de gants sans talc.

Dépannage

Cette section fournit des instructions étape par étape pour l'annulation d'une série, la mise sous tension de l'instrument, le redémarrage de l'instrument, la vérification du système et d'autres procédures de dépannage. Pour plus d'informations sur les problèmes de dépannage spécifiques, reportez-vous aux [articles de dépannage de NovaSeq X Series](#) sur Illumina Knowledge.

Arrêter une série

Vous pouvez mettre fin à une série de séquençage sur l'instrument. L'arrêt d'une série sur le NovaSeq X Series est une action définitive. Le logiciel ne peut pas reprendre la série ni enregistrer les données de séquençage et les consommables ne peuvent pas être réutilisés.

1. Accédez à l'écran Sequencing (Séquençage).
2. Sélectionnez **Cancel run** (Annuler la série) pour arrêter la série.
Selon l'état actuel de la série, des options supplémentaires pour annuler le téléchargement des données vers votre emplacement de stockage ou annuler la série peuvent être disponibles.
3. Sélectionnez **Yes, cancel run** (Oui, annuler la série) pour confirmer la fin de la série.
Après avoir terminé la série, la série apparaît dans l'onglet Completed (Terminé) avec le statut Canceled (Annulé).

Remettre l'analyse secondaire en file d'attente

Pendant l'analyse secondaire, vous pouvez mettre la série en file d'attente pour effectuer à nouveau l'analyse DRAGEN sur l'instrument. Vous ne pouvez pas faire la file d'attente s'il y a une série de séquençage en cours ou si les données de la série ont été supprimées de l'instrument. Pour plus d'informations sur comment remettre l'analyse secondaire en file d'attente pour une série prévue dans BaseSpace Sequence Hub, reportez-vous à la [page d'assistance BaseSpace Sequence Hub](#).

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Runs** (Séries), puis accédez à l'onglet Completed (Terminées).
3. Sélectionnez la série à remettre en file d'attente.
4. Sous Analyse secondaire, sélectionnez **Requeue analysis** (Remettre l'analyse en file d'attente).
5. Si la remise de l'analyse en file d'attente est destinée à une série locale, sélectionnez l'une des options de file d'attente suivantes :
 - **Requeue analysis from this run** (Remettre l'analyse en file d'attente à partir de cette série) : effectuez une remise en file d'attente à l'aide des fichiers générés dans la série sélectionnée. Vous pouvez sélectionner un dossier vers lequel sortir les fichiers d'analyse en file d'attente.

- **Requeue analysis from a sample sheet** (Remettre l'analyse en file d'attente à partir d'une feuille d'échantillon) : effectuez une nouvelle file d'attente à l'aide d'une feuille d'échantillon. La file d'attente utilise les configurations d'analyse spécifiées dans la feuille d'échantillon.
Pour remettre une série locale en file d'attente avec 12 cycles d'index, vous devez mettre en file d'attente l'analyse à partir d'une feuille d'échantillon.
6. Si l'analyse en file d'attente est pour une série manuelle, sélectionnez **Requeue analysis from sample sheet** (Remettre l'analyse en file d'attente à partir d'une feuille d'échantillon).
 7. **[Facultatif]** Cochez la case **Skip sample sheet validation** (Ignorer la validation de la feuille d'échantillon).
Pour ignorer la validation, la feuille d'échantillon doit être correctement formatée.
 8. Saisissez un chemin de fichier de données de séquençage.
Ce chemin détermine l'emplacement de stockage externe pour la série de file d'attente.
 9. Saisissez une description pour la file d'attente dans le champ Reason (Motif).
 10. Sélectionnez **Requeue analysis** (Remettre l'analyse en file d'attente) lorsque vous avez terminé.
 11. Effectuez l'une des actions suivantes. :
 - Pour exclure une configuration de la file d'attente, sélectionnez **Delete** (Supprimer) à côté du nom de la configuration.
 - Pour modifier les informations de configuration, sélectionnez **Edit** (Modifier) à côté du nom de la configuration.
 - Pour inclure des configurations supplémentaires, sélectionnez **Add configuration** (Ajouter une configuration).
 12. Sélectionnez **Requeue analysis** (Remettre l'analyse en file d'attente) lorsque vous avez terminé.

Redémarrer le transfert de fichiers

Cette fonctionnalité est disponible dès que le transfert de fichier a commencé. Si le transfert est terminé, utilisez Restart file transfer (Redémarrer le transfert de fichier) pour copier les fichiers vers un autre emplacement de sortie.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Runs** (Séries), puis accédez à l'onglet Completed (Terminées).
3. Sélectionnez la série avec le transfert de fichier à redémarrer.
4. Dans les détails de la série, sélectionnez **Show more** (Afficher plus).
5. Sélectionnez **Restart file transfer** (Redémarrer le transfert de fichier).
6. Sélectionnez les fichiers de données à transférer.
7. Sélectionnez un emplacement de dossier de sortie de la copie.
8. Sélectionnez **Restart** (Redémarrer).

Éteindre ou redémarrer l'instrument

Vous pouvez éteindre ou redémarrer l'instrument en toute sécurité lorsqu'il n'y a pas de séries de séquençage ou d'analyses secondaires en cours. Les messages du logiciel indiquent quand éteindre et redémarrer l'instrument pour résoudre une erreur ou un avertissement. Si le système ne s'arrête pas, contactez l'assistance technique d'Illumina.

Éteindre l'instrument

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
 2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Shut down** (Éteindre).
 3. Lorsque vous y êtes invité, sélectionnez **Yes, shut down instrument** (Oui, éteindre l'instrument).
-  Pour éviter toute corruption du CE, n'utilisez pas l'interrupteur d'alimentation situé à l'arrière de l'instrument, sauf indication contraire de l'assistance technique d'Illumina.
4. Après avoir éteint l'instrument, attendez environ 15 minutes avant de démarrer l'instrument avec le bouton d'alimentation. Lorsque le bouton d'alimentation clignote, appuyez dessus.

Redémarrer l'instrument

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **Restart instrument** (Redémarrer l'instrument).
3. Lorsque vous y êtes invité, sélectionnez **Yes, restart** (Oui, redémarrer).
Le redémarrage de l'instrument prend environ 45 minutes.
4. Une fois le redémarrage terminé et le système d'exploitation chargé, connectez-vous au système.

Arrêt prolongé

Si vous devez éteindre l'instrument pendant 14 jours ou plus, préparez un arrêt prolongé comme suit.

1. Une fois le lavage post-analyse terminé, ne retirez pas les consommables nécessaires au séquençage, y compris la Flow Cell et la cartouche de réactif utilisées.
2. Retirez et jetez les déchets. Pour obtenir des instructions, consultez la section [Vider les flacons de réactifs usagés à la page 78](#).
3. **[Facultatif]** Éteindre l'instrument. Pour obtenir des instructions, consultez la section [Éteindre l'instrument à la page 110](#).
4. Avant de procéder à nouveau au séquençage, assurez-vous d'effectuer un lavage d'entretien. Pour obtenir des instructions, reportez-vous à [Effectuer un lavage de maintenance à la page 102](#).

Effectuer des vérifications du système

Les vérifications du système ne sont pas nécessaires pour le fonctionnement normal ou l'entretien de l'instrument. Toutefois, un représentant de l'assistance technique Illumina peut vous demander d'effectuer des vérifications du système à des fins de dépannage. Les tests confirment si les composants sont correctement alignés et fonctionnels.

Lorsque vous sélectionnez une ou plusieurs vérifications à effectuer, une estimation du délai de réalisation est fournie. Cette heure est mise à jour une fois les vérifications terminées. Les résultats des tests sont envoyés dans le dossier `system-checks` situé dans `/usr/local/illumina/system-checks`.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis **System Checks** (Vérifications du système).
3. Cochez la case correspondant aux vérifications système que vous souhaitez effectuer.
 - **Fluidique côté A** : vérifie les performances du système d'administration fluidique sur le côté A.
 - **Fluidique côté B** : vérifie les performances du système d'administration fluidique sur le côté B.
 - **Precision motion** (Mouvement de précision) : vérifie les limites de déplacement et les performances de la platine Z et de la platine XY.
 - **Mouvement de la RBA** : vérifie la fonctionnalité du mécanisme de la RBA.

Les consommables de lavage sont requis pour les contrôles de fluidique et de mouvement de la RBA.

4. En cas de vérification fluidique, préparez la cartouche de tampon usagée comme suit.
 - a. Videz la cartouche de tampon conformément aux normes applicables dans votre région.
 - b. Rincez le puits central de la cartouche de tampon avec de l'eau de laboratoire.



Le rinçage de la cartouche de tampon évite d'endommager le capteur utilisé pendant la vérification fluidique.

- c. Remplissez à moitié le puits intermédiaire avec de l'eau de qualité laboratoire.
5. Si nécessaire, charger les consommables de lavage comme suit.
 - a. Sélectionnez **Load Consumables** (Charger les consommables).
 - b. Assurez-vous d'utiliser les consommables de lavage suivants :
 - Une cellule de débit de lavage ou une cellule de débit de séquençage à 8 voies utilisée qui n'a pas été retirée de l'instrument après la série précédente
 - Une cartouche de lavage vide
 - **[Mouvement de la RBA uniquement]** Cartouche de tampon vide
 - **[Fluidique]** Cartouche de tampon préparée

Si vous effectuez des vérifications des systèmes pour le mouvement de la RBA et la fluidique, utilisez une cartouche de tampon préparée.

Pour plus d'informations sur le chargement des consommables de lavage, consultez la section [Charger les consommables de lavage à la page 102](#).

- c. Sélectionnez **Back to checks** (Retour aux vérifications).
6. Sélectionnez **Start checks** (Démarrer les vérifications).

Effectuer un auto-test DRAGEN

Vous pouvez effectuer un auto-test pour identifier si des erreurs d'analyse se produisent à cause d'une ou plusieurs de vos puces DRAGEN FPGA.

Vous ne pouvez pas effectuer un auto-test pendant une analyse.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **DRAGEN**.
3. Dans l'onglet Versions, sélectionnez l'icône de points de suspension dans la colonne Actions pour une version DRAGEN spécifique.
4. Sélectionnez **Run self test** (Effectuer un auto-test).
L'autotest prend au moins 45 minutes. Une fois l'autotest terminé, un message indique si la version a réussi ou échoué.
5. Si l'auto-test échoue, sélectionnez l'icône de points de suspension dans la colonne Actions, puis sélectionnez **Show self test log** (Afficher le journal d'auto-test) pour examiner les informations du journal.

Installer la licence DRAGEN

La licence DRAGEN est préinstallée sur votre instrument. Vous n'avez pas besoin d'installer votre licence DRAGEN sauf en cas de dépannage d'erreurs de licence.

Seuls les administrateurs peuvent réinstaller la licence DRAGEN.

Installer la licence DRAGEN en ligne

Si le NovaSeq X Series est connecté à Internet, vous pouvez installer des licences DRAGEN directement dans le NovaSeq X Series Control Software.

1. Dans le logiciel de commande, sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **DRAGEN**.
3. Dans l'onglet License (Licence), sélectionnez **Update from license server** (Mettre à jour à partir du serveur de licences).
La licence mise à jour est récupérée à partir du serveur de mise à jour de licence.
4. Une fois la nouvelle licence installée, effectuez un auto-test. Consultez la section [Effectuer un auto-test DRAGEN à la page 112](#).

Installer la licence DRAGEN hors ligne

1. Si votre fichier de licence est corrompu, contactez l'assistance technique d'Illumina pour obtenir une nouvelle licence.
2. Dans le logiciel de commande, sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
3. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **DRAGEN**.
4. Dans l'onglet License (Licence), sélectionnez **Update from file** (Mettre à jour à partir du fichier).
5. Naviguez jusqu'à votre fichier (*.zip), puis sélectionnez **Open** (Ouvrir).
6. Une fois la nouvelle licence installée, effectuez un auto-test. Consultez [Effectuer un auto-test DRAGEN à la page 112](#).

Examiner le journal d'audit

Les administrateurs peuvent examiner le journal d'audit de l'instrument sur l'instrument ou sur un ordinateur en réseau. Le journal d'audit enregistre toutes les actions qu'un utilisateur effectue sur le système.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Audit log** (Journal d'audit).
3. Utilisez les filtres suivants pour affiner les résultats du journal d'audit.
 - **Date** : filtrez les actions par plage de dates en sélectionnant l'icône du calendrier ou en saisissant manuellement les dates dans les champs From (De) et To (À) au format JJ-MM-AAAA.
 - **Action type** (Type d'action) : filtrez par type d'action effectuée en saisissant l'action dans le champ Type (type).
 - **User** (Utilisateur) : filtrez par l'utilisateur qui a effectué l'action en saisissant le nom de l'utilisateur dans le champ Who (Qui).
 - **Description** : filtrez par détails supplémentaires en saisissant une description de l'action dans le champ Description.
4. Sélectionnez **Filter** (Filtre) pour appliquer les filtres.
5. Pour exporter un fichier PDF du journal d'audit, sélectionnez **Export log** (Exporter le journal).

Exporter les journaux

L'assistance technique d'Illumina peut demander des fichiers journaux pour aider à résoudre les problèmes. Exportez les fichiers journaux comme suit.

1. Sélectionnez l'icône de l'instrument pour ouvrir le menu de navigation global.
2. Sélectionnez **Settings** (Paramètres), puis sélectionnez **Export logs** (Exporter les journaux).
3. Sélectionnez les fichiers journaux ou les séries de séquençage à exporter.
Les journaux standards sont toujours inclus dans l'exportation.

4. **[Facultatif]** Sélectionnez **Include image files** (Inclure les fichiers d'image) pour les séries de séquençage sélectionnées.
5. Sélectionnez **Next** (Suivant).
6. Sélectionnez File output location (Emplacement de sortie du fichier), puis **Export** (Exporter).

Ressources et références

Les [pages Web d'assistance pour NovaSeq X Series](#) fournissent des ressources supplémentaires. Consultez toujours les pages d'assistance pour connaître les dernières versions.

Séquençage du cycle obscur

Cette section décrit comment utiliser le séquençage de cycles obscurs dans la formule.

Le séquençage de cycles obscurs est uniquement utilisé pour compléter les étapes chimiques d'un cycle de séquençage. Consultez la page des produits compatibles pour votre trousse de préparation de bibliothèques sur le [site d'assistance Illumina](#) pour vérifier si le séquençage du cycle obscur est requis.

Suivez les étapes suivantes pour le séquençage de cycles obscurs.

1. Pour demander le fichier XML de recette approprié pour modification, contactez l'assistance technique d'Illumina.
2. Modifiez le fichier de formule XML.
 - a. Accédez à la section `<ReadDefinitions>` du fichier de recette, puis identifiez les sections `<ReadDefinition Name="Read 1">` et `<ReadDefinition Name="Read 2">`.
 - b. Dans `<ReadDefinition Name="Read 1">`, ajoutez l'étape de cycle obscur suivante sur une nouvelle ligne avant `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read1Imaging"/>` et après `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`:

```
<ChemistryRef ChemistryName="CompleteCycleReuse"/>.
```
 - c. Dans `<ReadDefinition Name="Read 2">`, ajoutez l'étape du cycle obscur sur une nouvelle ligne avant `<ImagingRef ImagingName="Cycle1Read4Imaging"/>` et après `<ChemistryRef ChemistryName="FirstBase"/>`.
3. Enregistrez le fichier XML de la formule.

Vous trouverez ci-dessous un exemple de formule avec l'étape de cycle obscur :

```

...
<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>
...

```

Ressources de feuille d'échantillon v2

Pour en savoir plus sur l'utilisation des fichiers de feuille d'échantillon v2 (*.csv) avec les instruments, plateformes et pipelines d'analyse de la série Illumina, reportez-vous à la [page d'assistance Ressource de feuille d'échantillon v2](#).

Historique des modifications

Document	Date	Description de la modification
Document n° 200027529 v10	Mai 2026	Ajout des informations suivantes : • Avertissement relatif au réfrigérant inflammable • Avertissement relatif aux paramètres du mot de passe • Instructions de démarrage échelonnées • Instructions relatives au gestionnaire de mises à jour logicielles • Instructions relatives à l'exportation des journaux • Paramètres supplémentaires de l'instrument pour la discordance du tube de bibliothèque, les longueurs de lecture par défaut de la série manuelle, la détection automatique des informations d'index et les paramètres du fichier de sortie de la série. • Numéros de référence pour NovaSeq X Series 5B Reagent Kits (300 cycles, 200 cycles, 100 cycles) • Numéros de référence pour NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (600 cycles) • Informations sur le lecteur à chiffrement automatique • Emplacement du fichier de manifeste dans la structure du dossier de sortie • Exemple de sortie de données pour chaque type de Flow Cell • Référence aux détails de dépannage sur Illumina Knowledge • Références au Portail de sécurité des produits Illumina Mise à jour des informations suivantes : • Modification de la limite supérieure de température pour les spécifications environnementales à 25 °C • Modification du Q-score de l'appel de base de haute qualité à 41 • Spécifications de l'ASI et modèles spécifiques au pays • Instructions de connexion au logiciel de commande à distance pour inclure l'installation d'un certificat CA • Chargement des instructions de la barrette de tubes de la bibliothèque pour s'assurer que les volumes des puits d'échantillon sont cohérents • Lancement des instructions de série pour refléter les changements d'interface • Instructions relatives au flacon de réactif usagé vide pour plus de clarté • Instructions de vérification du système pour inclure des vérifications fluidiques spécifiques au côté

Document	Date	Description de la modification
Document n° 200027529 v09	Juin 2025	Mise à jour des directives relatives au nettoyage de la Flow Cell et de sa platine avant le chargement des consommables. Clarification des autorisations administrateur. Correction du Q-score du groupe marginal à 9.
Document n° 200027529 v08	Novembre 2024	Ajout des informations suivantes : • Positions des puits qui incluent le formamide • Informations relatives au système de séquençage NovaSeq X par rapport au système de séquençage NovaSeqX Plus • Références NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (200 cycles, 100 cycles) • Limites d'utilisation de la Flow Cell de lavage • Utilisation des cases à cocher primer personnalisé pour la configuration de l'analyse • Réalisation d'une vérification du système • Activation des paramètres de pare-feu pour prendre en charge les fonctionnalités d'accès à distance • Suppression des fichiers d'analyse secondaire après le transfert • Téléchargement de fichiers secondaires intermédiaires (BAM/CRAM/FASTQ) vers le cloud • Redémarrage du transfert de fichiers Mise à jour des informations suivantes : • Nombre de combinaisons d'application d'analyse et de génome de référence prises en charge mises à jour à 12 avec 32 configurations de kit ou de paramètre prises en charge • Instructions sur les paramètres réseau • Instructions de redémarrage pour refléter la nouvelle fonctionnalité • Des informations détaillées sur les fichiers de sortie de l'analyse secondaire DRAGEN, la structure du dossier de sortie et les paramètres d'analyse ont été remplacées par des références au site d'assistance pour plus d'informations • Suppression des instructions pour désactiver l'accès FSE

Document	Date	Description de la modification
Document n° 200027529 v07	Juin 2024	Mise à jour des directives d'arrêt de l'instrument. Ajout d'instructions sur les paramètres réseau. Déplacement des instructions de dénaturation et de dilution à la section Générateur du protocole de dénaturation et de dilution. Restructuration des instructions pour planifier une série.
Document n° 200027529 v06	Mars 2024	Ajout d'un avertissement concernant les pièces mobiles.
Document n° 200027529 v05	Octobre 2023	Mise à jour de la plage des spécifications environnementales pour l'humidité relative. Mise à jour des scores de qualité pour les définitions de base marginales, moyennes et de haute qualité. Suppression de l'énoncé sur la concentration de charge optimale applicable aux types de bibliothèque identiques. Ajout d'instructions pour la configuration de l'analyse de méthylation DRAGEN Somatic et DRAGEN Methylation.
Document n° 200027529 v04	Octobre 2023	Mise à jour pour NovaSeq X Series 25B Reagent Kit et NovaSeq X Series 1.5 B Reagent Kit. Mise à jour des instructions d'analyse de la file d'attente intégrée. Mise à jour des instructions de remise sous tension pour inclure des directives d'arrêt prolongé. Mise à jour des autorisations utilisateur. Ajout d'informations pour la prise en charge de plusieurs versions de DRAGEN. Ajout d'informations de sortie pour DRAGEN Methylation et DRAGEN Somatic. Ajout d'instructions pour les nouveaux paramètres de configuration du système. Suppression des instructions pour la configuration du réseau de l'instrument.

Document	Date	Description de la modification
Document n° 200027529 v03	Juin 2023	Mise à jour du lavage d'entretien. Mise à jour des autorisations utilisateur. Mise à jour de la conformité NCC à Taïwan et de la conformité Corée. Mise à jour des instructions de remise sous tension. Mise à jour des paramètres de configuration IP. Mise à jour des directives de dénaturation et de dilution. Ajout du mode d'analyse manuel avec analyse locale. Ajout des instructions pour le renouvellement des certificats TLS et ajout d'un serveur de protocole de temps réseau. Ajout des instructions pour l'installation des versions de DRAGEN. Ajout des recommandations sur la recongélation des consommables décongelés.
Document n°200027529 v02	Février 2023	Ajout des informations suivantes pour NovaSeq X Plus : • Protocole • Composants matériels • Consommables et équipement • Paramètres du logiciel et du système • Primers personnalisés • Séquençage des fichiers de sortie et de la structure • Maintenance et dépannage • Conformité pour le Japon Mise à jour des informations suivantes : • Mise en garde de sécurité relative au laser • Contenu de la caisse et modalités de livraison • Exigences de connexion réseau
Document n°200027529 v01	Novembre 2022	Ajout des dimensions pour les boîtes de consommables de séquençage. Clarification des emplacements RFID et des instructions d'ouverture du couvercle de l'insert Iyo. Clarification des dimensions de l'instrument et des exigences du réseau.
Document n°200027529 v00	Septembre 2022	Publication initiale.



Illumina, Inc.
5200 Illumina Way
San Diego, Californie 92122 États-Unis
+(1) 800 809 ILMN (4566)
+(1) 858 202 4566 (en dehors de l'Amérique du Nord)
techsupport@illumina.com
www.illumina.com

Destiné à la recherche uniquement. Ne pas utiliser dans le cadre de procédures de diagnostic.

© 2026 Illumina, Inc. Tous droits réservés.

illumina®